Hiding Information using Replacement in Silent Mutation of DNA Sequences

Sadoon H. Abdullah
sadosb113@uomosul.edu.iq
College of Science
University of Mosul, Mosul, Iraq

Ahmed S. Nori
ahmed.s.nori@uomosul.edu.iq
College of Computer Science and Mathematics
University of Mosul, Mosul, Iraq

Received on: 12/09/2011 **Accepted on: 14/12/2011**

ABSTRACT

The present study included an application of new method of steganography using DNA sequence as a media for hiding. This method is considered a secret cover for the secret message (text, image), avoid attention of unauthorized person in addition to be inextricable since it needs high effort, long time and well background in biology.

Hiding secret message in a known DNA sequence belongs to prokaryotic organism was conducted. The DNA sequence obtained from EBI location (European Bioinformatics Institute). Among the DNA molecule characters, one of the mutant ability types, that is the silent mutant, was choose to hide a secret message within the sequence. Then the sequence with the hidden message was sent to receiver via many methods.

For more precaution the DNA sequence with the message was hide as a colored image with different dimensions and extension (BMP, PNG). However, image quality remain unchanged. Results of study revealed high hiding ratio.

Keywords: Steganography, DNA Sequence, Silent Mutant, BMP, PNG.

إخفاء المعلومات باستخدام الاستبدال في الطفرة الصامتة لتسلسلات DNA

سعدون حسين عبد الله
كلية العلوم
جامعة الموصل، الموصل، العراق

أحمد سامي نوري
كلية علوم الحاسوب والرياضيات
جامعة الموصل، الموصل، العراق

تاريخ استلام البحث: 2011/09/12 **تاريخ قبول البحث: 2011/12/14**

الملخص

يهدف البحث إلى تطبيق طريقة حديثة في الإخفاء Steganography وذلك باستخدام سلسلة DNA (Deoxyribonucleic Acid) وسطاً لهذا الإخفاء إذ تعد غطاءً آمناً للرسالة السرية المخفية (نصية أو صورية) ويتجنب إثارة انتباه الأشخاص غير المخولين وصعوبة استرجاعها من قبلهم لأنها تحتاج إلى جهد عالٍ ووقت طويلين ومعرفة تامة بعلم الأحياء.

تم العمل على إخفاء رسالة سرية ضمن سلسلة DNA لكائن بدائي النواة معروفة التسلسل أخذت من ضمن الموقع EBI (European Bioinformatics Institute) وبالاستفادة من إحدى خصائص جزيئة DNA وهي الطفرة التي تكون من نوع الطفرة الصامتة تم إرسال السلسلة الحاملة للرسالة السرية إلى المستلم بعدة طرائق، ولزيادة أمنية سلسلة DNA تم إخفاؤها ضمن صورة ملونة وبأبعاد مختلفة وبالامتداد (BMP،PNG) مع المحافظة على جودة الصورة، إذ وصلت نسبة الإخفاء في هذا البحث إلى درجات عالية جداً.

الكلمات المفتاحية: الاخفاء، سلسلة DNA، الطفرة الصامتة،BMP، PNG.

المقدمة

إن كثيراً من الحكومات وضعت قوانين تحد من استخدام طرائق التشفير أو منعها بصورة عامة [1][2]، لذا توجهت أنظار الكثيرين نحو استخدام تقنية (الكتابة المغطاة) للحفاظ على أمنية المعلومات المتبادلة بين طرفين، إذ أنها تقنية تخفي بيانات سرية داخل بيانات أخرى بصورة لا يمكن ملاحظتها مما يخفي حقيقة وجود بيانات سرية متناقلة [3]، في السنين الأخيرة تم استخدام سلسلة DNA (Deoxyribonucleic Acid) وسطاً لإخفاء المعلومات السرية لما تتمتع به من مميزات[4]، خلال هذا البحث تم الاستفادة من خاصية الطفرة الصامتة لإخفاء الرسالة السرية (نصية أو صورية) ضمن سلسلة DNA.

1- الخلفية النظرية في إخفاء المعلومات

يُعرَّف إخفاء المعلومات على أنه عملية تضمين بيانات سرية في أشكال مختلفة من الوسائط منها الوسائط المتعددة الرقمية (Digital Multimedia) كملفات النصوص والصور والملفات الصوتية والفيديوية [5].وتُصنَّف تقنيات إخفاء المعلومات إلى تقنيات فرعية طبقا للورشة الدولية الأولى في إخفاء المعلومات [6][7] إلى:

- ❖ الكتابة المغطاة.
- ❖ إشارة حقوق الطبع.
- ❖ القنوات المخفية.
- ❖ المجهولية.

2- الخلفية النظرية في الأحماض النووية DNA

الخلية الحية تعرف على إنها أصغر وحدة حية معروفة، وعادة ما تكون هذه الوحدات الصغيرة مكونة لأجسام الأحياء متعددة الخلايا (Multi cellular) مثل الإنسان والحيوان والنبات. وتنقسم خلايا الكائنات الحية من حيث التركيب الداخلي إلى قسمين هي خلايا حقيقة النواة (Eukaryote) وخلايا بدائية النواة (Prokaryote). يشمل القسم الأول كل الأحياء متعددة الخلايا مثل الإنسان والنبات أما القسم الثاني فيشمل البكتيريا [8]

2-1 تركيب الحامض النووي DNA

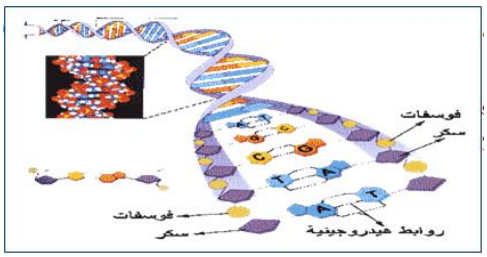
الحامض النووي DNA ذو طبيعة تسمح له بحمل المعلومات الوراثية بالإضافة إلى إمكانية مضاعفة نفسه. قوالب الحامض النووي DNA عبارة عن نيوكليوتيد Nucleotide يتكون من: سكر خماسي وهو الديزوكسي ريبوز Deoxyribose وفوسفات phosphate وقاعدة نيتروجينية Nitrogen base. والقواعد النيتروجينية تتضمن مجموعتان البيورين Purines وتتضمن الأدينين (A) Adenine والكوانين Guanine(G) أما المجموعة الثانية فهي البيرميدين Pyrimidines وتتضمن الثايمين Thymine(T) والسايتوسين Cytosine(C) . والنيوكليوتيدات ترتبط ببعضها بواسطة روابط لتكون سلسلة DNA [8] . كما في الشكل(1)

2-2 أنواع الأحماض النووية

هناك نوعان من الأحماض النووية [8] :

1- حامض الديوكسي رايبونيوكلييك (DNA) : (Deoxyribonucleic Acid)

2- حامض الرايبرنيوكلييك (RNA) : (Ribonucleic Acid).



شكل (1). تركيب الحامض النووي DNA

ويشمل RNA بدوره على ثلاث أنواع من (RNA) جميعها تساعد (DNA) في القيام بوظيفته وهي:
المرســـــل mRNA (messengerRNA) والناقـــــل tRNA (transferRNA) والرايبوســـــومي rRNA (ribosomalRNA).

إن العمليات الرئيسية التي تحدث داخل الخلية والتي تكوّن سلسلة DNA المسؤولة عنها:

1- الاستنساخ والتضاعف.

2- الفصل أو القطع.

3- الترجمة.

4- إنتاج البروتين.

2-3 الكروموسومات (الصبغيات)

تنتقل الصفات الوراثية من الاباء إلى الأبناء على شكل أجسام صغيرة جداً (كالعصي القصيرة) تسمى صبغيات وراثية (ومعروفة بشكل أوسع بالكروموسومات) وتحمل هذه الصبغيات الوراثية التعليمات الكاملة لخلق الإنسان. عدد الصبغيات (كروموسومات) الوراثية في كل خلية 46 صبغة (كروموسوم) وهي عبارة عن 23 زوجاً كل منها عبارة عن كروموسومين متشابهين بشكل كبير(وقد نقول تجاوزا إنهما متطابقان) وإحدى من هذه الكروموسومات مصدره الأب والأخر مصدره الأم وكل زوج من هذه الأزواج المتطابقة يعطيه العلماء رقما يميزه عن الآخر ابتداءً برقم واحد للزوج الأول إلى الزوج الأخير رقم 23 [9].

2-4 تتابع نيوكلوتيدات الـ DNA

إن إيجاد طريقة لمعرفة تسلسل تتابعات الحامض النووي DNA أحدث ثورة حقيقية في الوراثة الجزيئية والهندسة الوراثية حيث تزودنا هذه الطريقة بمعلومات مهمة حول تركيب ووظيفة الجين ومن ثم إمكانية تحديد المنتجات التي يشفر لها الجين وتحديد المناطق الحساسة Hot spot لحدوث الطفرات وكذلك تساعد في إيجاد العلاقة التطورية للجينات المتشابهة في الكائن الحي نفسه أو في الكائنات المختلفة والمساعدة في تصنيف الأحياء والفيروسات، وفي عام (1982) نشرت مجلة Nature الخارطة الوراثية لبعض الكائنات وفي عام (2001) نشرت الخارطة الوراثية للانسان [9][10].

