DNA Sequences as a Medium for Steganography Method of Codon Frequency with Character Frequency

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

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

Received on: 12/09/2011 **Accepted on: 02/11/2011**

ABSTRACT

The present study included an application of new method of steganography using DNA sequence as a medium for hiding. This method is considered as 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.

A Sequence of DNA has been synthesized chemically depending on the text secret message via using tables of symbols formed from English letter, numbers and special characters. Each symbol has been represented on codon and the symbols were arranged in the table in descending order depending on English letter frequency and codon frequency (Genes).

The DNA sequence has been synthesized by Korean Bioneer Company (sender), then the sequence has been read in university of fatih (the receiver) by DNA Sequence 3310, the results revealed high similarity between sequence of the sender and receiver. And proved that the method is protected very well against analysis and stegoanalysis.

Keywords- Steganography, DNA Sequence, Genes, Steganalysis.

تسلسلات DNA كوسط لإخفاء المعلومات
طريقة تردد الكودونات مع تردد الأحرف

سعدون حسين عبد الله
كلية العلوم / جامعة الموصل

أحمد سامي نوري
كلية علوم الحاسوب والرياضيات / جامعة الموصل

الملخص

يهدف البحث إلى تطبيق طريقة حديثة في الكتابة المغطاة Steganography وذلك باستخدام سلسلة DNA (Deoxyribonucleic Acid) وسطاً لإخفاء المعلومات كونها تعد غطاء آمنا للرسالة السرية (نصية أو صورية) المخفية ويتجنب إثارة انتباه الأشخاص غير المخولين وصعوبة استرجاعها من قبلهم لأنها تحتاج إلى جهد عالٍ ووقت طويل ومعرفة تامة بعلم الأحياء.

تم العمل على تصنيع سلسلة DNA كيميائيا بالاعتماد على الرسالة السرية النصية بالاستفادة من جدول الأحرف الانكليزية وما يقابلها من الكودونات والمبنية بالاعتماد على تردد الأحرف الانكليزية وتردد الكودونات (لجينات معينة).

تم تصنيع سلسلة DNA في شركة Bioneer الكورية (المرسل) ثم تم نقل هذه السلسلة إلى جامعة الفاتح التركية (المستلم) ليتم قراءتها بجهاز DNA Sequencer 3310 وبالفعل كانت النتائج متطابقة في الجهتين، هذه الطريقة أثبتت إنها قوية جدا ضد الكشف والتحليل.

الكلمات المفتاحية: الكتابة المغطاة، سلسلة DNA، الجينات، التحليل.

1- المقدمة

غالبا ما يحتاج مستخدموا الانترنت إلى خزن وإرسال أو استلام المعلومات السرية، والطريقة الأكثر استخداما لتنفيذ هذا الاحتياج هي بتحويل البيانات إلى شكل مختلف بحيث يمكن للأشخاص الذين يعرفون كيفية إرجاعها إلى شكلها الأصلي فهم البيانات الناتجة فقط ، وتعرف طريقة حماية المعلومات هذه بالتشفير Encryption. إن العائق الرئيس للتشفير هو وجود البيانات بصورة غير مخفية فعلى الرغم من إنه لا يمكن قراءتها لكنها ما تزال موجودة، فإذا كان هناك الوقت الكافي لشخص ما فإنه في النهاية يستطيع فتح شفرة البيانات، لذلك كان لابد من تطوير أمنية البيانات وإنشاء تقنيات جديدة، ومن هنا ظهر نظام التغطية Steganography. [1]

