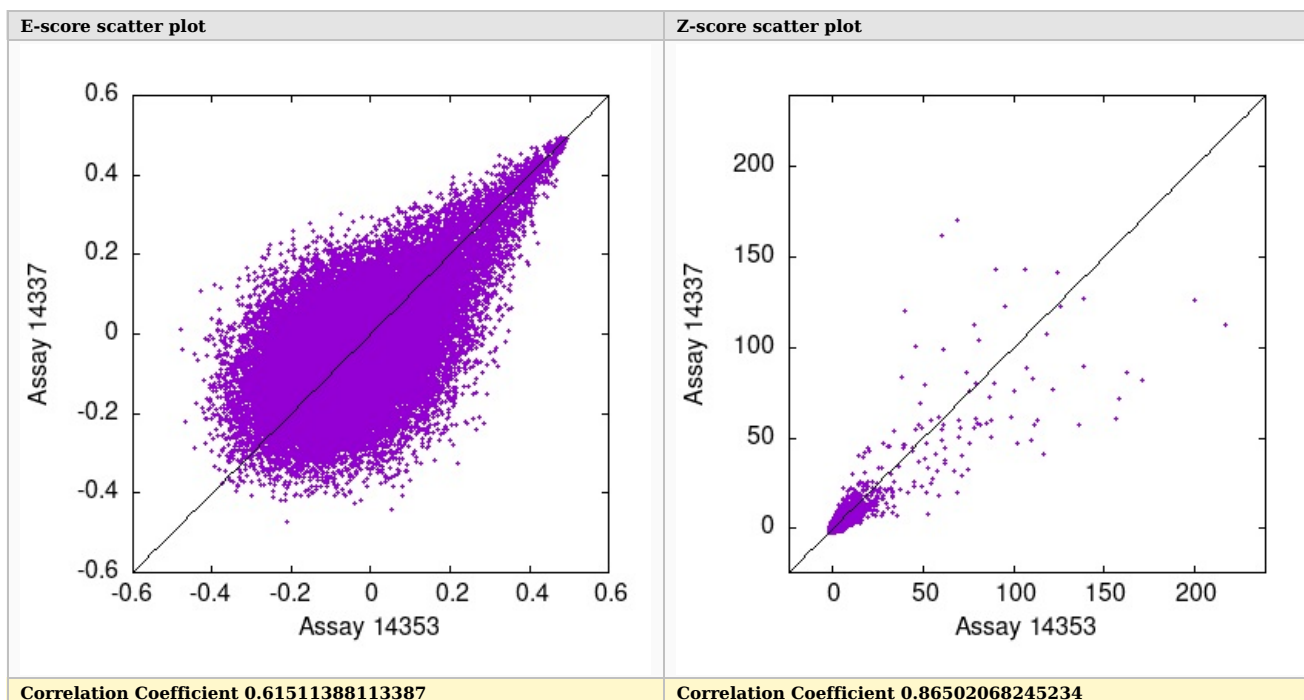


QC report



Top scoring motifs for Assay 14353

Protein ID: pTH15536.2 Gene: RORB 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
AGGTCAAC	0.49451	--AGGTCAAC	CTGGGTCA	217.31162	CTGGGTCA--
CTGGGTCA	0.49271	CTGGGTCA--	AGGTCAAC	199.83126	--AGGTCAAC
AGGTCAAC	0.49238	--AGGTCAAC	GGGTCAAA	170.83199	--GGGTCAAA
GAGGTCAAC	0.49197	-GAGGTCAAC	GAGGTCAAC	162.85661	-GAGGTCAAC
AGGTCACT	0.49095	--AGGTCACT	TGGGTCAA	158.62729	-TGGGTCAA-
GGGTCAAA	0.49048	--GGGTCAAA	AGGTCAAC	156.77845	--AGGTCAAC
TAGGTCAA	0.49028	-TAGGTCAA-	AGGTCACT	138.99177	--AGGTCACT
CGAGGTCA	0.48922	CGAGGTCA--	CGAGGTCA	138.99177	CGAGGTCA--
GAGGTCAA	0.48919	-GAGGTCAA-	GGGTCAAC	136.20703	--GGGTCAAC
TGGGTCAA	0.48858	-TGGGTCAA-	GAGGTCAA	125.65323	-GAGGTCAA-

Top scoring motifs for Assay 14337

Protein ID: pTH15536.1 Gene: RORB 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
CTGACCTC	0.49355	-GAGGTCAAG-	CTGACCTC	170.25409	-GAGGTCAAG-
AGGTCAAG	0.49266	--AGGTCAAG	AGGTCAAG	162.15720	--AGGTCAAG
CTAGGTCA	0.49156	CTAGGTCA--	AGAGGTCA	143.38704	AGAGGTCA--
TAGGTCAA	0.49137	-TAGGTCAA-	AAAGGTCA	143.25113	AAAGGTCA--
AGAGGTCA	0.49133	AGAGGTCA--	TAGGTCAA	141.49419	-TAGGTCAA-
GTGACCCA	0.49128	-TGGGTCAAC-	CGAGGTCA	127.25688	CGAGGTCA--
AGGTCAAC	0.49095	--AGGTCAAC	AGGTCAAC	126.21648	--AGGTCAAC
CTGACCTA	0.49085	-TAGGTCAAG-	CTAGGTCA	123.14740	CTAGGTCA--
AAAGGTCA	0.49081	AAAGGTCA--	GAGGTCAA	122.65186	-GAGGTCAA-
CGAGGTCA	0.49056	CGAGGTCA--	ACTGACCT	119.83850	--AGGTCACT