2-5 الطفرات

تعرف على إنها التغيرات في النمط الجيني القابلة للتوارث. فلكل كائن حي نمط طبيعي wild type الذي يعد سلالة مرجعية وتتمثل بالإحياء عند عزلها للمرة الأولى، وأي تغيرات تحصل على هذه السلالات تعد طفرات Mutants. والطفرات بدورها تصنف إلى:

1- إضافة insertion أو حذف deletion جزء من المادة النووية وقد تكون منطقة الحذف صغيرة أو كبيرة.

2- يمكن أن تحصل إضافة أو حذف قاعدة واحدة وهذا ما يطلق عليه الطفرة النقطية.

3- هنالك نمط من الطفرات يدعى الطفرات الصامتة وتحصل عند تغير الشفرة الوراثية أو جزء منها إلى شفرة وراثية مشفرة للحامض الاميني نفسه [11].

الأعمال السابقة

- **Clelland and et al**

من أولى الطرائق المستخدمة في عملية إخفاء الرسالة السرية باستخدام القواعد النتروجينية[12] إذ أن خوارزميتها تعمل على تصنيع سلسلة DNA بالاعتماد على جدول يتضمن كل الحروف الانكليزية الممثلة بثلاث من القواعد النتروجينية، بعد تصنيع سلسلة DNA يتم ربط نهايتها بسلاسل قصيرة خاصة من DNA تسمى بـ(البادئيات Primers) والتي تتمثل بالبادئ البداية FP وبادئ النهاية RP.

- **Leier and et al**

نشر Leier وآخرون عام 2000 طريقة جيدة لإخفاء المعلومات [13] وهي طريقة قوية استخدموا فيها بادئات كمفاتيح سرية بين الطرفين، في هذه الطريقة تستخدم سلسلة DNA عامة معروفة لكائن معين وتكون بمثابة مرجع بين الطرفين المرسل والمستلم، إن المستلم بدون البادئات لايمكن أن يسترجع المعلومات ، ولتوضيح الطريقة نأخذ مثالًا على ذلك،إذا كانت السلسلة المتفقة بين الطرفين هي:

ATGCTTAGTTCCATCGGACTAATGGCCTA

وإذا كانت البادئات ATCAA GATTAC وكما هو موضح سابقا فان متمم البادئات هوTAGTT CTAATG بالتوالي وبميكانيكية كيميائية يتم اتحاد سلسلة DNA مع البادئات وباستخدام مادة كيميائية مشعة (أشعة فلورنست) التي من خلالها سوف تبين مواقع التحام البادئات مع سلسلة DNA بشكل مضئ (بارق) ومواقع غيرمشتركة(غير متحدة) تكون بشكل مظلم، فكان تمثيل مواقع المضئ بتمثيل الثنائي $_2$(1) ومواقع المظلمة بتمثيل الثاني $_2$(0) فيكون الناتج بشكل الآتي:

ATGCT**TAGTT**CCATCGGA**CTAATG**GCCTA

ATCAA **GATTAC**

0 1 0 1 0

فيكون في النهاية سلسلة من الأعداد الثنائية : 01010 والتي تعتبر المعلومة المخفية .

- **Hung and et al**

إن Hung وآخرون [13] قدموا ثلاث طرائق كلها تستند على وجود سلاسل DNA المعروفة والموجودة في بنوك خاصة والمعرفة ضمن مواقع الكترونية مثل موقع EMBL إن السلسلة المختارة لجين معين من البنك تكون سرية من قبل المرسل والمستلم فقط.من هذه الطرائق هي طريقة الحشر Insertion

ولفهم التطبيق لتكن سلسلة DNA هي:S=ACGGTTCCAATG والرسالة المراد إخفاؤها هي M_i=01001100 إن طريقة الحشر من الطرائق اليسيرة والسهلة والتي تلخص بمايلي: يتم تحويل سلسلة DNA المأخوذة من البنك الجيني إلى مايقابلها من الأعداد الثنائية (S_j) بالاستفادة من التعبير الآتي.

$A \longleftrightarrow (00)_2$ $C \longleftrightarrow (01)_2$ $G \longleftrightarrow (10)_2$ $T \longleftrightarrow (11)_2$

S_j=000110101111010100000111001 ثم يتم تقطيع سلسلة الأعداد الثنائية (S_j) إلى عدد من البتات وليكن ثلاث bits (S_k). S_k=000,110,101,111,010,100,001,110,01 ثم حشر بت واحد من الرسالة السرية (M_i) في بداية كل قطعة بسلسلة (S_k) لتنتج سلسلة جديدة من الأعداد الثنائية (S_f) مع إلغاء القطعة التي لم يتم الحشر فيها. S_f=0000, 1110, 0101, 0111, 1010, 1100, 0001, 0110

تحويل سلسلة الثنائية (S_f) إلى سلسلة من القواعد النتروجينية :-

S'=AATGCCCTGGTAACCG

3- خوارزمية الاستبدال في الطفرة الصامتة

تستند هذه الطريقة إلى فكرة الطفرة الصامتة التي تحدث لسلسلة DNA داخل جسم الكائن والتي تتضمن حدوث طفرة في القاعدة الأخيرة من الكودون لإنتاج نفس الحامض الاميني. والجدول(1) يوضح بان هنالك 64 كودوناً والذي يشفر 20 حامض أميني بمعنى أن هنالك أكثر من كودون ينتج نفس الحامض ألأميني. تم استغلال هذه الفكرة بالعمل على تمثيل الرسالة السرية كسلسلة من القواعد النتروجينية بالاعتماد على الجدول(2) إذا كانت الرسالة نصية، والجدول (3) في حالة الرسالة الصورية، ومن ثم استبدالها في الكودونات القابلة للتغيير والمؤشرة ضمن الجدول(1)[11][14].

جدول (1). الكودونات (المناطق المضللة تمثل الكودونات التي تنتج نفس الحامض الأميني)

القاعدة الأولى					
G	A	C	T		القاعدة الثانية
TGT Cys[C] TGC Cys[C] TGA Stop[O] TGG Try[W]	TAT Tyr[Y] TAC Tyr[Y] TAA Stop[O] TAG Stop[O]	TC**T** Ser[S1] TC**C** Ser[S2] TC**A** Ser[S3] TC**G** Ser[S4]	TTT Phe[F] TTC Phe[F] TTA Leu[L4] TTG Leu[L5]	T	
CG**T** Arg[R1] CG**C** Arg[R2] CG**A** Arg[R3] CG**G** Arg[R4]	CAT His[H] CAC His[H] CAA Gln[Q] CAG Gln[Q]	CC**T** Pro[P1] CC**C** Pro[P2] CC**A** Pro[P3] CC**G** Pro[P4]	CT**T** Leu[L1] CT**C** Leu[L2] CT**A** Leu[L3] CT**G** Leu[L4]	C	
AGT Ser[S5] AGC Ser[S6] AGA Arg[R5] AGG Arg[R5]	AAT Asn[N] AAC Asn[N] AAA Lys[K] AAG Lys[K]	AC**T** Thr[T1] AC**C** Thr[T2] AG**A** Thr[T3] AC**G** Thr[T4]	ATT lle[I] ATC lle[I] ATA lle[I] ATG Met[M]	A	
GG**T** Gly[G1] GG**C** Gly[G2] GG**A** Gly[G3] GG**G** Gly[G4]	GAT Asp[D] GAC Asp[D] GAA Glu[E] GAG Glu[E]	GC**T** Ala[A1] GC**C** Ala[A2] GC**A** Ala[A3] GC**G** Ala[A4]	GT**T** Val[V1] GT**C** Val[V2] GT**A** Val[V3] GTG Val[V4]	G	

جدول (2). نموذج يوضح ترميز الرسالة النصية وفق طريقة الاستبدال في الطفرة الصامتة

Symbol	Codon	Symbol	Codon	Symbol	Codon	Symbol	Codon
A	AAA	Q	CAA	6	GAA	-	TAA
B	AAC	R	CAC	7	GAC	/	TAC
C	AAG	S	CAG	8	GAG	@	TAG
D	AAT	T	CAT	9	GAT	!	TAT
E	ACA	U	CCA	*	GCA	#	TCA
F	ACC	V	CCC	&	GCC	^	TCC
G	ACG	W	CCG	+	GCG	,	TCG
H	ACT	X	CCT	Space	GCT	;	TCT
I	AGA	Y	CGA	>=	GGA	“	TGA
J	AGC	Z	CGC	<=	GGC	:	TGC
K	AGG	0	CGG	=	GGG	‘	TGG
L	AGT	1	CGT	.	GGT	~	TGT
M	ATA	2	CTA	#	GTA	]	TTA
N	ATC	3	CTC	%	GTC	[	TTC
O	ATG	4	CTG	(	GTG	‘	TTG
P	ATT	5	CTT	)	GTT	~	TTT

