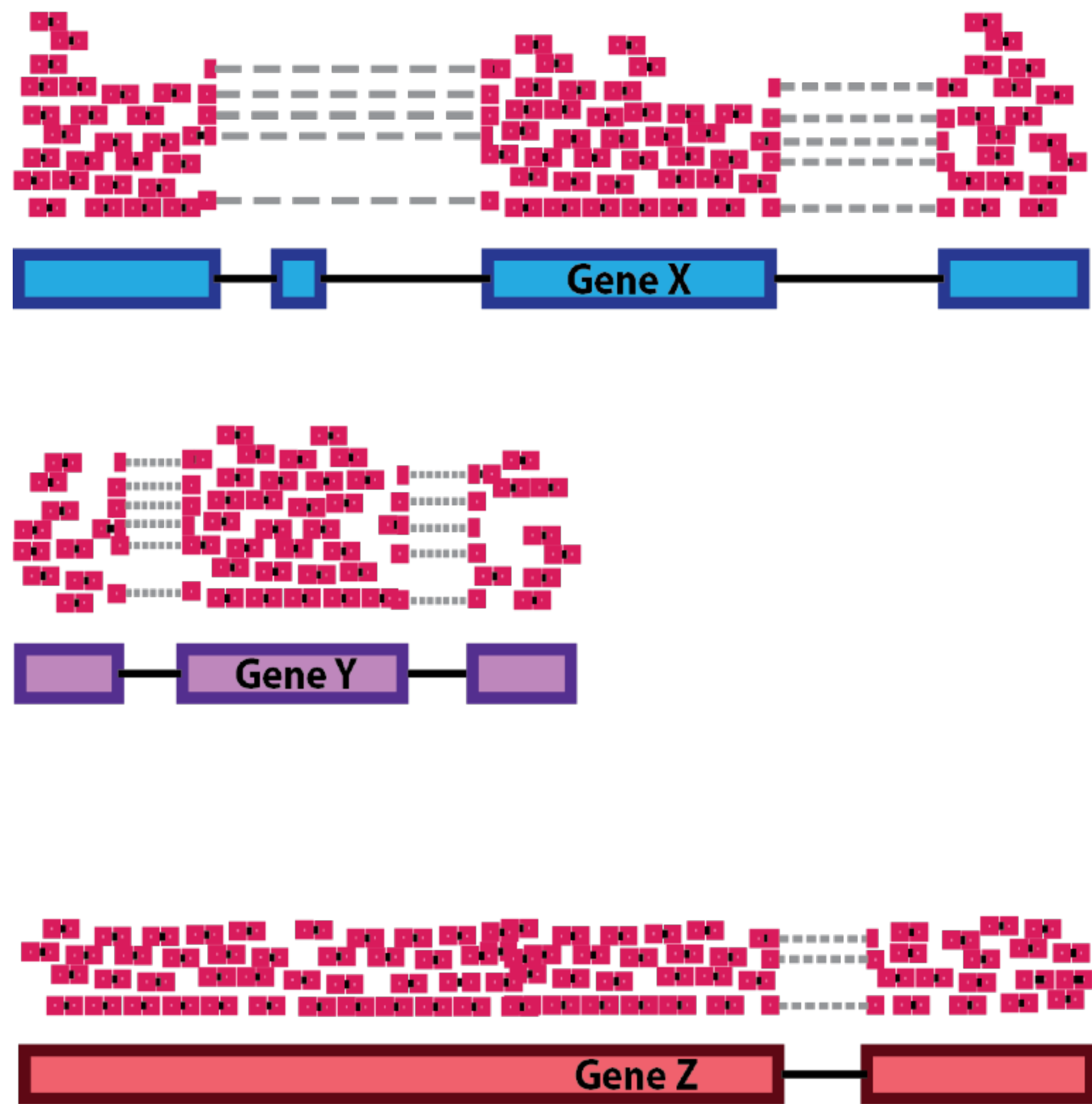
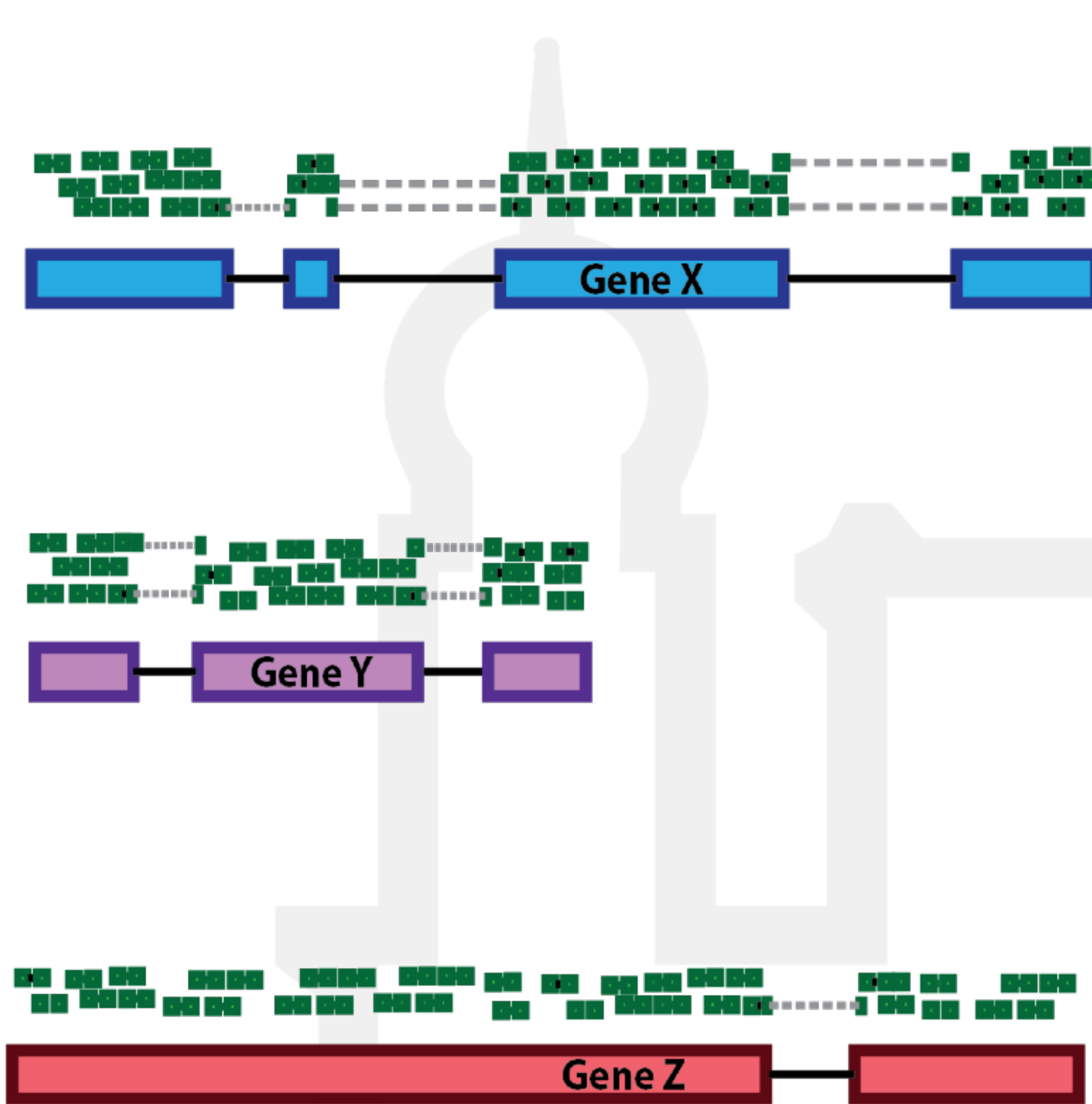


Sample A Reads



Sample B Reads



- 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