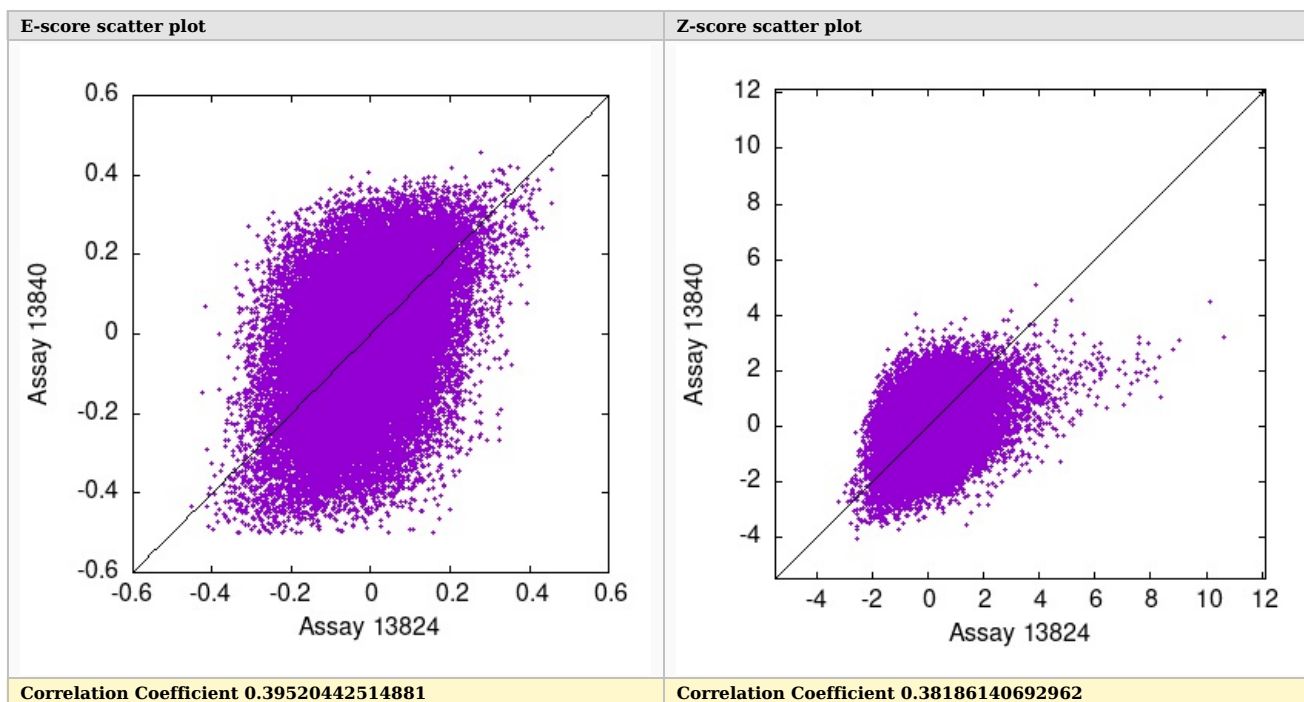


QC report



Top scoring motifs for Assay 13824

Protein ID: pTH13925.1 Gene: SETBP1.DBD.3 Domain: AT_hook Flag: Pass_matched_pair Array: 1M-ME

8 mer E-scores for probeset 'all'			8 mer Z-scores for probeset 'all'		
Forward:		Reverse:	Forward:		Reverse:
Top 10	Scores	Alignment	Top 10	Scores	Alignment
AATTAATT	0.45763	---AATTAATT	AAAAAATA	10.65616	---AAAAAATA
ATTAAAT	0.45514	---ATTAAAT	AATTAATT	10.13525	--AATTAATT-
TAAATTTA	0.43270	-TAAATTTA--	AAAAATAA	9.01262	AAAAATAA---
AAAAAATA	0.42640	AAAAAATA---	ATTTAAAT	8.82092	--ATTTAAAT-
AAAAATAA	0.42038	-AAAAATAA--	ATTAATTA	8.35624	---ATTAATTA
ATATTTTA	0.41913	-TAAATATAT--	AATAAAAT	8.29293	--AATAAAAT-
AAATAAAA	0.41753	-AAATAAAA--	AATTAAT	8.20997	--AATTAAT--
AAATATTA	0.41116	-AAATATTA--	TAAATTAA	8.13580	TAAATTAA---
AAATAATT	0.40911	---AAATAATT	AAATAATT	7.92912	--AAATAATT-
TAAATTAA	0.40909	-TAAATTAA--	AAATAAAA	7.91230	--AAATAAAA-

Top scoring motifs for Assay 13840

Protein ID: pTH13925.2 Gene: SETBP1.DBD.3 Domain: AT_hook Flag: Pass_matched_pair Array: 1M-HK

8 mer E-scores for probeset 'all'			8 mer Z-scores for probeset 'all'		
Forward:		Reverse:	Forward:		Reverse:
Top 10	Scores	Alignment	Top 10	Scores	Alignment
AATAAATT	0.45633	-AATAAATT--	AATAAATT	5.10369	-AATAAATT--
AATATATT	0.42327	-AATATATT--	AATATATT	4.56762	-AATATATT--
AAATTAAT	0.41668	AAATTAAT---	AATTAATT	4.51073	-AATTAATT--
ATAATGTA	0.41636	---TACATTAT	AATTTAAA	4.17464	-TTTAAATT--
AAATAAAT	0.41447	AAATAAAT---	ACATAGAC	4.05674	ACATAGAC---
AATTAATT	0.41297	-AATTAATT--	ATAATGTA	3.90276	---TACATTAT
AATTTAAA	0.41216	-TTTAAATT--	GTAATTAC	3.82645	--GTAATTAC-
ACAAAATA	0.41084	-ACAAAATA--	ATATTAAT	3.81979	ATATTAAT---
ACATAGAC	0.40734	ACATAGAC---	TATTAATA	3.80017	-TATTAATA--
TATTAATA	0.40433	-TATTAATA--	AATAATGT	3.71484	-AATAATGT--