جدول (3). نموذج يوضح ترميز الرسالة الصورية وفق طريقة الاستبدال في الطفرة الصامتة

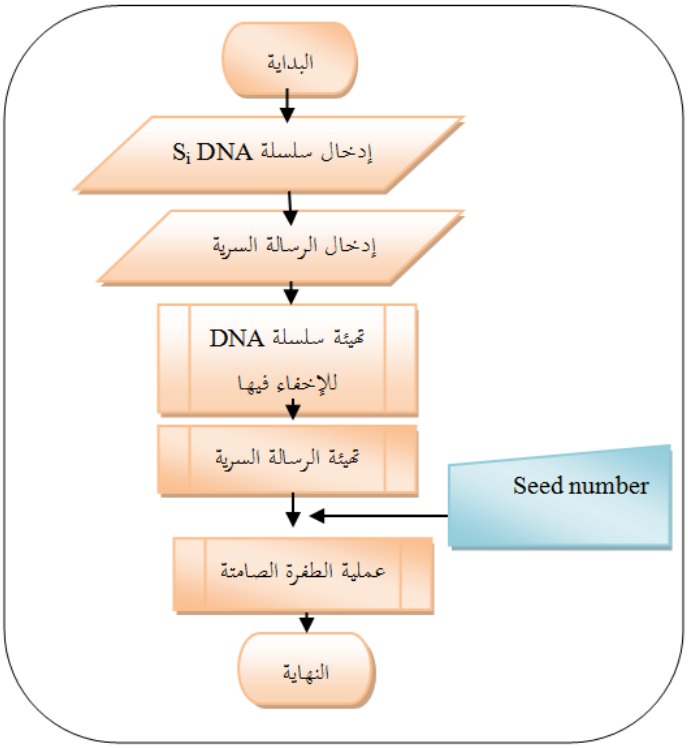
Pixel value	Sequence	Pixel value	Sequence	Pixel value	Sequence	Pixel value	Sequence	Pixel value	Sequence
0	AAAA	51	ATAT	102	CGCG	153	GCGC	204	TATA
1	AAAC	52	ATCA	103	CGCT	154	GCGG	205	TATC
2	AAAG	53	ATCC	104	CGGA	155	GCGT	206	TATG
3	AAAT	54	ATCG	105	CGGC	156	GCTA	207	TATT
4	AACA	55	ATCT	106	CGGG	157	GCTC	208	TCAA
5	AACC	56	ATGA	107	CGGT	158	GCTG	209	TCAC
6	AACG	57	ATGC	108	CGTA	159	GCTT	210	TCAG
7	AACT	58	ATGG	109	CGTC	160	GGAA	211	TCAT
8	AAGA	59	ATGT	110	CGTG	161	GGAC	212	TCCA
9	AAGC	60	ATTA	111	CGTT	162	GGAG	213	TCCC
10	AAGG	61	ATTC	112	CTAA	163	GGAT	214	TCCG
11	AAGT	62	ATTG	113	CTAC	164	GGCA	215	TCCT
12	AATA	63	ATTT	114	CTAG	165	GGCC	216	TCGA
13	AATC	64	CAAA	115	CTAT	166	GGCG	217	TCGC
14	AATG	65	CAAC	116	CTCA	167	GGCT	218	TCGG
15	AATT	66	CAAG	117	CTCC	168	GGGA	219	TCGT
16	ACAA	67	CAAT	118	CTCG	169	GGGC	220	TCTA
17	ACAC	68	CACA	119	CTCT	170	GGGG	221	TCTC
18	ACAG	69	CACC	120	CTGA	171	GGGT	222	TCTG
19	ACAT	70	CACG	121	CTGC	172	GGTA	223	TCTT
20	ACCA	71	CACT	122	CTGG	173	GGTC	224	TCAA
21	ACCC	72	CAGA	123	CTGT	174	GGTG	225	TGAC
22	ACCG	73	CAGC	124	CTTA	175	GGTT	226	TGAG
23	ACCT	74	CAGG	125	CTTC	176	GTAA	227	TGAT
24	ACGA	75	CAGT	126	CTTG	177	GTAC	228	TGCA
25	ACGC	76	CATA	127	CTTT	178	GTAG	229	TGCC
26	ACGG	77	CATC	128	GAAA	179	GTAT	230	TGCG
27	ACGT	78	CATG	129	GAAC	180	GTCA	231	TGCT
28	ACTA	79	CATT	130	GAAG	181	GTCC	232	TGGA
29	ACTC	80	CCAA	131	GAAT	182	GTCG	233	TGGC
30	ACTG	81	CCAC	132	GACA	183	GTCT	234	TGGG
31	ACTT	82	CCAG	133	GACC	184	GTGA	235	TGGT
32	ACAA	83	CCAT	134	GACG	185	GTGC	236	TGTA
33	AGAC	84	CAAA	135	GACT	186	GTGG	237	TGTC
34	AGAG	85	CCCA	136	GAGA	187	GTGT	238	TGTG
35	AGAT	86	CCCC	137	GAGC	188	GTTA	239	TGTT
36	AGCA	87	CCCG	138	GAGG	189	GTTC	240	TTAA
37	AGCC	88	CCCT	139	GAGT	190	GTTG	241	TTAC
38	AGCG	89	CCGA	140	GATA	191	GTTT	242	TTAG
39	AGCT	90	CCGC	141	GATC	192	TAAA	243	TTAT
40	AGGA	91	CCGG	142	GATG	193	TAAC	244	TTCA
41	AGGC	92	CCGT	143	GATT	194	TAAG	245	TTCC
42	AGGG	93	CCTA	144	GCAA	195	TAAT	246	TTCG
43	AGGT	94	CCTC	145	GCAC	196	TACA	247	TTCT
44	AGTA	95	CCTT	146	GCAG	197	TACC	248	TTGA
45	AGTC	96	CGAA	147	GCAT	198	TACG	249	TTGC
46	AGTG	97	CGAC	148	GCCA	199	TACT	250	TTGG
47	AGTT	98	CGAG	149	GCCC	200	TAGA	251	TTGT
48	ATAA	99	CGAT	150	GCCG	201	TAGC	252	TTTA
49	ATAC	100	CGCA	151	GCCT	202	TAGG	253	TTTC
50	ATAG	101	CGCC	152	GCGA	203	TAGT	254	TTTG
255	TTTT								

1-3 عملية الإخفاء ضمن سلسلة DNA

تتكون خوارزمية الإخفاء من أربع مراحل كما في الشكل (2).

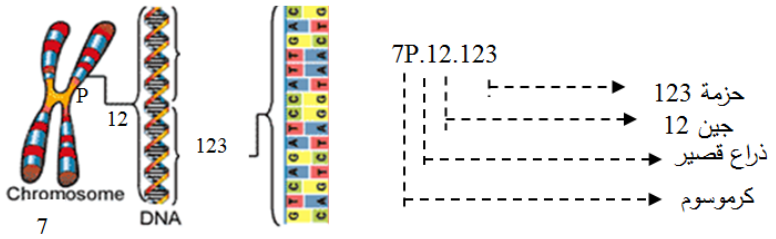
المرحلة الأولى: اختيار وتهيئة سلسلة DNA

- المدخلات: سلسلة S_i DNA
- المخرجات: سلسلة S_c DNA ، Loc_k.
- الخطوات : كما ذكرنا سابقا إن الكائنات الحية تنقسم على قسمين وهما بدائية النواة وحقيقة النواة، وأن سلسلة DNA في حقيقة النواة تكون موجودة ضمن النواة وعلى شكل كروموسومات وبأعداد مختلفة حسب الكائن الحي، وهذه الكروموسومات تحتوي بدورها على مجموعة من الجينات وكل جين مسؤول عن وظيفة معينة مثلاً إنتاج بروتين معين. والجين بدوره عبارة عن شريط DNA مزدوج يحتوي على مجموعة من المواقع منها ما تسمى (بالايكسونات) وأخرى تسمى (بالانترونات). حيث أن مناطق الايكسونات هي التي تترجم (تشفر) لينتج الأحماض الأمينية ومنه البروتين وليس الإنترونات في حين أن سلسلة DNA في بدائية النواة تكون موجودة ضمن الخلية نفسها تسبح بشكل دائري وتتضمن مجموعة من الجينات، أما الفرق عن حقيقة النواة أنها لا تحتوي على انترونات بل مناطق الايكسونات فقط التي تشفر مباشرة إلى أحماض أمينية.



الشكل (2). المخطط العام لإخفاء الرسالة ضمن سلسلة DNA (طريقة استبدال الطفرة الصامتة)

إذا كان الاختيار لسلسلة DNA من حقيقة النواة فيتم اختيار رقم الكروموسوم ومنه الذراع ومنه رقم الجين ومنه الحزمة وتكتب بالشكل الآتي:



يمكن الاستفادة من بعض المواقع التي تنشر معلومات عن تسلسلات DNA للبروتينات والإنزيمات ومنها موقع (EBI) [10] لغرض التطبيق.

- في حالة حقيقية النواة فيتم اختيار جين مسؤول عن إنتاج بروتين معين ونجري عليه ما يجري عليه داخل الكائن الحي وهي:

1- عملية الاستنساخ: إن سلسلة DNA المأخوذة في الموقع EBI هي عبارة عن سلسلة أحادية على اعتبار أن السلسلة الأخرى متممة لهذه السلسلة.

2- عملية العزل أو الفصل: يتم فصل أو قطع مناطق الإنترونات من السلسلة وتبقى فقط مناطق الايكسونات التي يتم دمجها لتكون سلسلة جديدة (S_i) تسمى بـ mRNA .

3- عملية الترجمة: عملية تقطيع سلسلة mRNA إلى قواعد ثلاثية لتكوين الكودونات (أحماض امينية) لتكون لنا سلسلة جديدة من الكودونات (S_c) والتي تستخدم لإخفاء الرسالة السرية .

- أما إذا تم اعتماد سلسلة DNA لبدائية النواة فإننا سنبدأ في التعامل معها ابتدءا من الخطوة الثالثة والسبب يعود على إنها تحتوي على مناطق الايكسونات فقط. والشكل (3) يمثل المخطط الانسيابي لعملية تهيئة السلسلة.

