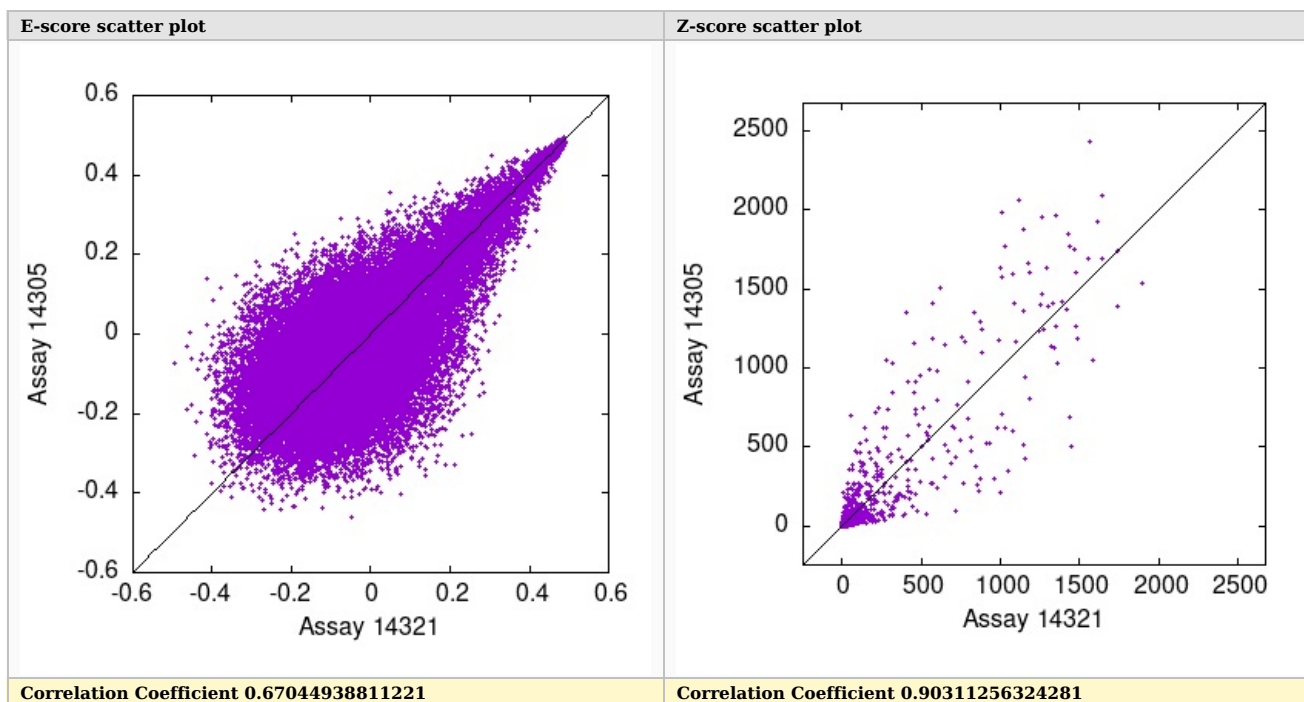




## QC report





### Top scoring motifs for Assay 14321

Protein ID: pTH15526.2 Gene: RXRA Domain: zf-C4 Flag: Pass\_matched\_pair Array: 1M-HK

#### 8 mer E-scores for probeset 'all'

Forward:	Reverse:	
		
Top 10	Scores	Alignment
AAGGTCAC	0.49149	-AAGGTCAC-
AGGTCACC	0.48976	--AGGTCACC
GAGGTCAC	0.48922	-GAGGTCAC-
AAAGGTCA	0.48921	AAAGGTCA--
AGGTCACA	0.48775	--AGGTCACA
AGGGTCAC	0.48770	-AGGGTCAC-
AGGGTCAA	0.48758	-AGGGTCAA-
CGAGGTCA	0.48755	CGAGGTCA--
GAGGTCAA	0.48745	-GAGGTCAA-
GAGGGTCA	0.48700	GAGGGTCA--

#### 8 mer Z-scores for probeset 'all'

Forward:	Reverse:	
		
Top 10	Scores	Alignment
AAGGTCAC	1,893.05440	-AAGGTCAC-
AGGTCACC	1,743.08271	--AGGTCACC
GAGGTCAC	1,735.85758	-GAGGTCAC-
AGAGGTCA	1,644.82064	AGAGGTCA--
AGGGTCAA	1,642.06852	-AGGGTCAA-
GAGGTCAA	1,618.38227	-GAGGTCAA-
CATGACCC	1,583.75767	--GGGTCA TG
AAAGGTCA	1,560.85878	AAAGGTCA--
CGAGGTCA	1,556.12353	CGAGGTCA--
CCGGGTCA	1,486.48935	CCGGGTCA--



### Top scoring motifs for Assay 14305

Protein ID: pTH15526.1 Gene: RXRA Domain: zf-C4 Flag: Pass\_matched\_pair Array: 1M-ME

#### 8 mer E-scores for probeset 'all'

Forward:	Reverse:	
Top 10	Scores	Alignment
AAAGGTCA	0.49450	AAAGGTCA --
AGAGGTCA	0.49169	AGAGGTCA --
GAGGTCAA	0.49047	-GAGGTCAA-
GGGGTCAA	0.48919	-GGGGTCAA-
GGGTCAAA	0.48910	--GGGTCAAA
AAGGTCAA	0.48837	-AAGGTCAA-
AGGTCAAC	0.48757	--AGGTCAAC
CGAGGTCA	0.48684	CGAGGTCA --
AGGTCAAG	0.48679	--AGGTCAAG
GGAGGTCA	0.48649	GGAGGTCA --

#### 8 mer Z-scores for probeset 'all'

Forward:	Reverse:	
		
Top 10	Scores	Alignment
AAAGGTCA	2,430.87992	AAAGGTCA--
AGAGGTCA	2,093.91793	AGAGGTCA--
AGGTCAAG	2,062.02905	--AGGTCAAG
AAGGTCAA	1,982.45778	-AAGGTCAA-
GGGGTCAA	1,966.45360	-GGGGTCAA-
ATGACCCC	1,955.24771	-GGGGTCAT-
GAGGTCAA	1,920.94484	-GAGGTCAA-
AGGTCAAC	1,881.03013	--AGGTCAAC
GGGTCAAA	1,843.92500	--GGGTCAAA
AGGTCATC	1,767.66953	--AGGTCATC