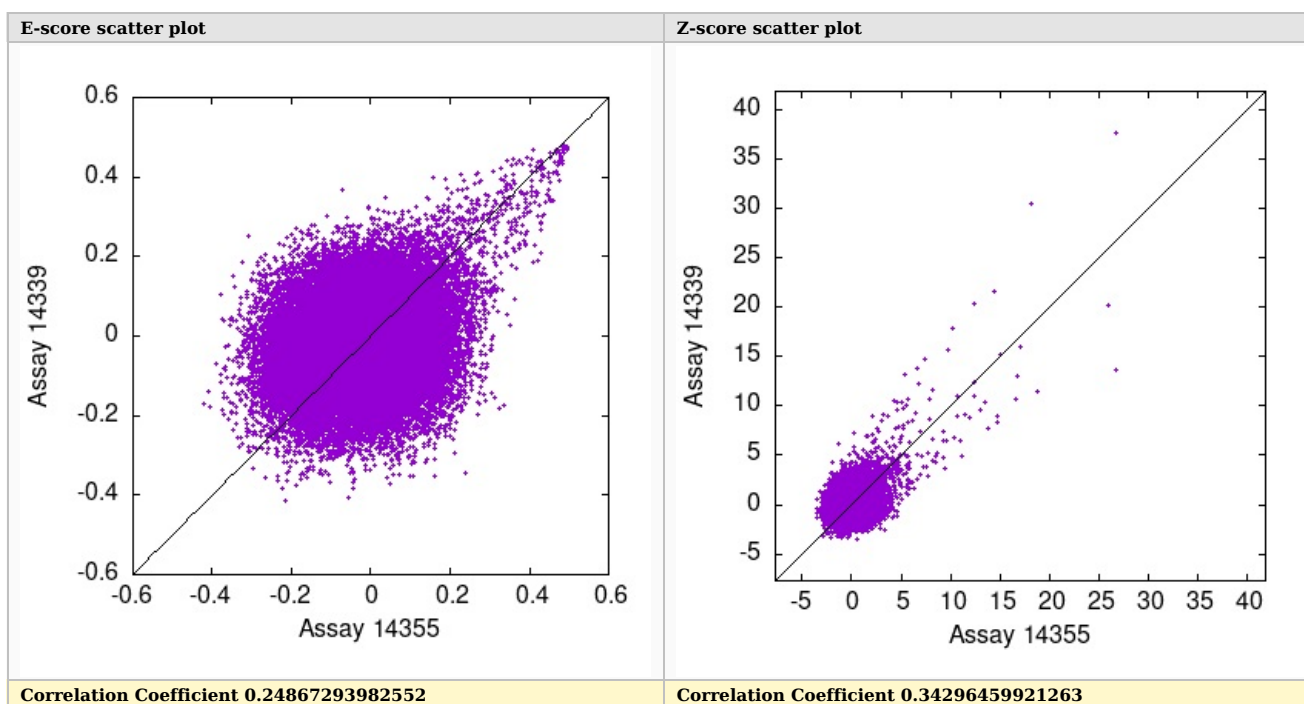


## QC report



## Top scoring motifs for Assay 14355

Protein ID: pTH15538.2 Gene: NR1H4 Domain: zf-C4 Flag: Pass\_matched\_pair Array: 1M-HK

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

Forward:

Reverse:

TGACCT<sub>c</sub>

GAGGTCA

## Top 10

## Scores

## Alignment

CGAGGTCA	0.49501	--TGACCTCG
GAGGTCAA	0.49371	-TTGACCTC-
GAGGTCAC	0.49346	-GTGACCTC-
AAAGGTCA	0.48915	--TGACCTTT
AATGACCT	0.48884	AATGACCT--
AAGGTCAT	0.48829	-ATGACCTT-
AGGTCAAC	0.48601	GTTGACCT--
TGACCTCA	0.48515	--TGACCTCA
AGAGGTCA	0.48415	--TGACCTCT
ATGACCTC	0.48318	-ATGACCTC-

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

Forward:

Reverse:

TGACCT<sub>c</sub>

GAGGTCA

## Top 10

## Scores

## Alignment

CGAGGTCA	26.74168	--TGACCTCG
GAGGTCAAC	26.74168	-GTGACCTC-
GAGGTCAA	25.89105	-TTGACCTC-
AATGACCT	18.79999	AATGACCT--
AAAGGTCA	18.11900	--TGACCTTT
AAGGTCAT	17.08555	-ATGACCTT-
ATGACCTC	16.68409	-ATGACCTC-
TGACCTCA	16.58163	--TGACCTCA
AGGTCAAC	15.02292	GTTGACCT--
AAGGTCAAC	14.77755	-GTGACCTT-

## Top scoring motifs for Assay 14339

Protein ID: pTH15538.1 Gene: NR1H4 Domain: zf-C4 Flag: Pass\_matched\_pair Array: 1M-ME

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

Forward:

Reverse:

GAGGTCA

TGACCT<sub>c</sub>

## Top 10

## Scores

## Alignment

AAAGGTCA	0.47807	AAAGGTCA--
CGAGGTCA	0.47792	CGAGGTCA--
AGAGGTCA	0.47542	AGAGGTCA--
GAGGTCAA	0.47416	-GAGGTCAA-
CTGACCTC	0.46960	-GAGGTCAAG
AGGTCAAG	0.46951	--AGGTCAAG
GAGGTCAC	0.46895	-GAGGTCAAG
ATGACCTC	0.46838	-GAGGTCAAG
AGGTCAAC	0.46767	--AGGTCAAC
GGGTCAAA	0.46671	--GGGTCAAA

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

Forward:

Reverse:

GAGGTCA

TGACCT<sub>c</sub>

## Top 10

## Scores

## Alignment

CGAGGTCA	37.72220	CGAGGTCA--
AAAGGTCA	30.43287	AAAGGTCA--
AGAGGTCA	21.52282	AGAGGTCA--
AGGTCAAG	20.27743	--AGGTCAAG
GAGGTCAA	20.20017	-GAGGTCAA-
CTGACCTC	17.90433	-GAGGTCAAG
AAGGTCAT	15.97488	-AAGGTCAAG
AGGTCAAA	15.67995	--AGGTCAAA
AGGTCAAC	15.15951	--AGGTCAAC
TAGGTCAA	14.76381	-TAGGTCAA-