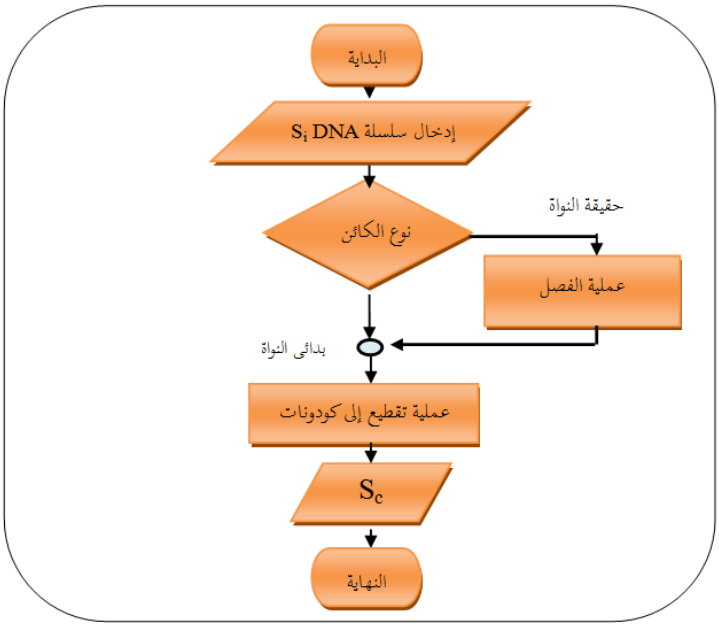
بالإمكان البحث في سلسلة S_c عن مواقع الكودونات القابلة لإنتاج نفس الحامض الاميني والاحتفاظ بهذا الموقع في مصفوفة خاصة (Loc_k) لغرض الاستفادة منه لاحقا في الإخفاء ضمن الصورة.

المرحلة الثانية: تكوين الجدول وتهيئة الرسالة السرية (مرحلة الترميز)

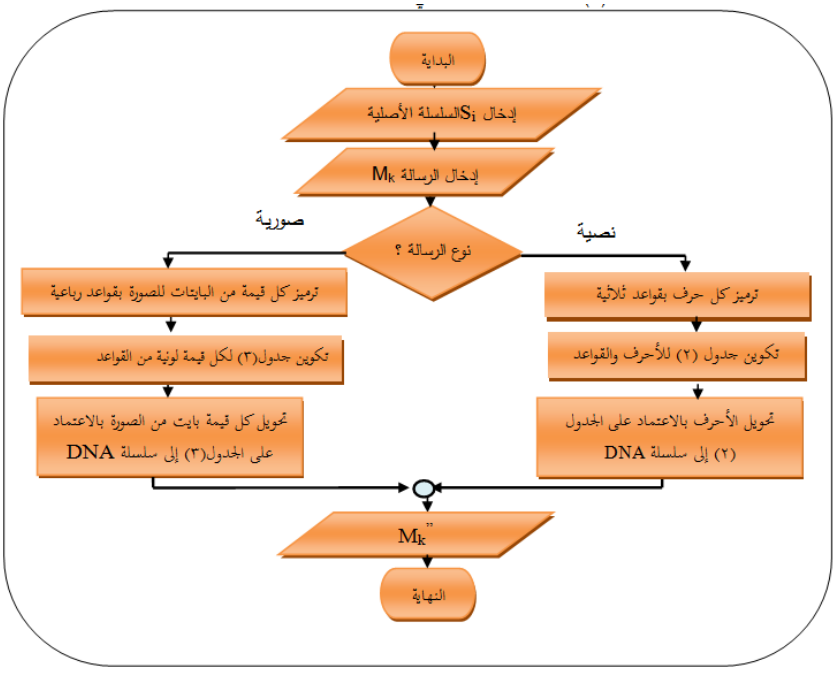
- المدخلات: سلسلة DNA S_i ، الرسالة السرية.
- المخرجات: سلسلة DNA M_k" (التي تمثل الرسالة السرية).

الخطوات: خلال هذه المرحلة يتم تكوين الجدول لترميز الرسالة السرية إلى ما يقابلها من سلسلة قصير من DNA بالاعتماد على السلسلة الأصلية S_i كما في الشكل(4).

فإذا كانت الرسالة نصية فيتم تقطيع السلسلة إلى قواعد ثلاثية وحسب ما يقابلها من الأحرف الأبجدية بالإضافة إلى الرموز والأرقام وكما في الجدول (2). أما إذا كانت الرسالة صورية فيتم ترميزها عن طريق تقطيع السلسلة الأصلية S_i إلى قواعد رباعية لتغطية كل الاحتمالات الممكنة لقيمة Pixel التي تمثل عنصر الصورة وهكذا بالتتابع وكما في الجدول (3). في كلا الحالتين (إذا كانت الرسالة نصية أو صورية) ينتج لدينا سلسلة من القواعد النتروجينية"M_k كما موضح في الشكل (4).



الشكل(3). يمثل المخطط الانسيابي لعملية تهيئة سلسلةDNA



الشكل (4). مخطط يوضح تكوين الجدول وتهيئة الرسالة السرية

المرحلة الثالثة: تطبيق الإخفاء ضمن سلسلة DNA

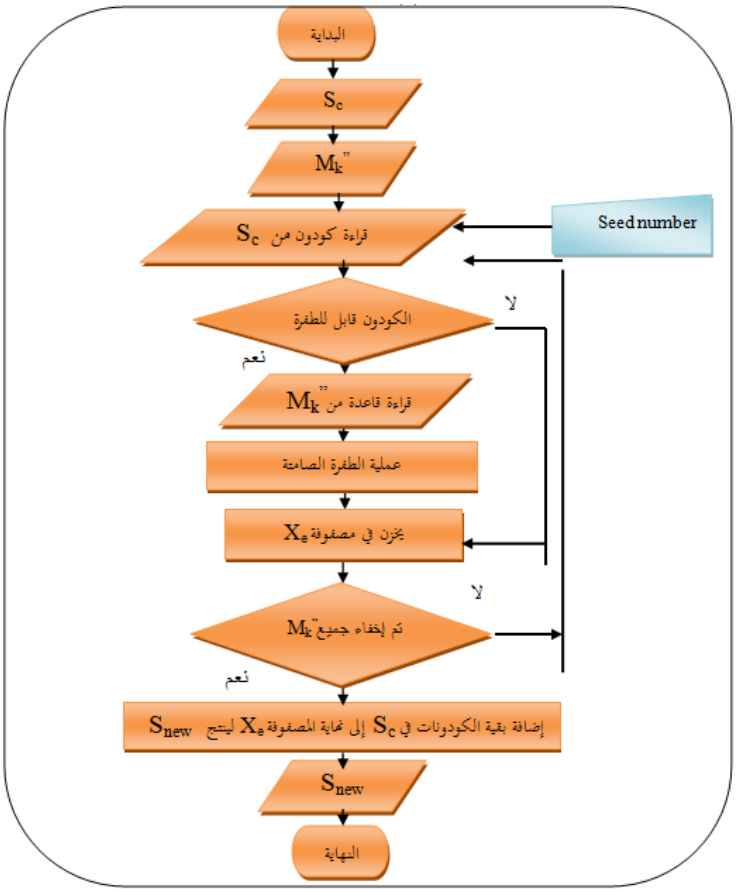
- المدخلات: M_k" ، S_c.
- المخرجات: سلسلة جديدة تحتوي على الرسالة السرية S_{Acid}.
- الخطوات:

1- خطوة اختيارية لزيادة سرية الإخفاء وهو اختيار البذرة Seed number لتحديد الموقع الذي بدأ منه عملية إخفاء الرسالة السرية.

2- البحث في سلسلة S_c عن الكودونات القابلة لإنتاج نفس الحامض الاميني حسب الجدول(1) واستبدال أخر قاعدة لها بأحد قواعد سلسلة الرسالة السرية الجديدة "M_k".

3- الاستمرار بتكرار هذا العمل حتى الانتهاء من سلسلة S_c .

4- الناتج هو عبارة عن سلسلة جديدة للـــ DNA (S_{new}) والتي تشمل السلسلة الأصلية مخفيا بها الرسالة السرية. والشكل(5) يبين الخطوات للمرحلة الثالثة.



الشكل (5). مخطط يوضح عملية الإخفاء ضمن سلسلة DNA

المرحلة الرابعة: طرائق الإرسال

- المدخلات: S_{new} ، الوسط الناقل
- المخرجات: Stego.
- الخطوات: هنالك العديد من الوسائل لنقل السلسلة الناتجة S_{new} ، حيث يمكن نقل السلسلة:

❖ In Silico [15] ومعناه بشكل Digital عن طريق الانترنيت وذلك إما بصورتها الموجودة حاليا أو إخفائها في أحدى ملفات الوسائط المتعددة (Multimedia) لزيادة قوة الإخفاء.

❖ In Vitro [9] ومعناه بشكل طبيعي (أنبوب اختبار) خارج الكائن الحي عن طريق وضعها ضمن وسط خاص وهذا يتطلب وجود فريق مختص من كلا الفريقين (علوم الحاسوب وعلوم الحياة).

خلال هذا البحث تم إخفاء السلسلة الناتجة S_{new} ضمن صورة وبأنواع مختلفة منها (PNG , BMP) باستغلال تقنية البت الأقل أهمية (LSB) وبتقنية عشوائية.

3-2 مثال توضيحي لطريقة الاستبدال في الطفرة الصامتة (عملية الإخفاء)

للتوضيح يمكن اختيار سلسلةDNA بدائية النواة لبكتيريا(إيكولاي *E.Coli*) معروفة التسلسل من الموقع EBI على إن يتم الاتفاق عليها بين الطرفين.