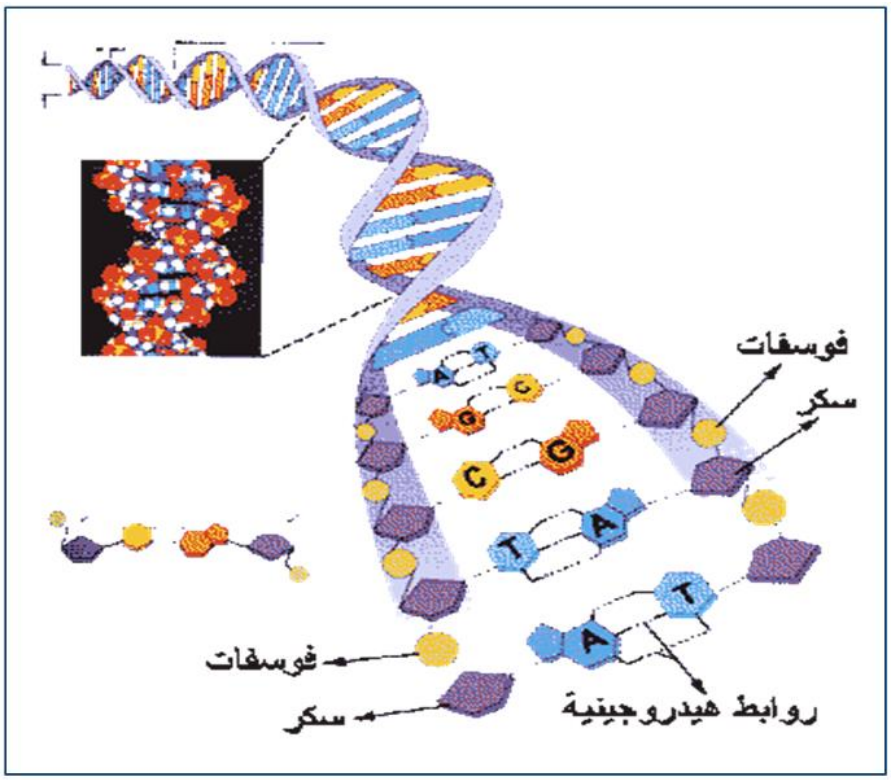
ونظام التغطية هو فن إخفاء البيانات بصورة مبهمة في بيانات أخرى، والهدف منه بصورة عامة هو إخفاء وجود البيانات بحيث إن المتطفل لا يشك بوجود بيانات مخفية أصلا، ويعتمد سر نجاح نظام التغطية على استخدام طرائق وتقنيات بعيدة عن التوقع، فضلاً عن كونه يمكن استخدامه في جميع الوسائط الحاسوبية من صور و نصوص و صوت و فيديو وحزم الشبكة، وبعكس التشفير الذي يعتمد على خوارزميات قياسية ومعروفة.[2]

2- وصف الحامض النووي DNA

يعد الحامض النووي DNA المادة الوراثية لخلايا حقيقية النواة Eukaryote وبدائية النواة Prokaryote ومعظم الفيروسات عدا بعض الفيروسات تتكون مادتها الوراثية من الحامض النووي RNA، يتكون الحامض النووي DNA من شريطين ملتفين بشكل حلزون مزدوج Double helix، كل شريط مكون من وحدات مكررة للنيوكلوتيدات والمتكونة من مجموعة فوسفات وسكر خماسي 2-deoxyribose وقواعد نايتروجينة منها البيورينات Purines متمثلة بالكوانينG والأدنين A، وقواعد البريميدينات Pyrimidines المتمثلة بالثايمينT والسايتوسين C وتعد جزيئة سكر الرايبوز بمثابة العمود الفقري لشريطي الـDNA [5, 4, 3]

ترتبط النيوكلوتيدات فيما بينها بأواصر أسترية Phosphodiester bond، ويتم تثبيت الشريطين بأواصر هيدروجينية ما بين القواعد فيتحد البيورين بالبرمدين، إذ يرتبط الأدنين مع الثيامين بآصرتين، ويرتبط الكوانين مع السايتوسين بثلاث أواصر، مستوى هذه القواعد متعامدة مع محور ليف الـ DNA، ويكون احد الأشرطة مكملاً للآخر Complementary وعلى هذا الأساس وأثناء التضاعف ينفصل الشريطان وكل شريط يعد قالباً Template، ويكون كل شريط بالنهاية مزدوجاً جديد[6،3] كما في الشكل(1) ، وفضلاً عن الأواصر الهيدروجينية يرتبط شريطا الـ DNA بالتفاعلات الكارهة للماء ما بين أزواج القواعد النتروجينية Hydrophobic interaction والتي تعمل على ثبات الحلزون المزدوج [4].

