|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **كلية الادارة والاقتصاد** | | | | College Name |
| **احصاء** | | | | Department |
| **مظهر خالد عبد الحميد الجبوري** | | | | Full Name as written in Passport |
|  | | | | e-mail |
| **Professor** | **Assistant Professor** | **Lecturer** | **Assistant Lecturer** | Career |
| PhD | | Master | |  |
| **المقارنة بين طرائق تقدير النموذج الرياضي لسلسلة الحمض النووي DNA مع تطبيق عملي** | | | | Thesis Title |
| **1426 هـ 2006 م** | | | | Year |
| **ان الهدف من هذا البحث هو تحديد افضل نموذج رياضي احتمالي لسلاسل الحمض النووي الـ(DNA)، لغرض إيجاد (تقدير) تكرارات الجين لعينة سكانية تم استعمال ثلاث طرائق هي: الإمكان الأعظم (Maximum Likelihood Method)، وطريقة العد  (A count Method)، وطريقة برنشتاين (Bernistien Method)، اذ تعد عملية تقدير التكرارات على درجة كبيرة من الأهمية وذلك لمعرفة توزيع الأنماط الشكلية في بيئة ما، والذي يبين تأثير مختلف المتغيرات على هذا التوزيع لتحديد دالة التوزيع الاحتمالي لتلك الأنماط.**  **وبما ان أسلوب البرمجة الديناميكية من الأساليب الحديثة في تشفير السلاسل الجينية (الطويلة) تم توظيف هذا الأسلوب في تشفير سلسلة (β- globine)، دم الإنسان وكذلك  (β- globine) دم الفار (الجرذ) بهدف المقارنة بينهما وذلك عن طريق استعمال الخوارزميات الجينية، كخوارزميات الاصطفاف الشامل والمحلي من اجل معرفة مناطق التشابه والاختلاف بين هذه السلسلة ومدى انتماء جزء من سلسلة إلى السلسلة الكبيرة والذي يعد مؤشر جيد في تحديد الشبه والاختلاف في المناطق المشفرة ، وتم استعمال جين (β-globin) الإنسان والجرذ لغرض المقارنة بينهما، واعتمدت لغة (Visual Basic) لغرض كتابة البرنامج الخاص لخوارزمية الاصطفاف الشامل من اجل إنجاز هدف البحث.** | | | | Abstract |