S_i=ATGAACGGCTCGCCCGGTCTGGTCTACATGGAGTCGGTGGCC...

بعد تقطيع سلسلة S_i إلى كودونات تنتج سلسلة جديدة S_c.

S_c=ATG AAC GGC **TCG CCC GGT CTG GTC** TAC ATG GAG **TCG** GTG **GCC** .....

لغرض تحديد طول الرسالة السرية(النصية) (M_k) تم إضافة ! إلى نهاية الرسالة.

M_k= Silent Mutation Method!

بعد ترميز كل حرف وبما يقابلها من الكودون حسب الجدول(2) تنتج :

M_k"= CAG AGA AGT ACA ATC CAT .....TAT.

عملية إخفاء M_k" ضمن الكودونات القابلة للطفرة

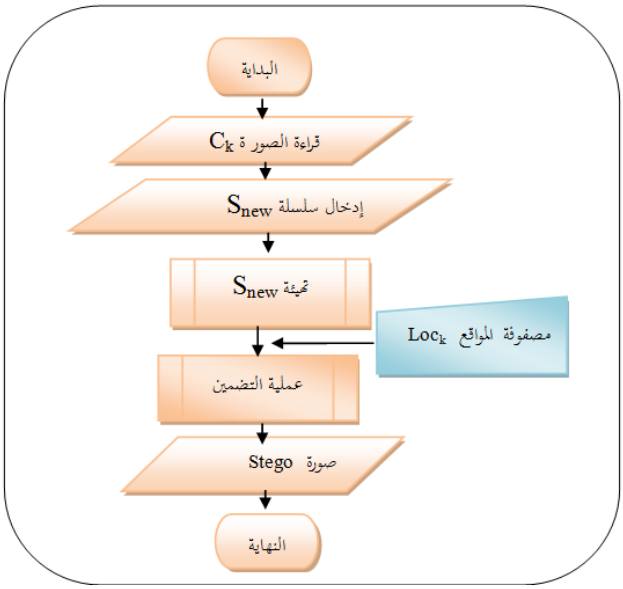
S_{new}= ATG AAC **GGC TCA CCG**.....

بالإمكان استخدام جدول(1) لتحويل سلسلة S_{new} إلى سلسلة من الأحماض الامينية S_{Acid}

S_{Acid}=MNG2S3P4.....

3-3 الإخفاء في الصور الملونة

خلال هذا البحث تم إخفاء السلسلة الناتجة S_{new} ضمن صورة C_k (رقمية) وبأنواع مختلفة منها , (PNG BMP) باستغلال تقنية البت الأقل أهمية (LSB) وبتقنية عشوائية والشكل (6) يوضح المخطط العام لعملية الإخفاء والتي تمر بثلاث مراحل.

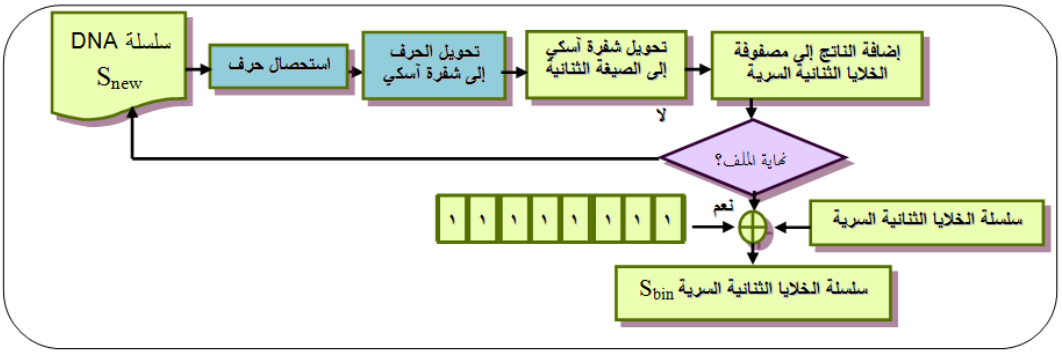


الشكل(6). مخطط العام لعملية الإخفاء ضمن الصورة ملونة

المرحلة الأولى: تهيئة سلسلة S_{new}.

- المدخلات:سلسلة S_{new}.
- المخرجات: سلسلة ثنائية S_{bin}.

- الخطوات: يتم تحويل سلسلة S_{new} إلى ما يقابلها من الـ ASCII ومن ثم إلى أعداد ثنائية S_{bin} ليسهل إخفائها ضمن الغطاء كما في الشكل (7).



الشكل (7). عملية تهيئة السلسلة S_{new}

المرحلة الثانية: اختيار الغطاء C_n

يتم اختيار صورة غطاء $\mathbf{C_n}$ مناسب بحجم الرسالة المرسلة.

المرحلة الثالثة: عملية الإخفاء

- المدخلات: سلسلة ثنائية S_{bin} ، صورة غطاء $\mathbf{C_n}$ ، Loc_k .
- المخرجات: صورة Stego C_n^{New}.
- الخطوات: اختيار المواقع ضمن الصورة للإخفاء حسب قيم مصفوفة المواقع Loc_k.

إذا كان عدد مواقع المصفوفة Loc_k غير كاف لإتمام العملية يصار إلى إضافة قيم Loc_k الأولية إلى قيم Loc_k الأخيرة بحيث تنتج قيم جديدة لـ Loc_k وهكذا حتى الانتهاء من عملية الإخفاء.

مثال:

Loc_k=[2,5,7,8,12……350] [352,355,357,358,362.

بعد عملية الإخفاء ينتج غطاء جديد C_n^{New} يحتوي على سلسلة S_{new}.والشكل (8) يوضح ذلك.

3-4 استرجاع سلسلة DNA من الصور الملونة

- المدخلات: الصورة stego-image، Loc_k.
- المخرجات: سلسلة DNA S_{stego}.
- الخطوات :

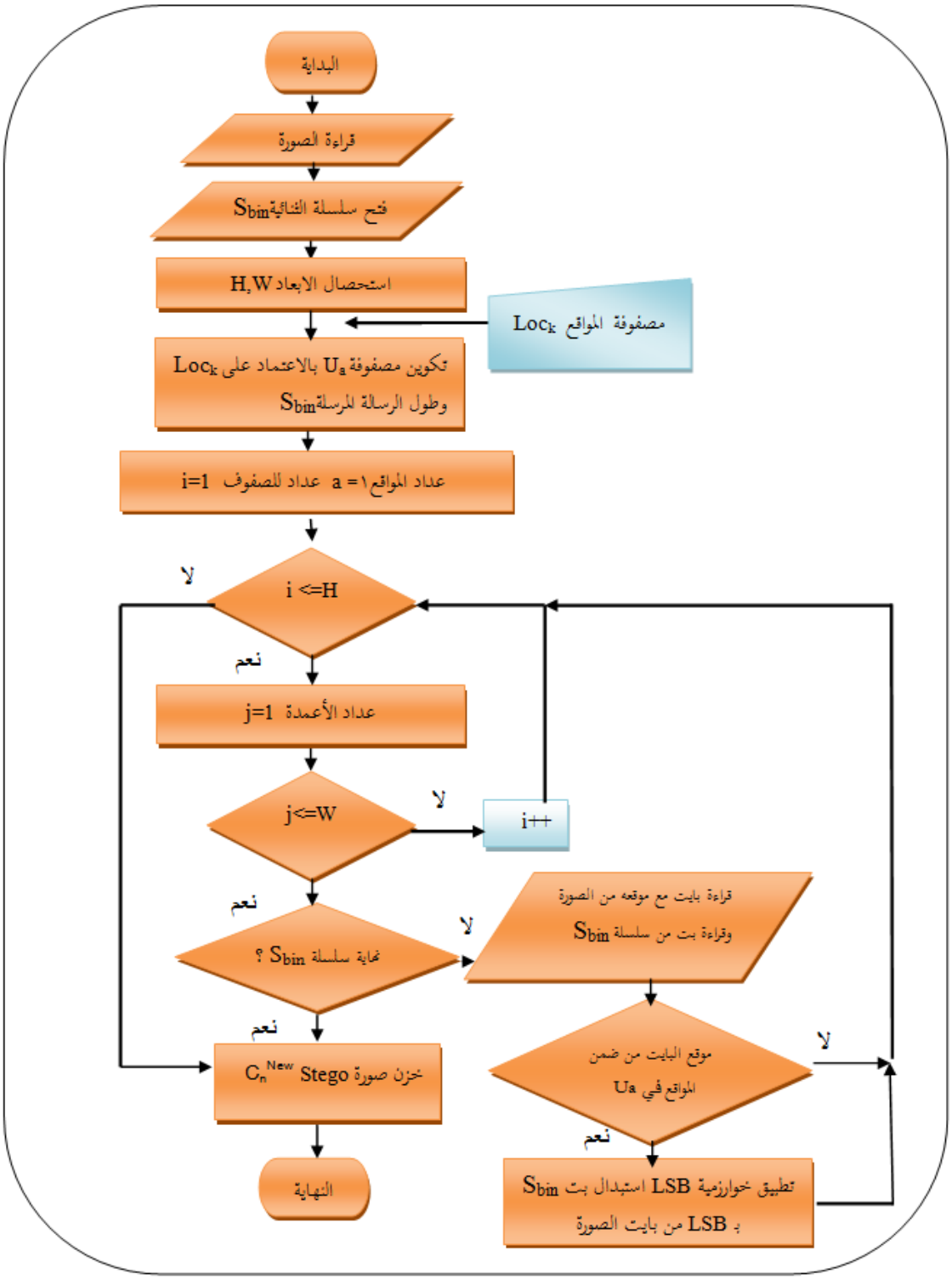
1- معرفة المواقع العشوائية المتفق عليها بين الطرفين Loc_k.

