# Sélection de gènes d’intérêts de DNMT3A

## Fichier de départ

**Chvmt\_DMRsUnique3A\_ChIPseq3A.bed**

Ce fichier contient les régions génomiques qui sont présente à la fois dans les régions différentiellement méthylé par 3A {Liao, 2015 #19} et séquencé dans le ChIPseq ciblant DNMT3A {Rinaldi, 2016 #20}.

**Trg\_gene\_EnhancerRegion.bed**

Contient les régions des divers éléments ehnancer du génome avec leur gènes cibles.

**RNAseq3A\_unique.bed**

Contient les régions des gènes qui différentiellement exprimés lors de l’inhibition de DNMT3A.

## Script

**intersect-RNAseq.sh**

Cette série de commande permet de faire l’intersection entre les trois fichier d’entrée pour déterminer les gènes les plus susceptibles d’être affecté par DNMT3A.

## Fichier sortant

**Genes\_cibles3A.bed**

Liste des gènes résultant du script ci-haut