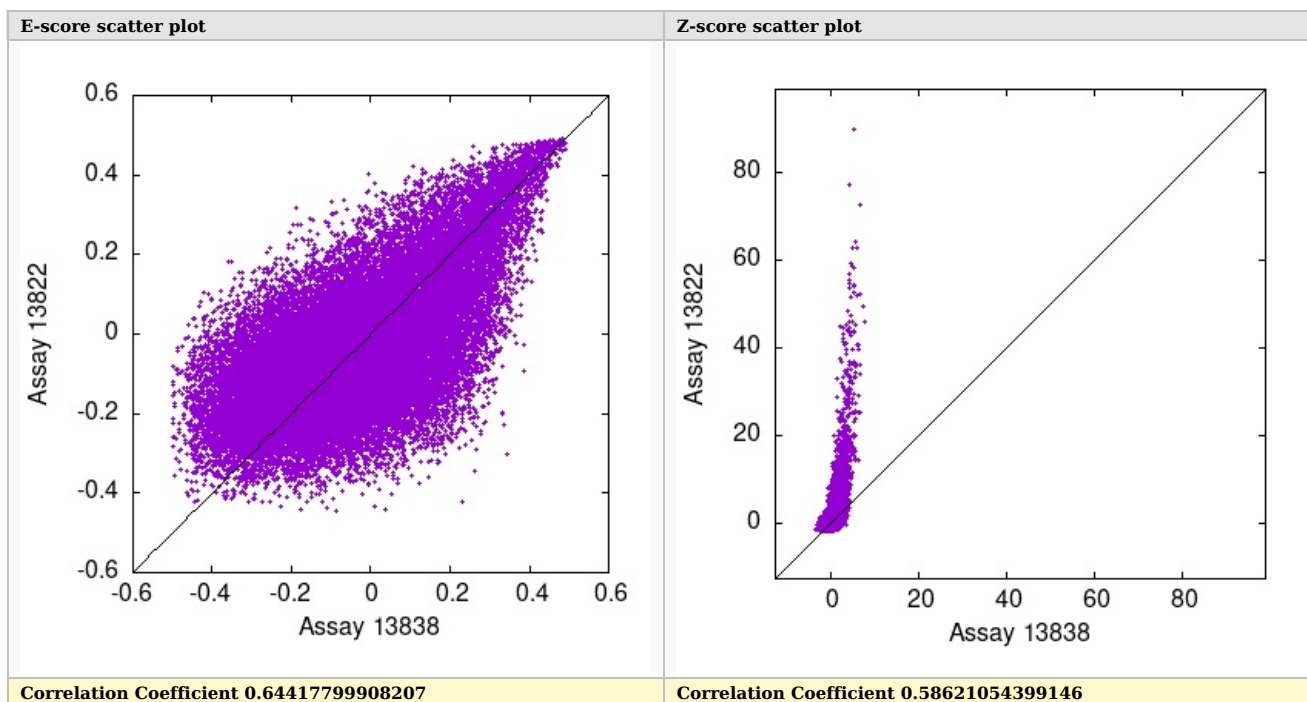


QC report



Top scoring motifs for Assay 13838

Protein ID: pTH13923.2 Gene: SETBP1 Domain: AT_hook 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
AAATAAAT	0.49175	-AAATAAAT-	AAATAAAT	7.49853	AAATAAAT-
AATAAATT	0.48936	--AATAAATT	AATATATT	7.35097	-AATATATT
AAAATAAT	0.48586	-AAAATAAT-	AATAAAAT	6.75758	-AATAAAAT
AAATTAAT	0.48467	-AAATTAAT-	AATTAATT	6.70163	AATTAATT-
AATTAATT	0.48359	-AATTAATT-	AAAATAAT	6.67506	AAAATAAT-
AAAAATAA	0.48331	AAAAATAA--	AAAAAATA	6.52425	-AAAAAATA
AAAAAATA	0.48304	--AAAAAATA	AATAATAA	6.46020	-AATAATAA
AAAAAATA	0.48293	-AAAAAATA-	AAATTAAT	6.35150	AAATTAAT-
AATATATT	0.48131	--AATATATT	AAAAATAT	6.34313	AAAAATAT-
AAATAATT	0.48050	-AAATAATT-	AATTTAAA	6.30670	-TTTAAATT

Top scoring motifs for Assay 13822

Protein ID: pTH13923.1 Gene: SETBP1 Domain: AT_hook 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
AATTAATT	0.49106	--AATTAATT-	AAATATTT	89.61041	AAATATTT--
ATTTAAAT	0.48885	--ATTTAAAT-	ATTTAAAT	77.27198	ATTTAAAT--
AATAAATA	0.48811	--AATAAATA-	AATTAATT	72.59506	AATTAATT--
AAAAATAA	0.48767	AAAAATAA--	AATTAAT	64.21290	AATTAAT--
AATATATT	0.48762	--AATATATT-	AATTTAAT	62.80013	AATTTAAT--
AAAAAATA	0.48590	--AAAAAATA-	AAATTATT	62.64995	AAATTATT--
AAAAAATA	0.48536	--AAAAAATA-	ATTAATTA	59.17515	-ATTAATTA-
AAATATTT	0.48521	--AAATATTT-	AATAAATA	58.52811	AATAAATA--
ATTAATTA	0.48479	--ATTAATTA	ATAATTAT	58.31327	--ATAATTAT
AATTAATT	0.48452	--AATTAATT-	AATAATTA	56.93388	-AATAATTA-