2- من خلال أول 16 بت والمتضمنة طول الرسالة الثنائية X، بالاعتماد عليها وعلى Loc_k تنتج مصفوفة المواقع العشوائية R_m.

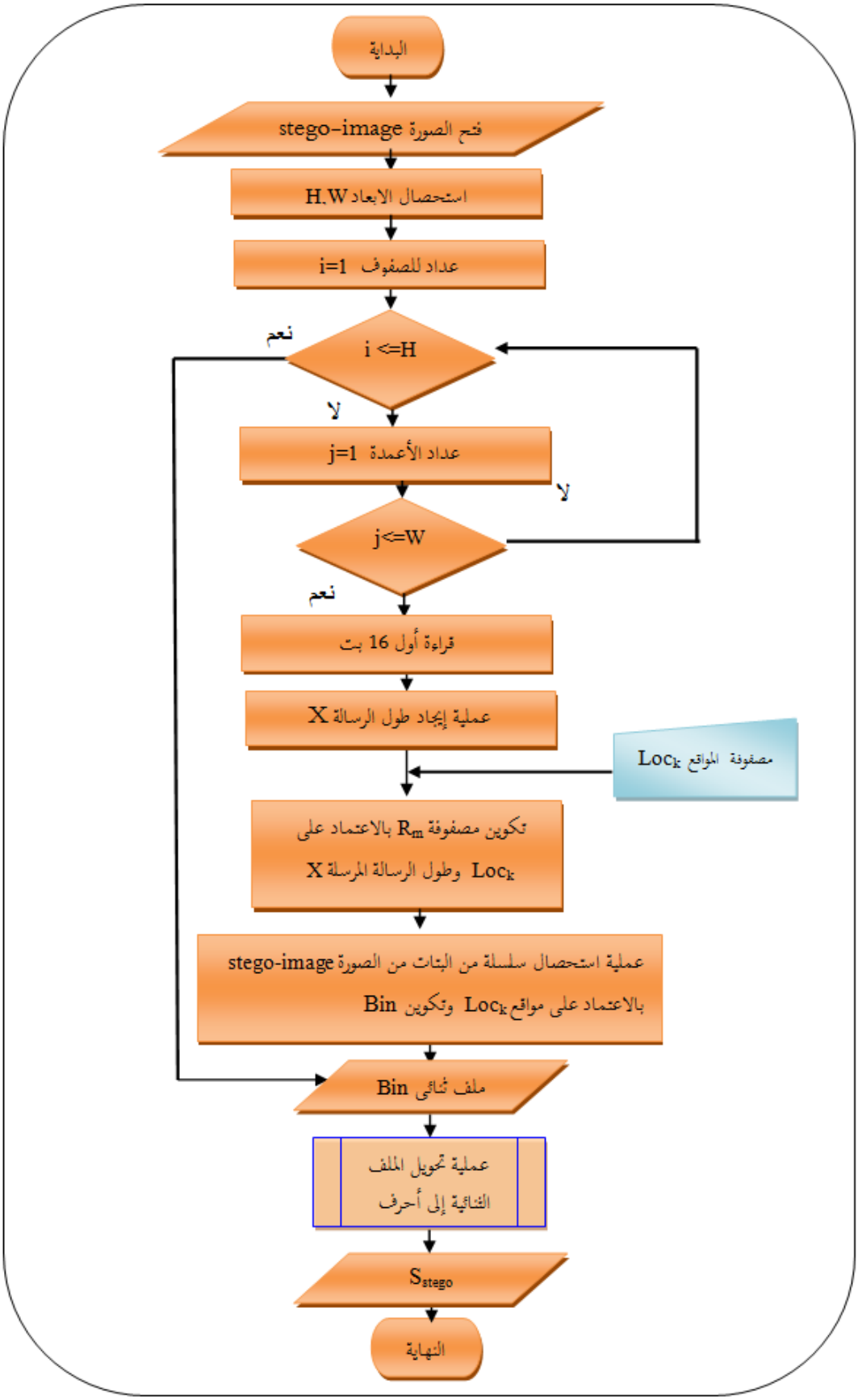
3- قراءة بايت من الصورة ومقارنتها مع مواقع R_m فإذا كانت مطابقة يتم استحصال البت الأول (LSB) من البايت ووضعها ضمن المصفوفة جديدة.

4- نستمر بالعملية السابقة ولحين الوصول إلى (البايت=255) والتي تدل على نهاية الرسالة ضمن الصورة عندها تتم عملية خزن السلسلة الثنائية ضمن المصفوفة Bin والشكل (9) يوضح لك.

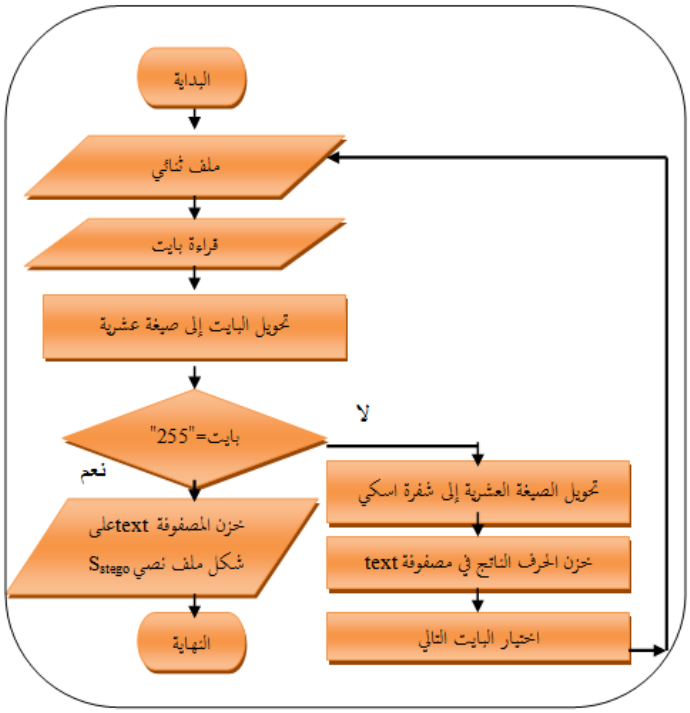
5- تحويل المصفوفة الثنائية Bin إلى character's (أحرف) وخزن النتيجة النهائية ضمن ملف نصي S_{stego} والشكل (10) يوضح عملية تحويل السلسلة الثنائية إلى أحرف



الشكل (8). عملية الإخفاء ضمن الصورة بنوعيها BMP،PNG



الشكل (9). يوضح عملية استرجاع سلسلة DNA S_{stego} من الصورة الملونة



الشكل (10). تحويل الملف الثنائي إلى أحرف

3-5 استرجاع الرسالة السرية من سلسلة S_{stego} DNA

- المدخلات: ملف نصي (سلسلة S_{stego})
- المخرجات:الرسالة السرية M .
- الخطوات :

إذا كان الإرسال عبارة عن سلسلة من الأحماض الامينية في البداية يجب تحويل سلسلة S_{stego} إلى سلسلة DNA بالاعتماد على الجدول(1).

1- تقطيع سلسلة DNA إلى كودونات.

2- يتم البحث في السلسلة عن الكودونات القابلة لإنتاج نفس الحامض الاميني واستحصال أخر قاعدة منها ووضعها ضمن مصفوفة S .

3- نستمر مع المقارنة مع الكودون (TAT=!) (نهاية السلسلة).

4- بالاعتماد على مصفوفة S المتضمنة للرسالة السرية يتم استرجاع النص السري أو الصوري بالاعتماد على الجدولين ((2) و (3)). والشكل(11) يوضح عملية استرجاع الرسالة السرية.

3-6 مثال توضيحي لاسترجاع الرسالة السرية لطريقة استبدال الطفرة الصامتة

لاسترجاع الرسالة السرية من سلسلة S_{stego} DNA لاحظ الشكل(9).

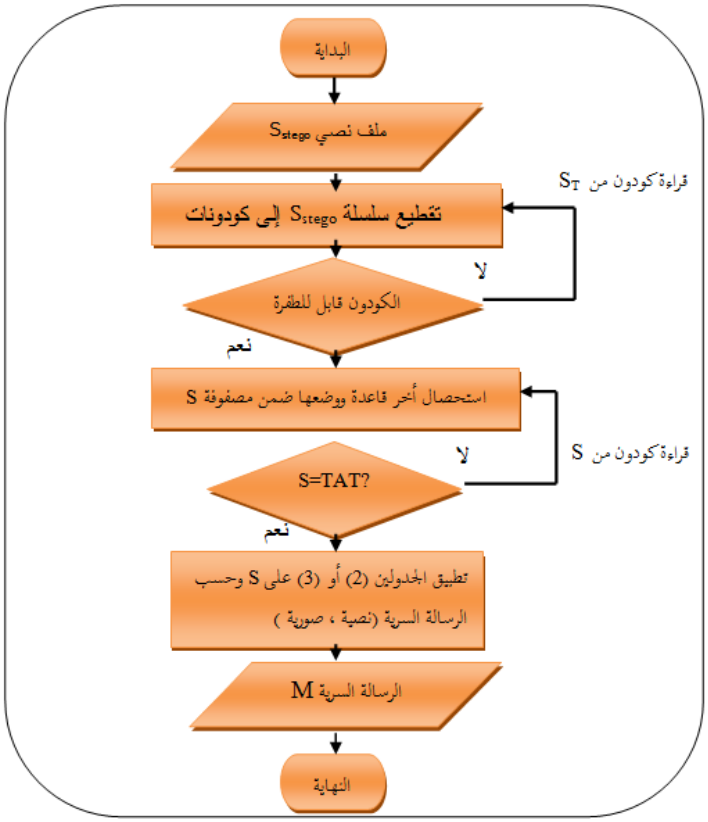
S_{stego} = ATG AAC **GGC TCA CCG**.....

