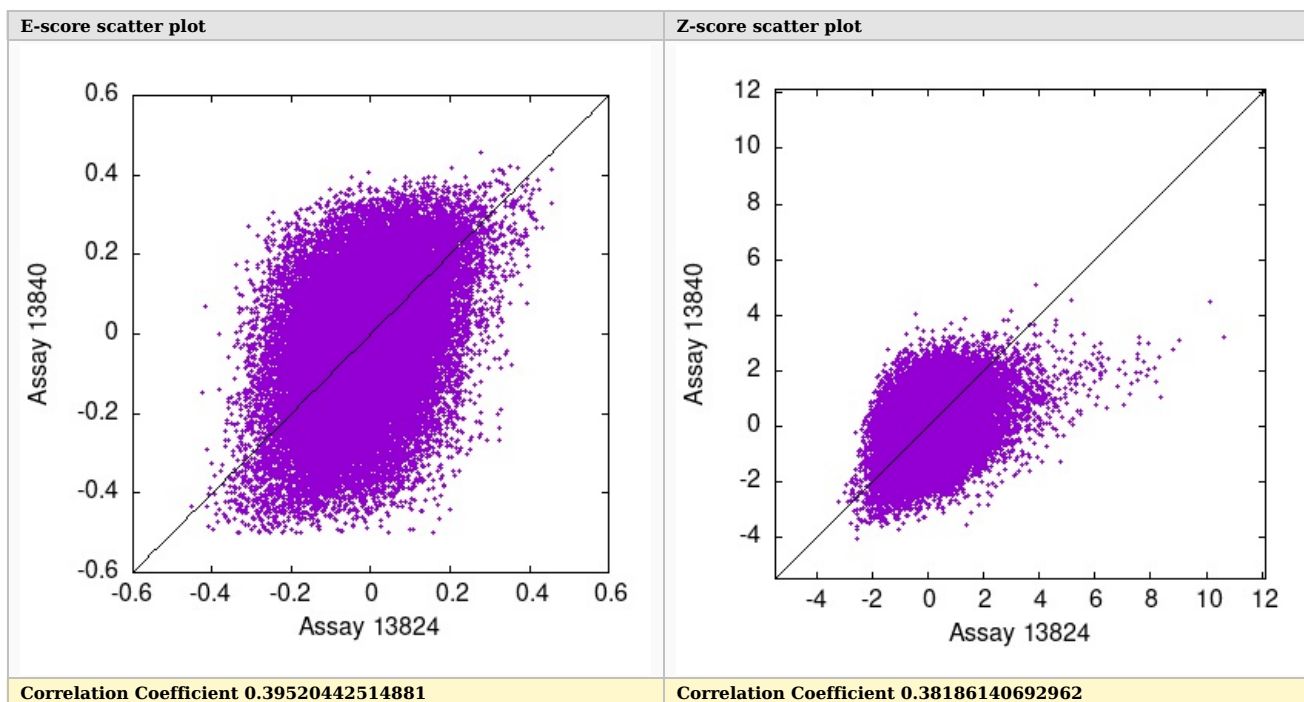


QC report



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'

Forward:	Reverse:	
Top 10	Scores	Alignment
AATTAATT	0.45763	---AATTAATT
ATTTAAAT	0.45514	---ATTTAAAT
TAAATTTA	0.43270	-TAAATTTA--
AAAAAATA	0.42640	AAAAAATA---
AAAAATAA	0.42038	-AAAAATAA--
ATATTTTA	0.41913	-TAAATATAT--
AAATAAAA	0.41753	-AAATAAAA--
AAATATTA	0.41116	-AAATATTA--
AAATAATT	0.40911	---AAATAATT
TAAATTAA	0.40909	-TAAATTAA--



8 mer Z-scores for probeset 'all'

Forward:		Reverse:	
Top 10	Scores	Alignment	
AAAAAATA	10.65616	- - -AAAAAATA	
AATTAATT	10.13525	- - AATTAATT -	
AAAAATAA	9.01262	AAAAATAA - - -	
ATTTAAAT	8.82092	- - ATTTAAAT -	
ATTAATTA	8.35624	- - - ATTAATTA	
AATAAAAT	8.29293	- - AATAAAAT -	
AATTAAT	8.20997	- - AATTAAT -	
TAAATTAA	8.13580	TAAATTAA - - -	
AAATAATT	7.92912	- - AAATAATT -	
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'

Forward:		Reverse:
		
Top 10	Scores	Alignment
AATAAATT	0.45633	-AATAAATT--
AATATATT	0.42327	-AATATATT--
AAATTAAT	0.41668	AAATTAAT---
ATAATGTA	0.41636	---TACATTAT
AAATAAAT	0.41447	AAATAAAT---
AATTAATT	0.41297	-AATTAATT--
AATTTAAA	0.41216	-TTTAAATT--
ACAAAATA	0.41084	-ACAAAATA--
ACATAGAC	0.40734	ACATAGAC---
TATTAATA	0.40433	-TATTAATA--

8 mer Z-scores for probeset 'all'

Forward:		Reverse:	
			
Top 10	Scores	Alignment	
AATAAATT	5.10369	-AATAAATT--	
AATATATT	4.56762	-AATATATT--	
AATTAATT	4.51073	-AATTAATT--	
AATTTAAA	4.17464	-TTTAAATT--	
ACATAGAC	4.05674	ACATAGAC---	
ATAATGTA	3.90276	---TACATTAT	
GTAATTAC	3.82645	--GTAATTAC-	
ATATTAAT	3.81979	ATATTAAT---	
TATTAATA	3.80017	-TATTAATA--	
AATAATGT	3.71484	-AATAATGT--	