**DATASET CML**

*CML*

Leucemia mieloide cronica è causata da traslocazione cromosomica bilanciata tra chr9 e chr22 che genera un gene di fusione chiamato BCR-ABL.

*Passaggi di pulizia del dataset*

Proteomica di cellule K562 (di leucemia mieloide cronica, CML) sensibili e resistenti trattate e non trattate con Imatinib (inibitore di BCR-ABL).

* Nomi delle colonne comprensibili:
  + *quanti gruppi ci sono?*
  + *per ciascun gruppo quanti replicati ci sono?*
* Dal gene name prendere lo UNIPROT ID, protein name
* Tenere solo le proteine che hanno almeno in un gruppo ¾ valori
* Trasformazione in log2(x + 1) dei dati
* Imputazione dei dati mancanti con **mice**
* Calcolo del fold-change al controllo tra resistenti e sensibili
* T-test per ricavare il p-value
* Volcano plot