إن القطع ثلاثية النيوكلوتيد تدعى بالشفرة Codon والتي تكون مسؤولة عن إضافة حامض أميني لسلسلة متعدد الببتيد، وان العلاقة مابين الجين ومتعدد الببتيد والتي تحددها الشفرة الوراثية تكون مسؤولة عن بناء بروتين معين [7] .



الشكل (1). تركيب سلسلة DNA

2-1 جهاز قراءة سلسلة DNA (Genetic Analyzer 3310) [8]

ظهرت فكرة بناء أجهزة دقيقة تعمل على تقنية قراءة سلسلة DNA أو تحليل الجينات مع ظهور ثورة الجينات 1981 ليسهل للباحثين تقنية العمل في مجالات البحوث المختلفة إلا أن تطور الأجهزة لم يحدث إلا في الوقت الحاضر.

إن جهاز Genetic Analyzer 3310 الموضح في الشكل (2) من الأجهزة المتطورة حيث تقوم بعدة عمليات (تطبيقات) منها عملية قراءة قطع DNA وتركيب سلسلة DNA والتطفير وعملية الترحيل الكهربائي وعمليات أخرى. إن جهاز Genetic Analyzer 3310 سهل الاستخدام وسريع العمل وذو كلفة قليلة لإظهار النتائج وذو دقة عالية في النتائج، والجهاز له القابلية على قراءة 864 قاعدة في سلسلة أحادية وقراءة 1000 قاعدة / زوج في سلسلة ثنائية.

هنالك مجموعة من البرامج في الحاسوب المرتبطة مع الجهاز منها ما يستخدم لقراءة سلسلة DNA وبرنامج لعملية الطفرة وغيرها.

أن سلسلة DNA عبارة عن مجموعة من المنحنيات كل منحنٍ يمثل قاعدة وكل قاعدة تكون بلون محدد (A- لون أخضر،C- لون أزرق، G- لون أسود، T- لون أحمر) بالإضافة إلى إعطاء ملف نصي يمثل سلسلة DNA.

الشكل (2). جهاز قراءة سلسلة DNA (Genetic Analysis) DNA Sequencer 3310

2-2 التفاعل التضاعفي لسلسلة الـ DNA Polymerase Chain Reaction(PCR)

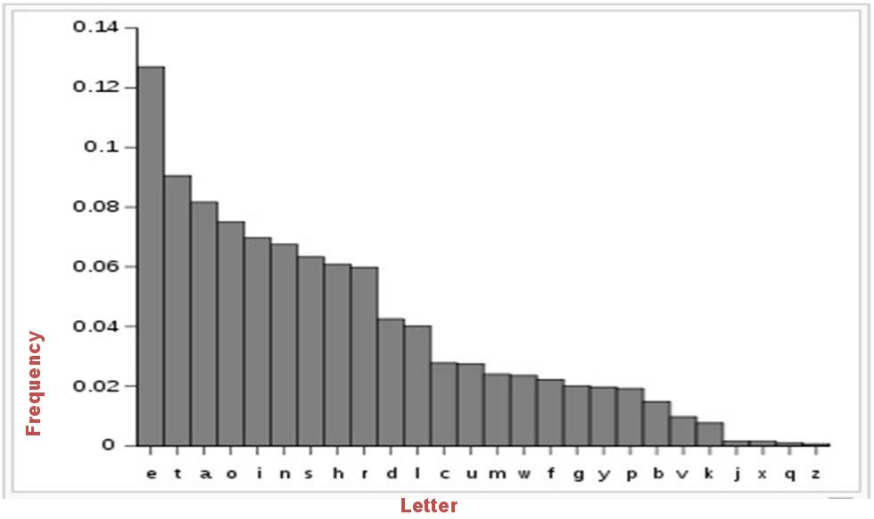
PCR من التقنيات المهمة في البيولوجي الجزيئي، وتستخدم لزيادة كمية DNA ويقصد بها التضاعف الإنزيمي لقطعة DNA معينة ملايين المرات في أنبوبة الاختبار *in vitro* بوجود البادئات التي ترتبط مع التتابع المكمل لها على الشريط الأصلي [10,9].

3- طريقة تردد الكودونات مع تردد الأحرف.