نأخذ فقط أخر قاعدة من الكودونات القابلة للطفرة ونتوقف عند S=TAT

S= **CAG** .....

بالاعتماد على الجدول (2) تكون النتيجة النهائية

M= S.....



الشكل (11). استرجاع الرسالة السرية من سلسلة S_{stego}

4- النتائج

هنالك العديد من الاختبارات والمقاييس لإخفاء الرسالة السرية (نصية وصورية) بأحجام وبأطوال مختلفة ضمن سلسلة DNA، تم عرض قسم من هذه المقاييس ضمن الوسائط المتعددة (صورة) وبنوعيها BMP وPNG

لكي يكتشف المحلل الرسالة السرية فانه يحتاج إلى المعلومات التالية:

- معرفة قانون المتمم؟
- معرفة طريقة العمل (كودون الطفرة الصامتة)؟
- معرفة نوع الترميز للرسالة السرية؟

4-1 مقاييس تتعلق بسلسلة DNA

1- تحليل القوة: وتعني احتمالية (Cracking) تخمين المتطفل للوصول إلى الرسالة السرية الموجودة ضمن سلسلة DNA.[13]

فإذا كانت الرسالة المرسلة نصاً تكون الاحتمالية بمعادلة الآتية:

$$\text{Crack probability} = 1/L * 1/P * 1/C \quad \ldots(1)$$

- C=8: تمثل عدد احتمالات المتمم المستخدم في الخوارزمية.
- P=64!: تمثل احتمالية ترميز الأحرف كما في الجدول (4-2).
- $L=1.63*10^8$: تمثل الاحتمالية الكلية لطول سلسلة DNA .

إضافة إلى وجود بعض المفاتيح في حالة استخدام سلسلة DNA لكائن بدائي النواة أو حقيقي النواة

مفاتيح حقيقي النواة	مفاتيح بدائي النواة
• **رقم الكروموسوم.** • **الذراع: هل تم استخدام الذراع القصير أم الطويل.** • **اختيار جين ومنه اختيار حزيمة.** • **اختيار رقم البدرة** (Seed number) .	• **رقم الجين المختار.** • **اختيار رقم البدرة** (Seed number) .

أما اذا الرسالة المرسلة عبارة عن صورة فتكون المعادلة :

Crack probability =1/ L * 1/ P * 1/ C …(2)

في هذه الحالة تكون الاحتمالية كما سبق في حالة الرسالة النصية ماعدا:

- **P=256!** : تمثل احتمالية ترميز قيم البكسلات كما في الجدول (3). مع بقاء وجود المفاتيح السابقة.

2- تحليل السعة: وتشمل عدة مقاييس:

- السعة Capacity: ويقصد بها طول سلسلة DNA بعد إضافة الرسالة السرية

السعة = طول سلسلة DNA للجين …(3)

- الحمل Upload : ويقصد به مقدار الكمية المضافة إلى السلسلة الأصلية.

الحمل = 0 …(4)

المعدل Average : ويقصد به معدل إدخال الرسالة السرية بالنسبة إلى سلسلة DNA الأصلية .

المعدل= M_i^* / S_i^* × 2 (NPC) …(5)

الوحدة التي تقاس بها هي (NPC): قاعدة(N) لكل كودون (C).

M_i^*: الرسالة السرية المهيأة للإرسال ضمن سلسلة DNA.

S_i^*: السلسلة الأصلية المهيأة لتضمين الرسالة فيها.

الجدول(4) يبين بعض الأمثلة التوضيحية لهذه المقاييس لجينات كائنات بدائية النواة معروفة السلسلة ضمن موقع EBI.

الجدول(4) يبين بعض الأمثلة التطبيقية للمقاييس السابقة لرسالة نصية حجمها KB20

الجين	طول السلسلة	السعة	الحمل	NPC المعدل
AC153	200117	200117	0	1.22
AC166	149884	149884	0	2.46
AC167	204841	204841	0	1.19
AC189	191456	191456	0	1.28

في هذه الدراسة تم إضافة مقاييس أخرى هي:

3- الهيئة الناتجة بعد إخفاء الرسالة داخل سلسلة DNA

إن الهيئة الناتجة بعد إخفاء الرسالة في سلسلة DNA يتم أرسلها كآلاتي:

- بصيغة سلسلة DNA.
- بصيغة سلسلة من الأحماض الأمينية.

4- وسط إرسال السلسلة الحاملة للرسالة السرية

- In Silico.

- In Vitro .

الجدول(5) يوضح نتائج مقارنة عملنا الحالي مع طرائق أخرى.

الجدول(5) مقارنة بين الطرائق

الطرائق	تحليل	تحليل السعة	الوسط	هيئة الإرسال
Leier[16,12]	متوفر	غير متوفر	غير متوفر	سلسلة DNA
Shimanaisky[4]	غير متوفر	غير متوفر	غير متوفر	أرقام حقيقة
Chang[13]	غير متوفر	متوفر	غير متوفر	سلسلة مكبوسة DNA
Hung[13]	متوفر	متوفر	غير متوفر	سلسلة DNA
Current Work	متوفر	متوفر	متوفر	إما سلسلة DNA أو سلسلة من الأحماض

وتبين من خلال النتائج مما يلي:

- ✓ إن طريقة Leier وآخرون لم يتطرقوا إلى أي ميزة من المميزات السابقة ماعدا ميزة تحليل القوة والتي تستند إلى مفتاح خاص والتي هي عبارة عن سلسلة قصيرة من سلسلة DNA والتي تسمى بالبادئ (Primer) وهيئة إرسال السلسلة تكون كسلسلة DNA ولم يفصل كيفية إرسالها.
- ✓ إن طريقة Shimanaisky وآخرون تتضمن الإخفاء ضمن mRNA وتطرقوا إلى هيئة الإرسال بتحويل سلسلة DNA إلى أرقام حقيقة من خلال معاملة خاصة لسلسلة DNA .
- ✓ طريقة Chang وآخرون ذكروا طريقتين لإخفاء البيانات ضمن سلسلة DNA والتي تستند إلى Software view، طريقتنا تحليل السعة (المعدل) والمقاسة بـ bpn (bit per nucleotide). وهذا مختلف عن طريقتنا المقاسة بـ (npc)، أما هيئة إرسال فكانت عبارة عن سلسلة DNA مكبوسة.
- ✓ أما Hung وآخرون استخدموا ثلاث طرائق لإخفاء البيانات ضمن سلسلة مأخوذة من موقع EBI وتطرقوا إلى تحليل القوة والسعة وهيئة الإرسال.

تم الاعتماد في دراستنا الحالية على المقاييس التي استخدمها Hung للمقارنة لكونها الأحدث والأفضل من الطرائق السابقة، فكانت تطبيق الطريقة المقترحة من تحليل قوة وتحليل سعة أفضل من الطرائق السابقة.

4-2 مقاييس تتعلق بالإخفاء في الصورة

بعد إتمام إخفاء الرسالة في سلسلة DNA يتم إرسالها إلى الطرف ضمن إحدى الوسائط المتعددة، في هذا البحث تم إخفاؤها ضمن صورة من نوعين (BMP) و(PNG) وبأحجام مختلفة وإن عملية الإخفاء ضمن مواقع عشوائية ضمن الصورة بالاعتماد على مواقع للكودونات القابلة للطفرة Loc_k ، تم خلال هذه الطريقة التطرق الى عدة مقاييس منها PSNR و BER [17] .

أ- مقياس نسبة ذروة الإشارة إلى الضوضاء Peak-Signal-to-Noise-Ratio (PSNR)

ويحسب MSE من خلال المعادلة الآتية:

$$PSNR = 10\log_{10}\left(\frac{C_{\max}^2}{MSE}\right) in\, dB \quad \ldots(6)$$

$$MSE = \frac{1}{MN}\sum_{x=1}^{M}\sum_{y=1}^{N}(S_{xy} - C_{xy})^2 \quad \ldots(7)$$

علما أن M, N: تمثلان أبعاد الصورة

S_{xy}, C_{xy}: تمثلان الصورة الأصلية والغطاء stego-image على التوالي.

C_{max}: أعلى قيمة لونية في الصورة تساوي 255 [18].

ب- معدل نسبة الخطأ Bit-Error Rate (BER) [19]

BER=Error extracted bit /Total embedded bit × 100 …(8)

فكانت نتائج تضمين السلسلةS_{new} ضمن صورة ملونة من نوع PNG كما هو مبين بالجدول(6) في حالة استخدام سلسلة طولها 4038 قاعدة.

