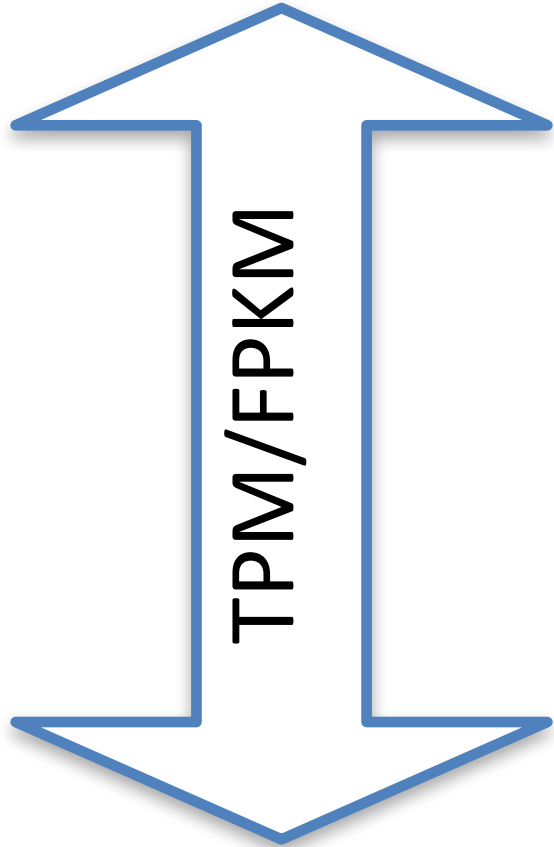
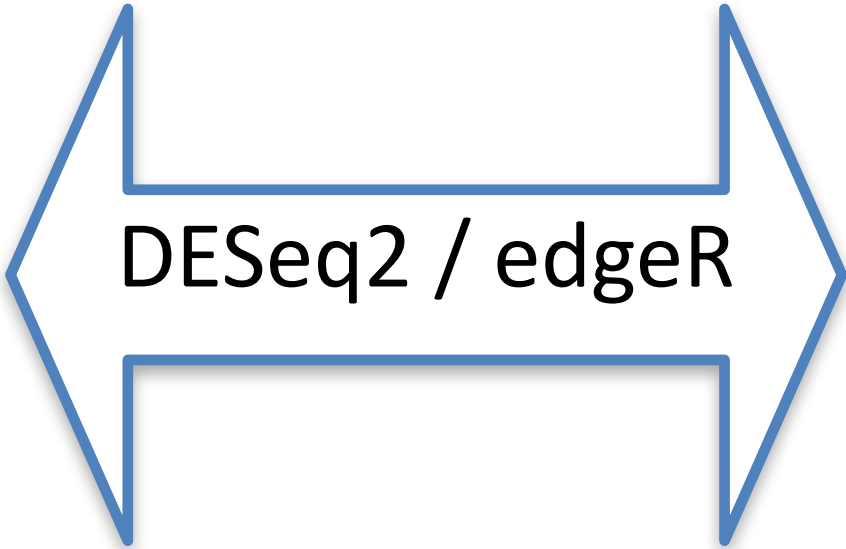










- Padronizar a quantidade de reads por:
 - Profundidade de sequenciamento
 - Tamanho dos genes
 - Composição do RNA
- CPM: *counts per million* - profundidade
- TPM: *transcripts per million* - profundidade e tamanho do gene
- FPKM: *fragments per Kb of exon per million reads* - profundidade e tamanho
- DESeq2 / edgeR: profundidade e composição dos RNA



						
						
A	1205	2450	3015	5014	6523	7564
B	2034	5624	7021	5204	4024	8953
C	5435	2645	10256	9652	3245	8621
D	1238	864	6018	2031	1025	986