من خصائص كل لغة وجود خاصية تردد أو نسبة تكرار كل حرف من الأحرف ضمن جملة معينة. وقد أثبتت الإحصائيات أن لكل لغة حية حرفاً له تكرار يختلف عن غيره، وعلى ذلك تم بناء جداول ومخططات كما هو في اللغة الانكليزية جدول (1) والشكل (3)[11].

جدول (1). نسبة تردد الأحرف في اللغة الانكليزية

Letter	Frequency	Letter	Frequency	Letter	Frequency
E	12.702%	R	5.987%	P	1.929%
T	9.056%	D	4.253%	B	1.492%
A	8.167%	L	4.025%	V	0.978%
o	7.507%	C	2.782%	K	0.772%
i	6.966%	U	2.758%	J	0.153%
n	6.749%	M	2.406%	X	0.150%
Space	6.378%	W	2.360%	Q	0.095%
S	6.327%	F	2.228%	Y	1.974%
H	6.094%	G	2.015%	Z	0.074%



الشكل (3). تردد الأحرف في اللغة الانكليزية

كذلك الحال بالنسبة لكل جين (بروتين) إذ تتواجد الحوامض الأمينية (الكودونات) التي تتكرر أكثر من غيرها في سلسلة الـ DNA.

تمت الاستفادة من هذه الخاصية لغرض إعداد هذه الطريقة والمتمثلة بما يلي: حساب تكرار الأحرف الأبجدية المذكورة سابقا مع تكرار الكودونات في جينات مختلفة يتم بناء جدول لإعطاء كل حرف وما يقابلها من الكودونات والاستفادة منها في بناء سلسلة DNA اصطناعية والتي تمثل الرسالة النصية السرية.

3-1 عملية الإخفاء

وتتكون الخوارزمية من ثلاث مراحل رئيسة كما في الشكل (4) وهي:

المرحلة الأولى: مرحلة تكوين الجدول المتضمن تكرار الأحرف الأبجدية والرموز والأرقام وما يقابلها من الحامض الاميني (الكودون) T2.

- المدخلات: سلاسل DNA من الموقع EBI (European Bioinformatics Institute) [10]، الجدول القياسي لتردد الأحرف.
- المخرجات: جدول T2.
- الخطوات:

1- إدخال سلسلة DNA لجينات مختلفة من موقع EBI.

خلال هذه الطريقة يتم إدخال عدد من الجينات معروفة التسلسل من كائن بدائي النواة. مثال

(G1,G2……G10)

2- استخدام دالة لمعرفة تكرار كل كودون في كل سلسلة من سلاسل الجينات المختارة وترتيبها في جداول خاصة (A1,A2…A10)، ثم إجراء عمليات إحصائية لكل الجداول السابقة ومنها يتم بناء جدول موحد (T1).

3- يتم الاستفادة من الجدول (T1) مع الجدول (1) بحيث يتم مقابلة حقول الجدولين وإعطاء كل رمز في الجدول(1) ما يقابله من الكودون وحسب الترتيب وتكوين جدول (T2) . كما موضح في الشكل (5).

المرحلة الثانية: مرحلة ترميز وتضمين الرسالة النصية وتتضمن هذه المرحلة:

- المدخلات: جدول T2، الرسالة السرية M_i.
- المخرجات: سلسلة DNA اصطناعية S_{new} تحمل الرسالة السرية.
- الخطوات :

1- إدخال الرسالة النصية السرية M_i.

2- كل رمز في الرسالة يتم التعويض عنه بالكودون المقابل من الجدول T2 لتكون سلسلة جديدة S_{new}.

والشكل(6) يوضح ذلك.

