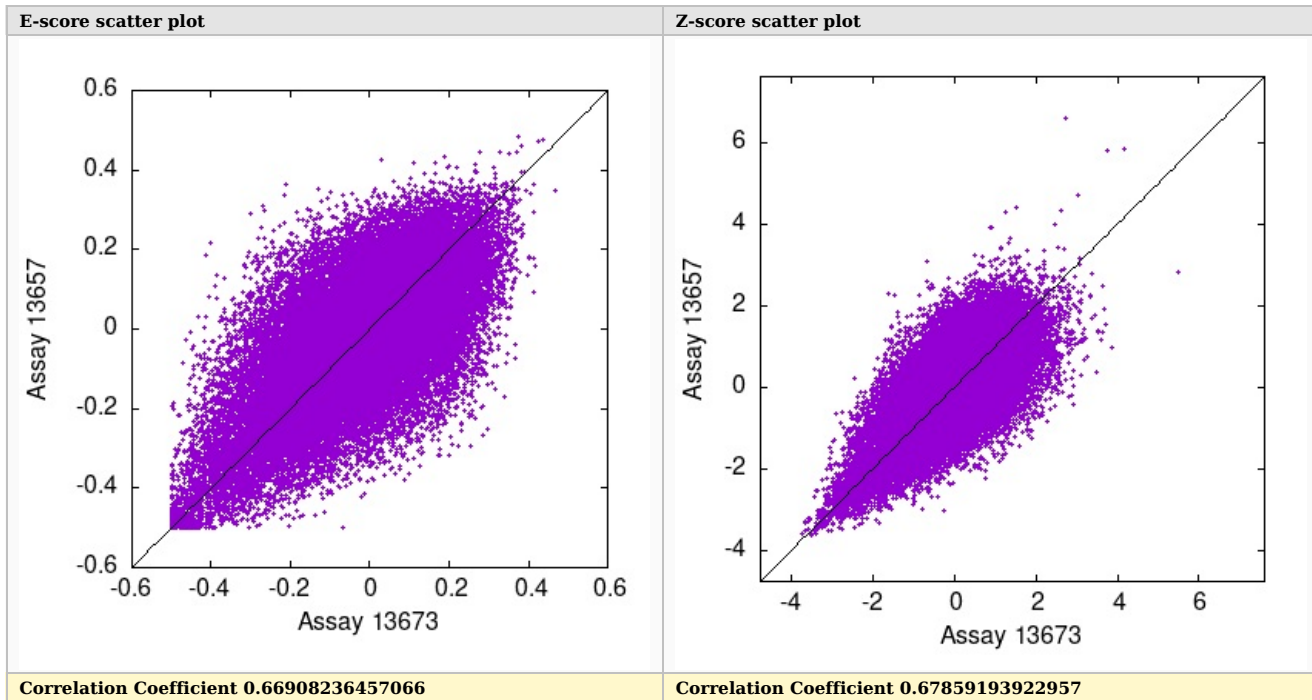


QC report



Top scoring motifs for Assay 13673

Protein ID: pTH14245.2 Gene: MKX.DBD Domain: Homeobox Flag: Pass_matched_pair Array: 1M-HK

8 mer E-scores for probeset 'all'

Forward:

Reverse:



Forward:

Reverse:



Top 10	Scores	Alignment	Top 10	Scores	Alignment
TGTTAACA	0.46859	----TGTTAACA	TGTTAACA	5.48837	----TGTTAACA
AACATGTT	0.43870	AACATGTT----	TACATGTA	4.15788	--TACATGTA--
TACATGTA	0.42518	TACATGTA----	TACACACA	3.84909	--TGTGTGTA--
TATAACAA	0.41579	---TTGTTATA-	AACATGTT	3.73984	AACATGTT----
ATGTTACA	0.41522	---ATGTTACA-	TATAACAA	3.70941	---TTGTTATA-
TACACACA	0.41341	--TGTGTGTA--	GTGTACAC	3.69476	--GTGTACAC--
AACAATGA	0.41238	TCATTGTT----	TATGTTAA	3.64745	--TATGTTAA--
ATGTTAAC	0.41235	---ATGTTAAC-	ACAAACAT	3.63814	---ATGTTTGT-
GTGTACAC	0.40641	---GTGTACAC-	TACTAGTA	3.61915	--TACTAGTA--
GTACAATA	0.40315	--TATTGTAC--	GTAAATGA	3.52214	--TACATTAC--

Top scoring motifs for Assay 13657

Protein ID: pTH14245.1 Gene: MKX.DBD Domain: Homeobox Flag: Pass_matched_pair Array: 1M-ME

8 mer E-scores for probeset 'all'

Forward:

Reverse:



Forward:

Reverse:



Top 10	Scores	Alignment	Top 10	Scores	Alignment
ATGTACAT	0.48388	----ATGTACAT	ATGTACAT	6.57901	----ATGTACAT
AACATGTT	0.47696	-AACATGTT---	TACATGTA	5.84336	-TACATGTA---
TACATGTA	0.47362	-TACATGTA---	AACATGTT	5.78880	-AACATGTT---
TGTATACA	0.45927	---TGTATACA-	CATGTACA	4.69363	---CATGTACA-
CATGTACA	0.44673	---CATGTACA-	ACATGTAC	4.38905	--ACATGTAC--
ACATGTAC	0.44579	--ACATGTAC--	TGTATACA	4.34424	---TGTATACA-
ACATGTTA	0.44485	TAACATGT----	TGTGCACA	4.28205	---TGTGCACA-
TTGTACAA	0.44090	----TTGTACAA	TTGTACAA	3.99069	----TTGTACAA
AAACATGT	0.43245	AAACATGT----	ACATGTTG	3.90922	CAACATGT----
ACACGTGT	0.42474	--ACACGTGT--	ACATGTTA	3.90287	TAACATGT----