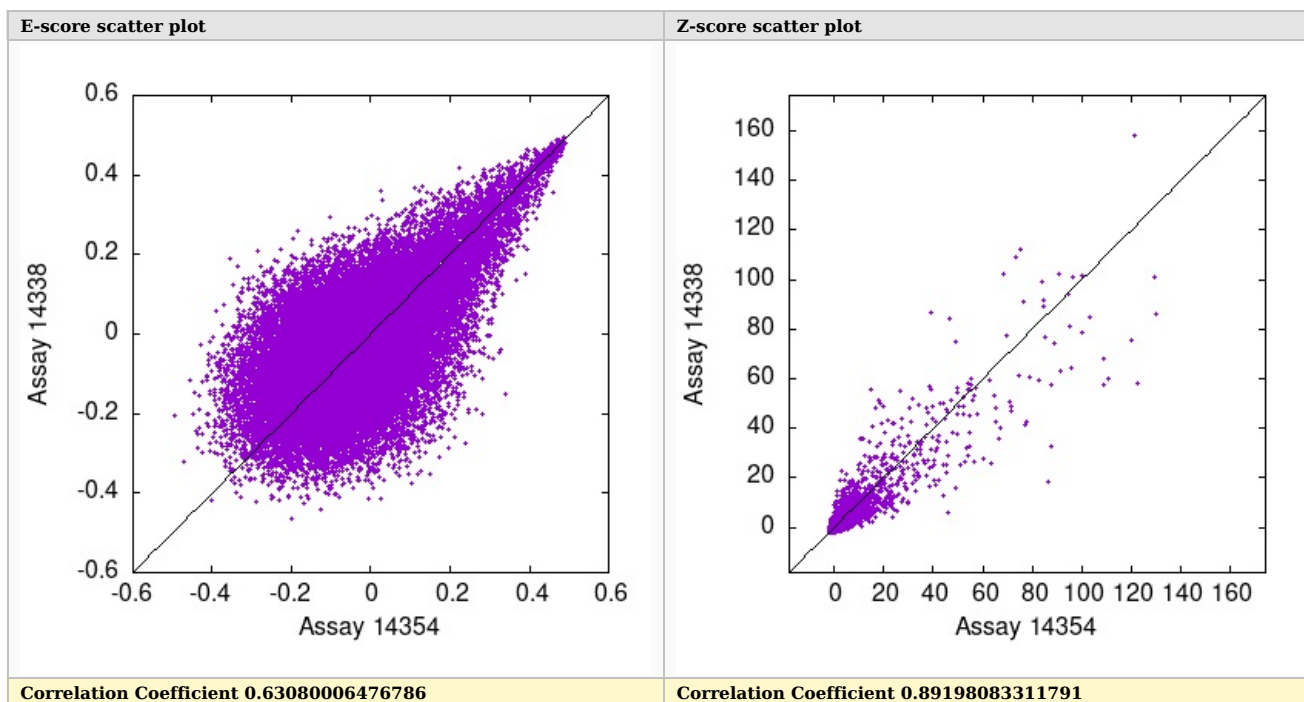


QC report



Top scoring motifs for Assay 14354

Protein ID: pTH15537.2 Gene: RARA Domain: zf-C4 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
AAGGTCAC	0.48950	-AAGGTCAC-	AAGGTCAC	129.98633	-AAGGTCAC-
GAGGTCAC	0.48872	-GAGGTCAC-	GAGGTCAC	129.17819	-GAGGTCAC-
AAAGGTCA	0.48795	AAAGGTCA--	TAAGGTCA	122.27501	TAAGGTCA--
AAGGTCAT	0.48636	-AAGGTCAT-	AAAGGTCA	121.42443	AAAGGTCA--
AGGTCACC	0.48522	--AGGTCACC	AGGTCACC	119.74512	--AGGTCACC
CGAGGTCA	0.48489	CGAGGTCA--	AGGTCACG	110.99411	--AGGTCACG
AGGTCACG	0.48480	--AGGTCACG	AGGGTCAA	108.68755	-AGGGTCAA-
GAGGTCAA	0.48446	-GAGGTCAA-	GGGTCAAC	108.60324	--GGGTCAAC
TAAGGTCA	0.48441	TAAGGTCA--	AGGTCACA	103.04440	--AGGTCACA
AGGTCACA	0.48439	--AGGTCACA	CAGGTCA	100.00500	-CAGGTCA-

Top scoring motifs for Assay 14338

Protein ID: pTH15537.1 Gene: RARA Domain: zf-C4 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
AAAGGTCA	0.49405	AAAGGTCA--	AAAGGTCA	158.14318	AAAGGTCA--
AGAGGTCA	0.48846	AGAGGTCA--	AGGTCAAC	111.89064	--AGGTCAAC
CTGACCTC	0.48816	-GAGGTCAAG	AGGTCAAG	109.20843	--AGGTCAAG
AGGTCAAG	0.48743	--AGGTCAAG	AGAGGTCA	102.25818	AGAGGTCA--
AGGTCAAC	0.48669	--AGGTCAAC	CTGACCTC	102.25818	-GAGGTCAAG
CGAGGTCA	0.48627	CGAGGTCA--	GAGGTCAA	101.37128	-GAGGTCAA-
GAGGTCAA	0.48530	-GAGGTCAA-	CGAGGTCA	100.84442	CGAGGTCA--
GAGGTCA	0.48485	-GAGGTCA-	GAGGTCA	100.84442	-GAGGTCA-
AAGGTCAA	0.48199	-AAGGTCAA-	AAGGTCAA	99.00348	-AAGGTCAA-
GGAGGTCA	0.48173	GGAGGTCA--	AAGGTCAT	94.33135	-AAGGTCAT-