الشكل (4). المخطط العام لإخفاء الرسالة ضمن سلسلة DNA في الطريقة الثانية

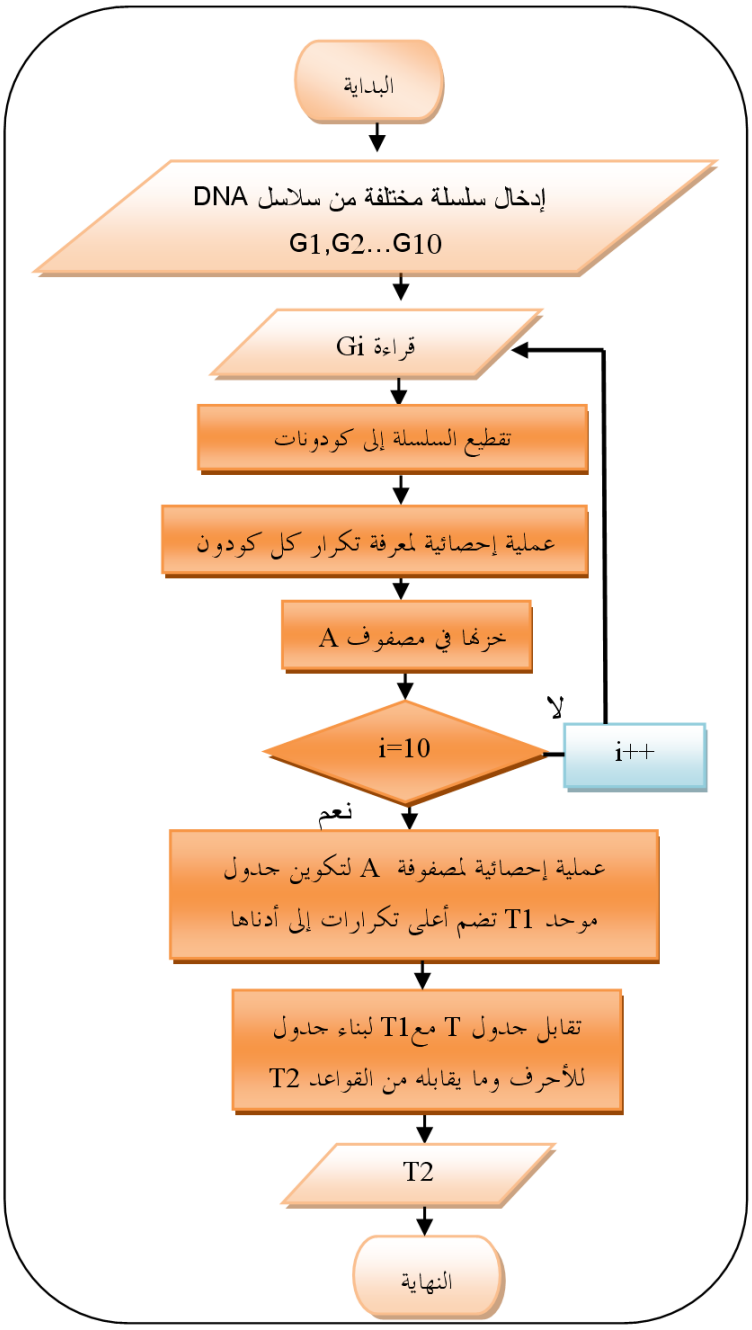
المرحلة الثالثة: طرائق إرسال السلسلة السرية S_{new} special

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

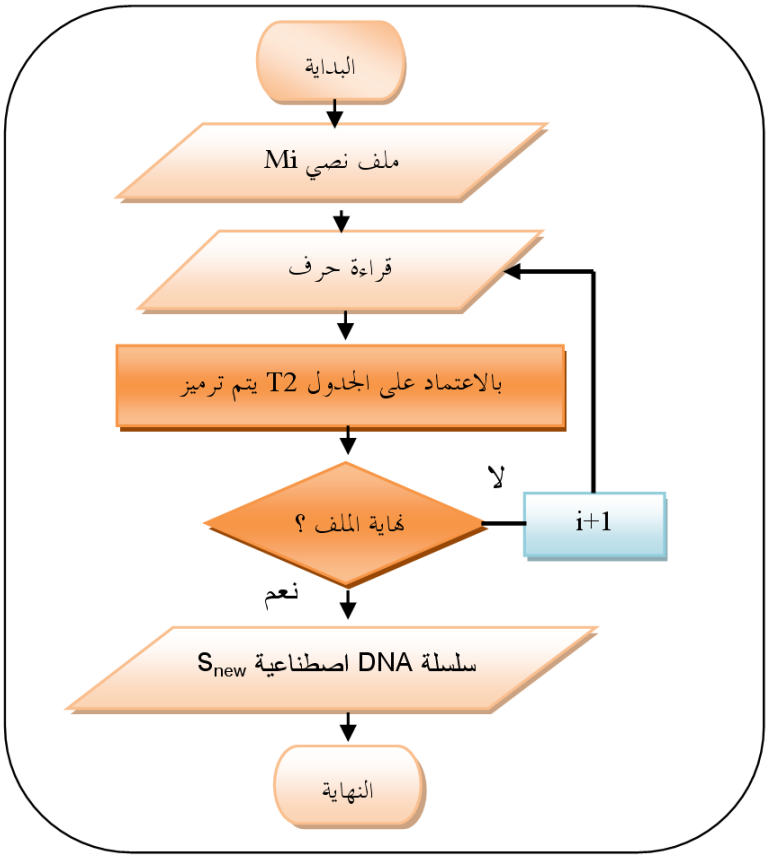
❖ In Silico [12]: ومعناه بشكل Digital عن طريق الانترنيت وذلك إما بصورتها الموجودة حاليا أو إخفائها في أحدى ملفات الوسائط المتعددة (Multimedia) لزيادة قوة الإخفاء.

