

S4 Table. RNA sample quality metrics for identification of 'outlier' arrays.

	all_probeset_mean	all_probeset_rle_mean	all_probeset_mad_residual_mean	pos_vs_neg_auc	%P
GR1	0.05	0.16	0.09	0.23	0.38
LR1	0.26	0.86	0.72	0.41	1.40
LR2	0.08	0.09	0.07	0.08	0.94
D1	0.02	0.06	0.08	0.03	0.60
CB1	0.33	0.02	0.12	0.25	0.87
LR3	0.14	0.22	0.04	0.00	0.89
CCR1	0.24	0.08	0.20	0.31	0.82
W1	0.16	0.74	0.54	0.25	0.17
B1	0.27	0.53	0.43	0.50	1.72
HV1	0.29	0.35	0.31	0.39	1.23
CB7 ^a	0.63	0.29	0.22	0.31	5.88 ^b
B2	0.20	0.08	0.12	0.18	1.61
JRT1 ^a	0.37	0.07	0.11	0.24	2.92 ^b
CB2	0.25	0.30	0.26	0.39	1.61
LR4	0.26	0.17	0.21	0.25	1.38
ETT1	0.11	0.11	0.08	0.04	0.10
LR11 ^a	0.41	0.02	0.13	0.26	2.75 ^b
B3	0.19	0.02	0.10	0.22	1.50
CB4	0.18	0.05	0.04	0.17	1.41
ESS1 ^a	0.30	0.23	0.30	0.28	2.55 ^b
LR9	0.19	0.13	0.08	0.35	1.80
SBT1	0.15	0.05	0.09	0.20	0.47
LR8	0.19	0.18	0.17	0.33	1.40
LR5	0.03	0.35	0.18	0.03	0.43
W2	0.13	0.28	0.10	0.04	0.91
MS1	0.13	0.28	0.22	0.25	0.77
LR6	0.07	0.30	0.18	0.21	0.02
CB5	0.11	0.33	0.13	0.11	0.74
LR7	0.12	0.23	0.14	0.10	1.47
MS2 ^a	0.37	0.19	0.31	0.38	2.01 ^b
B4	0.18	0.32	0.24	0.41	1.81
GR4	0.14	0.20	0.02	0.06	0.77
P1 ^a	0.48	0.10	0.21	0.35	3.89 ^b
CB6	0.11	0.33	0.14	0.07	0.92
LR10	0.21	0.00	0.07	0.05	0.31
SBT2	0.03	0.27	0.13	0.11	0.83
GS1	0.14	0.26	0.18	0.16	1.05
CB3	0.08	0.50	0.27	0.01	0.80
GR2	0.23	0.42	0.28	0.07	0.11
GR3	0.25	0.24	0.21	0.23	0.87

^aOutlier array and ^bassociated RNA sample quality metric