|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **كلية الادارة والاقتصاد** | | | | College Name |
| **احصاء** | | | | Department |
| **زينب هاتف عباس الركابي** | | | | Full Name as written in Passport |
|  | | | | e-mail |
| **Professor** | **Assistant Professor** | **Lecturer** | **Assistant Lecturer** | Career |
| PhD | | Master | |  |
| استخدام سلاسل ماركوف في التعرف على تعاقبات الحامض النووي DNA | | | | Thesis Title |
| 1427 هـ 2005م | | | | Year |
| **أن للحمض النووي الدنا DNA أهمية كبيرة وبالغة لكونه حاملاً للمعلومات الوراثية وبالتالي فان دراسة تعاقبات الحمض النووي DNA سوف تعطينا انطباعا عن الصفات الوراثية للكائن الحي.وبالنظر لأهمية سلاسل ماركوف في تفسير وتحليل الكثير من الظواهر من حيث حيز التكرار ،ولهذا جاء هدف بحثنا متمثلاً بتطبيق تلك السلاسل على الحمض النووي DNAوحساب الاحتمالات الانتقالية الشرطية لعناصر هذه السلاسل لأهميته الكبيرة في أيجاد الجينات من تعاقبات الدنا DNA. تم هذا التطبيق ببناء مصفوفة الاحتمالات الانتقالية من الرتبة الأولى والثانية والثالثة والرابعة والخامسة ، وبعد ذلك تم استخدام ثلاث طرق مستندة على هذه المصفوفات ، علما بان التجريب قد تم على أربعة من تعاقبات الدنا DNA لهرمون النمو البشري ،وتم الاعتماد على نتائج الطرق البيولوجية ومميزات الجين في تعاقبات DNA للمفاضلة بين نتائج الطرق الثلاث التي ترشح السلسلة ذات الاحتمالية الأكبر لكي تمثل الجين.**  **فضلاً عن ذلك تم عمل برنامج تشفير وترجمة للنسق الثلاث لـ O R F لمتسلسلة DNA والسلاسل التي تتألف منها الصيغ الثلاث والتي تبدأ بـ شفرة البداية( (Start codon وتنتهي بـشفرة النهاية ( Stop codon) وتم عمل برنامج بلغة فيجوال بيسك ليقوم بهذه العمليات وكذلك للمقارنة (Sequence alignment) بين تعاقبات هرمون النمو البشري وسلاسل أخرى وقد طبق البرنامج على سلاسل DNA التي عدد نيوكليداتها اقل من 3000 قاعدة ومنها سلاسل هرمون النمو البشري وسلاسل هرمون النمو للفئران والدجاج وسلاسل الذيفانات المنتجة من بكتريا *E.coli*  و *Salmonella* و *Shigella*.**  **وقد توصلنا في هذا البحث إلى إن طريقة ماركوف التخمينية ذات الأوزان المحسوبة بطريقة كاي سكوير هي افضل الطرق التي يتم بواسطتها التعرف على الجينات من تعاقبات الحمض النووي DNA.** | | | | Abstract |