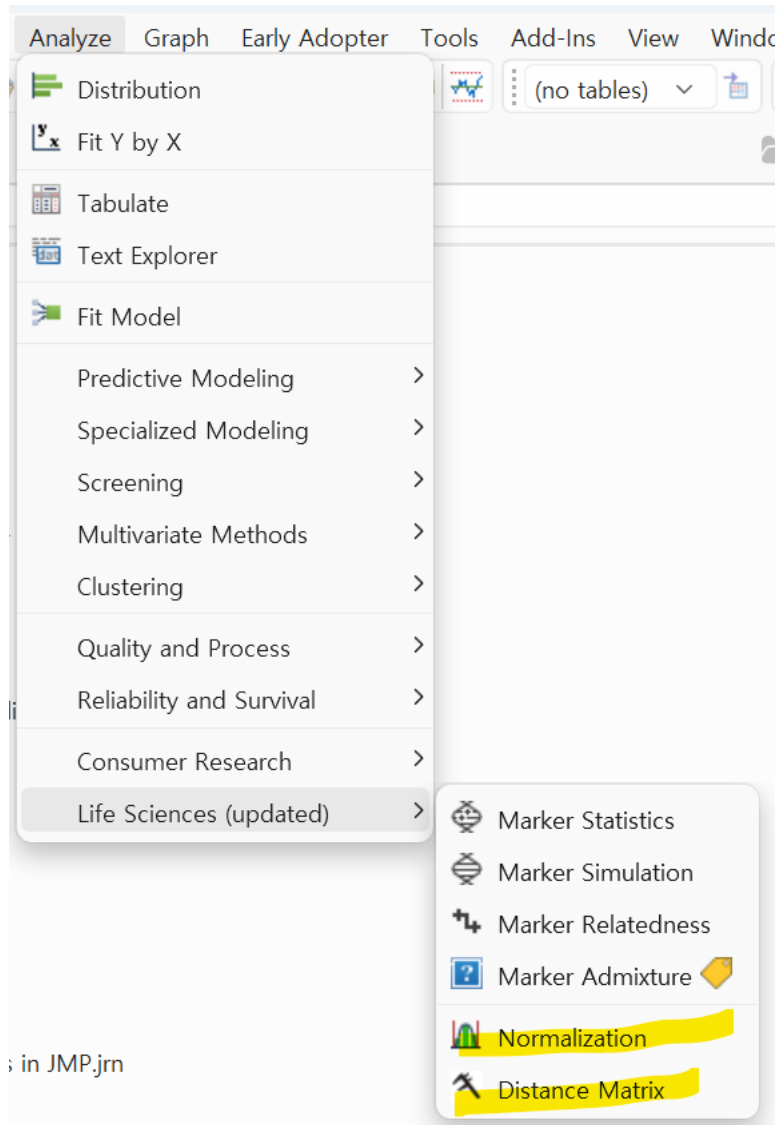


JMP 19 soon... (Genomics Normalization)



현재 JMP에서는 $\log_2(x+1)$ 변환을 열 단위로 적용할 수 있으며, 이는 일정 수준에서 허용 가능한 대안이지만, 희소(sparse)한 count 데이터의 특성상 한계가 있습니다.

따라서 Single Cell RNA-seq 데이터를 위한 VST (Variance Stabilizing Transformation) 또는 Dispersion 기반 정규화 방법을 추가하는 것이 이러한 문제를 해결하는 데 도움이 될 것입니다.

Reference:

<https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13059-019-1874-1>