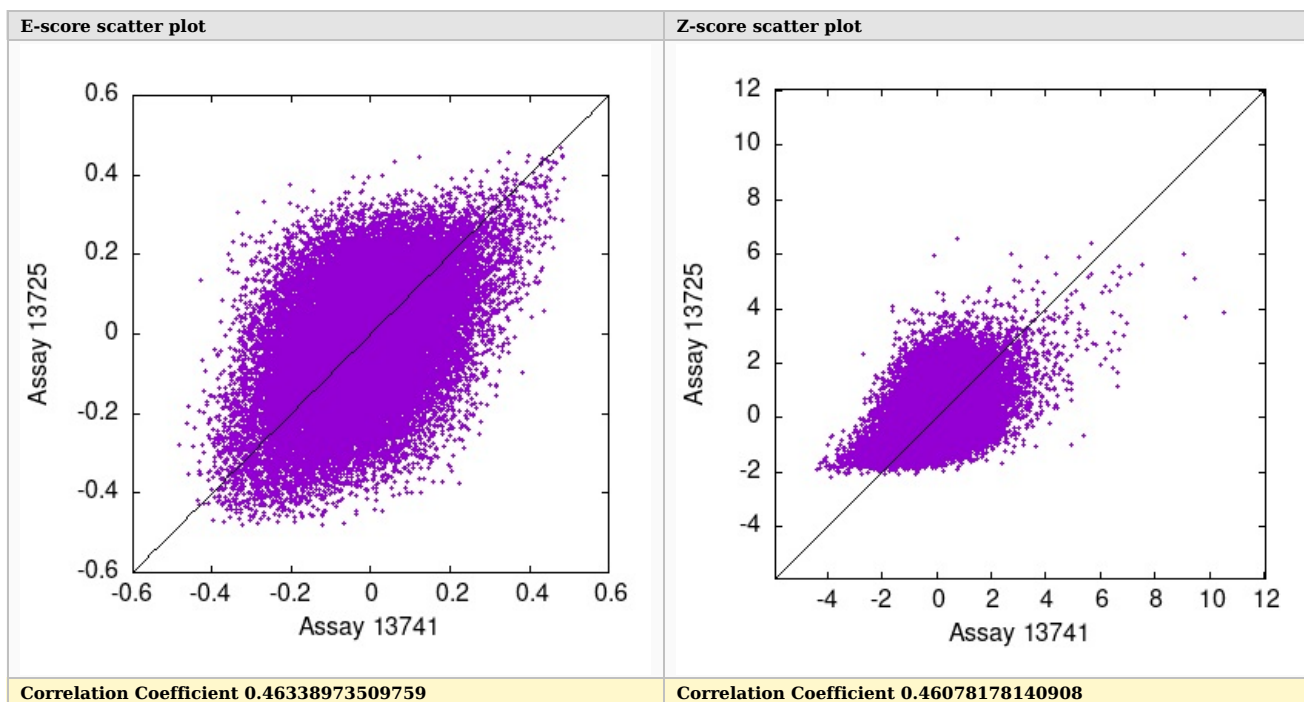


QC report



Top scoring motifs for Assay 13741

Protein ID: pTH14308.2 Gene: NACC2.DBD Domain: Unknown Flag: Pass_matched_pair Array: 1M-HK

8 mer E-scores for probeset 'all'

Forward:

Reverse:



Top 10

Scores

Alignment

ACATGTCA	0.48599	---ACATGTCA
ACATGTAA	0.48416	---ACATGTAA
CACATGTA	0.48317	--CACATGTA-
ACACATGA	0.48246	-ACACATGA--
ACATATGT	0.48020	-ACATATGT--
ACATGTGG	0.47003	--CCATGT--
CACATGTC	0.46879	--CACATGTC-
ACACATGT	0.46607	-ACACATGT--
CACACATG	0.46357	CACACATG---
ACATGTCG	0.46214	---ACATGTCG

8 mer Z-scores for probeset 'all'

Forward:

Reverse:



Top 10

Scores

Alignment

ACATGTCA	10.54826	--ACATGTCA
CACATGTA	9.43048	-TACATGTG-
ACACATGA	9.11070	--ACACATGA
ACATGTAA	9.07073	--ACATGTAA
ACATATGT	7.53462	--ACATATGT
ACATGTGA	7.05149	--ACATGTGA
ACATGTGG	6.96645	--ACATGTGG
ACATGTCG	6.84787	CGACATGT--
CACATGTC	6.73891	-GACATGTG-
ACATGTGA	6.73392	--ACATGTGA

Top scoring motifs for Assay 13725

Protein ID: pTH14308.1 Gene: NACC2.DBD Domain: Unknown Flag: Pass_matched_pair Array: 1M-ME

8 mer E-scores for probeset 'all'

Forward:

Reverse:



Top 10

Scores

Alignment

ACATATGT	0.46727	---ACATATGT--
TACATACA	0.45686	---TACATACA--
ACATGTAA	0.44986	----ACATGTAA
AACATGTT	0.44899	----AACATGTT--
CACATGTA	0.44599	----CACATGTA--
TGTGCACA	0.44507	TGTGCACA----
AACATGTA	0.44151	----AACATGTA--
TACATGTA	0.43554	----TACATGTA--
ACATGTTC	0.43493	----ACATGTTC--
ACATACAA	0.43444	-----ACATACAA

8 mer Z-scores for probeset 'all'

Forward:

Reverse:



Top 10

Scores

Alignment

TGTGCACA	6.57682	---TGTGCACA
AACATGTA	6.39325	--AACATGTA--
ACATGTAA	6.00685	--ACATGTAA--
TACATACA	5.98518	-TACATACA--
TAAATTTA	5.94616	-TAAATTTA--
AACATGTT	5.91225	-AACATGTT--
TACATGTA	5.89028	-TACATGTA--
ACATATGT	5.58367	--ACATATGT--
ACATGTAT	5.57466	--ACATGTAT--
ACATGTTC	5.54517	GAACATGT---