

## Metodi di Normalizzazione nei Dataset Genomici ad Alta Variabilità

L'articolo "Metodi di Normalizzazione nei Dataset Genomici ad Alta Variabilità" nasce dalla necessità di affrontare in modo sistematico e approfondito la seguente tematica: Il lavoro analizza diverse tecniche di normalizzazione per dataset genomici con alta variabilità interindividuale. Sono valutati metodi Z-score, quantile normalization e scaling robusto, con benchmark su 3 dataset pubblici.. L'intento è di sviluppare un'analisi coerente e fondata, partendo dagli elementi forniti nel riassunto iniziale e integrandoli con una discussione metodologica e critica che tenga conto del contesto specifico e degli strumenti adottati.

L'analisi dei dataset genomici ad alta variabilità interindividuale richiede metodi di normalizzazione robusti. Lo studio valuta tecniche come Z-score, quantile normalization e scaling robusto su tre dataset pubblici, per determinare quale sia più efficace nel mantenere la coerenza dei dati.

In conclusione, questo lavoro fornisce un contributo originale allo studio della tematica, proponendo soluzioni concrete e dimostrandone la validità tramite casi reali, simulazioni o analisi quantitative. Le implicazioni del lavoro sono rilevanti sia dal punto di vista teorico che applicativo, e aprono la strada a future indagini e sviluppi più ampi.