❖ In Vitro [9] : ومعناه بشكل طبيعي (أنبوب اختبار) خارج الكائن الحي عن طريق وضعها ضمن وسط خاص.

تم إرسال سلسلة S_{new} DNA عن طريق تصنيعها كيميائيا (InVitro) ونقلها بشكل طبيعي ضمن وسط خاص إلى المستلم:



الشكل (5). مرحلة تكوين جدول جديد T2 للأحرف والأرقام

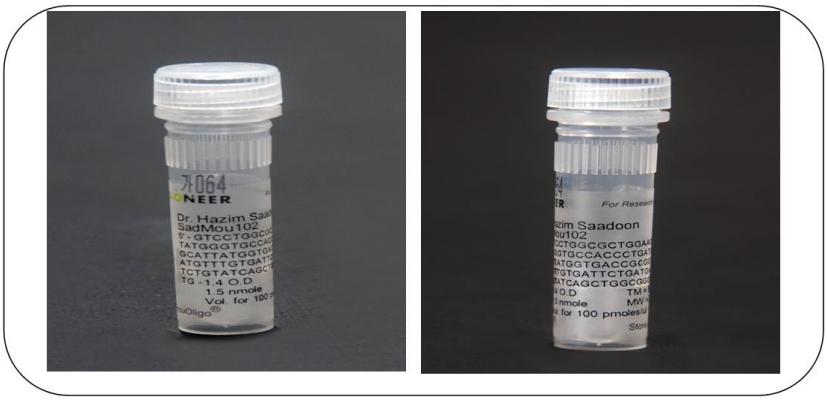


الشكل (6). عملية توليد سلسلة DNA بالاعتماد على T2والرسالة السرية

3-2 إخفاء سلسلة DNA S_{new} (تصنيع السلسلة InVitro)

تم إرسال سلسلة S_{new} إلى دولة كوريا الجنوبية إذ تم تصنيعها من قبل شركةBIONEER [14] وفقا للرسالة السرية المرسلة والموضحة في المثال في الفقرة (3-5).

تم استلام سلسلة DNA المصنعة من الشركة في أمبولة، والشكل(7) يوضح الامبولة الحاوية لسلسلة DNA المصنعة.

