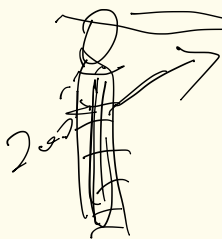


discuss: ~~RNA~~

poly-truth: 每个 RNA-seq 的 true 个数

quant. bootstrap: 抽样统计出来的个数



← 可得到一个分布

根据 true 的个数在分布中的位置
判断真假, 中间 95%

faute

quant.sf: salmon 统计出来的性质.

equal-class.txt: 对相似的 RNA-seq 归类.

第一步: 先 filter 真假