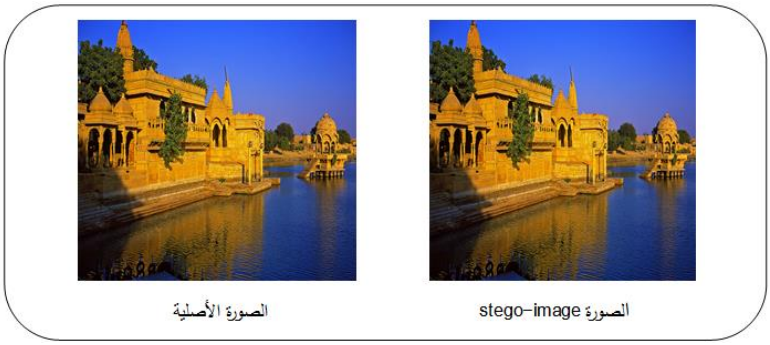
الجدول (6). نتائج إخفاء سلسلة DNA S_{new} في صور ملونة ذات امتدادPNG

ت	الصورة الأصلية Ck	أبعاد الصورة	حجم الصورة	طول سلسلة DNA (Byte)	صورة Stego-	PSNR in db	BER%
1	Chin	500×376	379KB	4038	324KB	60.58	0
2	Person	500×333	373KB	=	287KB	60.08	0
3	Photo	600×300	228KB	=	198KB	60.29	0
4	Motor	512×512	630KB	=	568KB	62.04	0
5	Ghouse	400×400	391KB	=	318KB	59.90	0

ومن ملاحظة الجداول (6)

- تم احتساب قيمة PSNR بين الصورة الغطاء والصورة stego-image جيدة وحققت بذلك نسبة عالية في عدم القدرة على تمييز الغطاء عن stego-image أو بمعنى آخر عدم القدرة على الاكتشاف.
- تشير قيم BER إلى أنه تم استرجاع الرسالة النصية (سلسلة DNA) بالكامل من دون أخطاء.

ويعرض الشكل (12) نموذجا لصورة ذات امتداد PNG من صور الاختبار.



الشكل(12). إخفاء سلسلة DNA طولها 4038 قاعدة في الصورة (Ghouse.png)

فكانت نتائج تضمين السلسلة S_{new} ضمن صورة ملونة من نوع BMP كما هو مبين بالجدول(7) في حالة استخدام سلسلة طولها 4038 قاعدة.

الجدول (7). نتائج إخفاء سلسلة DNA S_{new} في صور ملونة ذات امتدادBMP

ت	الصورة الأصلية Ck	أبعاد الصورة الأصلية Pixel	حجم الصورة	طول سلسلة DNA	صورة Stego-image	PSNR in dB	BER %
1	Football	512×512	768KB	4038	768KB	62.07	0
2	Cartoon	800×450	197KB	=	197KB	62.20	0
3	House	600×401	704KB	=	704KB	61.64	0
4	City	800×500	1.41MB	=	1.41MB	63.88	0
5	Fly	400×400	468KB	=	468KB	60.25	0

ومن ملاحظة الجداول (7) يتبين الآتي:

- تم احتساب قيمة PSNR بين الصورة الغطاء والصورة stego-image جيدة وحققت بذلك نسبة عالية في عدم القدرة على تمييز الغطاء عن stego-image أو بمعنى آخر عدم القدرة على الاكتشاف.
- تشير قيم BER إلى أنه تم استرجاع الرسالة (سلسلة DNA S_{stego}) بالكامل من دون أخطاء.

ويعرض الشكل (13) نموذجا لصورة ذات امتداد BMP من صور الاختبار.

الشكل (13). إخفاء سلسلة DNA طولها 4038 قاعدة في الصورة (House.bmp)

جدول (8). ملخص النتائج من تطبيق إخفاء سلسلة DNA طولها 4038 قاعدة في الصورة

امتداد الصورة	الصورة الأصلية	أبعاد الصورة الأصلية (pixel)	PSNR in Db	BER%	زمن الإخفاء (sec)	زمن الاستخلاص (sec)
PNG	Motor	512×512	62.04	0	3	3
BMP	Football	512×512	62.07	0	3	3
PNG	Photo	600×300	60.29	0	3	3
BMP	House	600×401	61.64	0	3	3
PNG	Ghouse	400×400	59.90	0	3	3
BMP	Fly	400×400	60.25	0	3	3

يمكن تلخيص ما تم الحصول عليه من نتائج في الجداول السابقة بالجدول (8)

أجريت التجارب باستخدام نظام حاسوبي من نوع Pentium4 بمواصفات (RAM =2GB ،CPU = 2.13GHz)

5- الاستنتاج

1- تعد سلسلة DNA وسطاً جيد جداً لإخفاء الرسالة السرية.

2- من البديهيات أن العمل مع سلسلة DNA يتطلب معرفة كاملة وخلفية نظرية في البايولوجي الجزيئي.

3- من الصعوبة كشف المحلل لسلسلةDNA الحاملة للرسالة السرية والمتفق عليها بين الطرفين والمأخوذة من قاعدة البيانات EBI بسرعة لانها تحتوي على مايقارب من 163 مليون سلسلة DNA لكائنات مختلفة.

4- من نقاط القوة للطريقة الجديدة هو ثبوت طول سلسلة الـ DNA وأشكالها وترتيبها قبل وبعد الإخفاء.

5- بالإمكان نقل سلسلة DNA الحاملة للرسالة السرية ضمن وسط من الوسائط المتعددة مما أعطى أمنية أعلى للطريقة.

6- تم اعتماد مواقع الكودونات (نفسها) نقاطاً عشوائية لغرض الإخفاء مما أضافة درجة أمنية أعلى للطريقة.

7- بالإمكان نقل سلسلة DNA الحاملة للرسالة السرية بالطريقة البيولوجية أو الحاسوبية.

8- إن العمل على سلسلة DNA حقيقي النواة (الإنسان) تحتاج إلى جهد أكثر من العمل على سلسلة DNA لكائن بدائي النواة مما تعطي سرية عالية وجهد اكبر نتيجة الطبيعية البيولوجية لكل منهما.

المصادر

[1] Al-Husainy M.A.F., (2009), "Image Steganography by Mapping Pixels to Letters", J. Computer Sci., Vol. 5, No. 1, pp.33-38.

[2] Prasad M. S. and etal., (2009), "A Novel Information Hiding Technique For Security By Using Image Steganography", Journal of Theoretical and Applied Information Technology, Vol. 8, No. 1, pp.35-39.

[3] Motameni H. and etal, (2007), "Labeling Method in Steganography", World Acad. Sci. Eng. Technol., Issue 30, pp. 349-354.

[4] B. Shimanovskg, J. feng, M. potkonjak, (2002), "Data Hiding in DNA", international workshop on information Hiding, pp. (373-386).

[5] Du W. C. and Hsu W. J., (2003), "Adaptive Data Hiding Based on VQ Compressed Images", IEE Proc.-Vis. Image Signal Process., Vol. 150, No. 4, pp. 233-238.

[6] Rocha A., and Goldenstein S.,(2008), "Steganography and Steganalysis in Digital Multimedia: Hype or Hallelujah?", RITA,Vol. 15, No. 1, pp.83-110.

[7] Bharti V., and Snigdh I., (2008), "Practical Development and Deployment of Covert Communication in IPV4", Journal of Theoretical and Applied Information Technology, Vol. 4, No. 6, pp.466-437.

[8] القاري، سمير حسن، (2007)، "محاضرة الثانية في مادة الخلية والوارثة، جامعة الزرقاء، الأردن.

[9] العباسي، رغد رياض شفيق، (2008)، "التغيرات الحيوية في خصائص الـ DNA لبكتريا Escherichia coli بعد تكسيره واستخدامه في الكلونة"، بحث ماجستير، قسم علوم الحياة، كلية العلوم، جامعة الموصل، العراق.

[10] http://www.ebi.ac.uk ,(2011),European Bioinformatics Institute.

[11] البكري، غالب حمزة، 1991، مبادئ الهندسة الوراثية، كلية العلوم، جامعة البصرة، العراق.

[12] Dominik H. and Angelika . B, (2007) , "DNA-based watermarks using the DNA cryptoalgorithm" , BMC Bioinformatics . VOL . 8 , Germany

[13] Lee. CH. Hung, and et al., (2010), "Data Hiding Methods based upon DNA sequence", information Sciences, pp.(2196-2208), Journal homepage. www.elsvier.com Locate / ins, Taiwan .

[14] الخفاجي، زهرة محمود، (2008)، التقنية الحيوية الميكروبية (توجيهات جزيئية) جامعة بغداد، العراق.

[15] Felix. B., (2006), "on the Embedding Capacity of DNA strands under substitution and Deletion Mutations", school of computer Science & informatics, university, college Dublin , Belfield -Compus, Dublin, Ireland.

[16] A.Leier and etal , (2000), "Cryptography with DNA binary Stands", Biosystems. V. 57, pp (13-22).

[17] عبدالمجيد، أنسام أسامة،2011،"طريقة جديدة للكتابة المغطاة في الصور المكبوسة بالتكميم ألاتجاهي"، رسالة ماجستير، علوم الحاسوب،كلية علوم الحاسوب والرياضيات،جامعة الموصل، العراق

[18] Cheddad and etal., (2010),"Digital Image Steganography: Survey and Analysis of Current Methods", Signal Processing , Vol.90, Issue 3, pp.727–752.

[19] نوري، احمد سامي، (2006)، "تقصي تغطية المعلومات في الصور ألمتحركة"، رسالة دكتوراه، علوم الحاسوب، كلية علوم الحاسوب والرياضيات، جامعة الموصل، العراق.