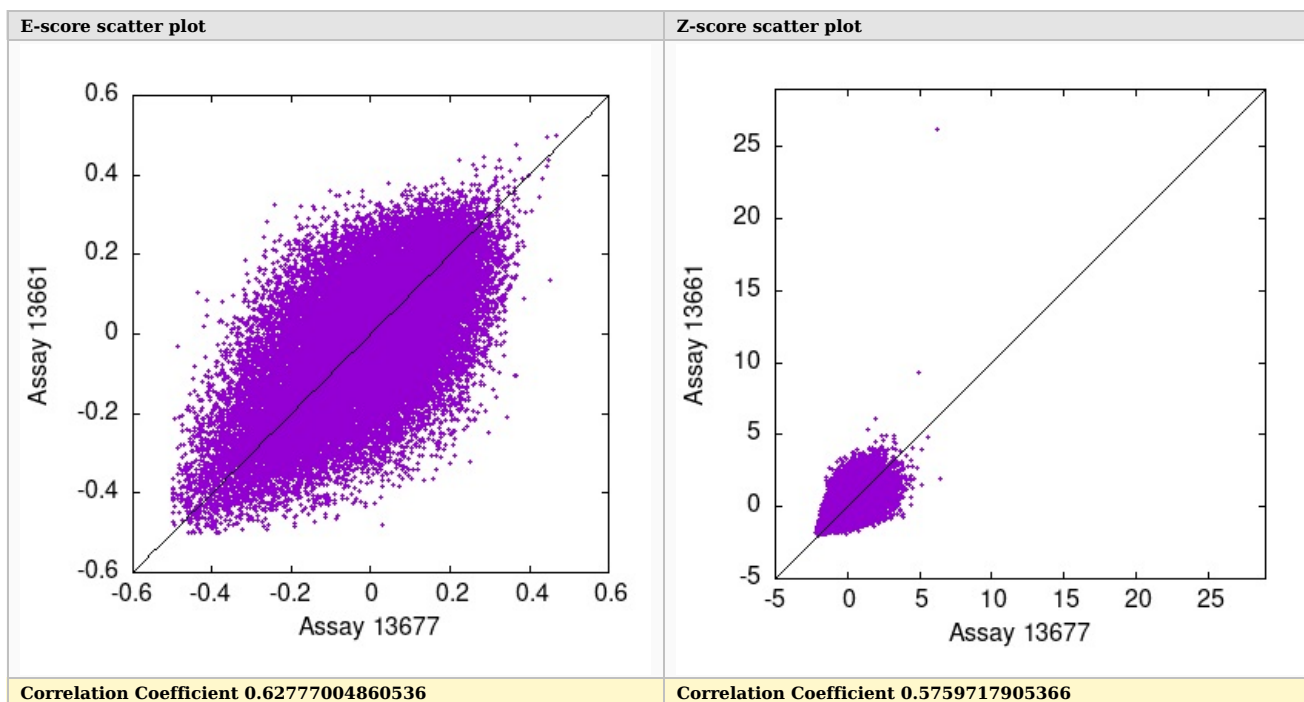


## QC report



## Top scoring motifs for Assay 13677

Protein ID: pTH14259.2 Gene: MSANTD1.DBD Domain: MADF\_DNA\_bdg Flag: Pass\_matched\_pair Array: 1M-HK

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

Forward:

Reverse:



Top 10

Scores

Alignment

ACTTAAGT	0.46669	--ACTTAAGT--
GATGCATC	0.45206	--GATGCATC--
TCTTAAGA	0.44927	--TCTTAAGA--
ACTTAAGA	0.44583	--ACTTAAGA--
CACTTAAG	0.44432	--CACTTAAG--
CTCTTAAG	0.43489	---CTTAAGAG-
ATCTTAAG	0.42645	---CTTAAGAT-
TATCTTAA	0.40686	----TTAAGATA
ACACTTAA	0.39812	ACACTTAA----
CGCTTAAG	0.39093	-CGCTTAAG--

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

Forward:

Reverse:



Top 10

Scores

Alignment

GATGCATC	6.44176	-GATGCATC--
ACTTAAGT	6.24752	-ACTTAAGT--
TCTTAAGA	5.56741	-TCTTAAGA--
CGCTTAAG	5.14748	CGCTTAAG---
ACTTAAGA	5.13291	-ACTTAAGA--
CACTTAAG	4.91856	CACTTAAG---
CTCTTAAG	4.83284	--CTTAAGAG-
TATCTTAA	4.61817	---TTAAGATA
AACGTTTG	4.56545	AACGTTTG---
CTTAAGAC	4.55179	--CTTAAGAC-

## Top scoring motifs for Assay 13661

Protein ID: pTH14259.1 Gene: MSANTD1.DBD Domain: MADF\_DNA\_bdg Flag: Pass\_matched\_pair Array: 1M-ME

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

Forward:

Reverse:



Top 10

Scores

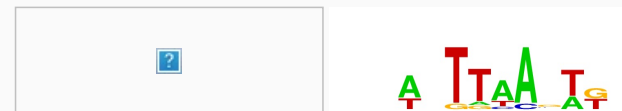
Alignment

ACTTAAGT	0.49988	--ACTTAAGT
CACTTAAG	0.49444	-CACTTAAG--
AACTTAAG	0.47579	-AACTTAAG--
GCACCTTAA	0.44618	GCACCTTAA--
CTTAAGTA	0.44170	-TACTTAAG--
CCACTTAA	0.43728	CCACTTAA--
ACTTAAGC	0.43647	--ACTTAAGC
TCTTAAGA	0.43647	--TCTTAAGA
ATGTACAT	0.42512	--ATGTACAT
ACTTAAGA	0.42087	--ACTTAAGA

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

Forward:

Reverse:



Top 10

Scores

Alignment

ACTTAAGT	26.12302	--ACTTAAGT--
CACTTAAG	9.29489	-CACTTAAG---
AACTTAAG	6.13794	-AACTTAAG---
ATGTACAT	5.33846	--ATGTACAT--
ATGTTAAC	4.94068	-ATGTTAAC---
TGTATACA	4.93963	--TGTATACA--
GCACCTTAA	4.92702	GCACCTTAA---
TCTTAAGA	4.80196	--TCTTAAGA--
TAAATTTA	4.70474	---TAAATTTA
AATGCATT	4.65082	--AATGCATT--