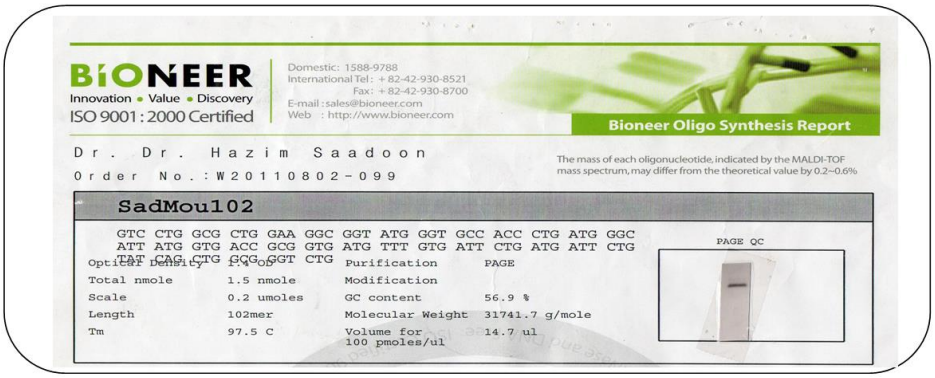


الشكل (7). الامبولة الحاوية لسلسلة DNA الحاملة للرسالة السرية

يبين الشكل (8) التقرير المفصل لسلسلة DNA المصنعة من شركة BIONEER والتي يوضح فيها الآتي:

- الشركة المصنعة للسلسلة DNA.

- الحجم الكلي للسلسلة والذي يساوي 1.5 نانو مول.
- طول السلسلة 102 قاعدة حسب طول الرسالة السرية.
- نسبة GC% (نسبة قاعدتي GC ضمن السلسلة)، حيث كلما كانت عالية كانت قوة السلسلة أفضل.
- PAGE QC (PAGE Quality Core)من خلال هذه الشريحة يمكن التأكد من سلسلة DNA المصنعة في جهاز الترحيل الكهربائي.



BIONEER
Innovation • Value • Discovery
ISO 9001 : 2000 Certified
Domestic: 1588-9788
International Tel : +82-42-930-8521
Fax: +82-42-930-8700
E-mail : sales@bioneer.com
Web : http://www.bioneer.com
Bioneer Oligo Synthesis Report

Dr. Dr. Hazim Saadoon
Order No.: W20110802-099

The mass of each oligonucleotide, indicated by the MALDI-TOF mass spectrum, may differ from the theoretical value by 0.2~0.6%

SadMou102

GTC CTG GCG CTG GAA GGC GGT ATG GGT GCC ACC CTG ATG GGC
ATT ATG GTG ACC GCG GTG ATG TTT GTG ATT CTG ATG ATT CTG
TAT CAG CTG GCG GGT CTG

Optical Density	1.4 OD	Purification	PAGE
Total nmole	1.5 nmole	Modification	
Scale	0.2 umoles	GC content	56.9 %
Length	102mer	Molecular Weight	31741.7 g/mole
Tm	97.5 C	Volume for 100 pmoles/ul	14.7 ul

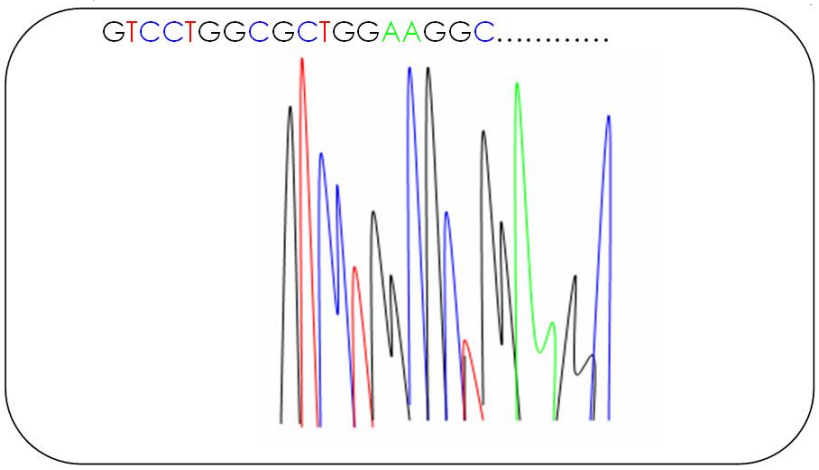
PAGE QC

الشكل (8). تقرير شركة BIONEER

3-3 استرجاع سلسلة DNA المصنعة (قراءة سلسلة DNA)

بالرغم من قراءة سلسلة DNA من شركة BIONEER وتطابقها مع سلسلة الرسالة السرية في المثال في الفقرة (3-5) تم نقلها إلى(جامعة فاتح بمدينة أنقرة/تركيا) وقراءتها باستخدام جهاز DNA Sequencer (genetic analyzer 3130). في بعض الأحيان لا يمكن قراءة سلسلة DNA لذا نحتاج إلى مضاعفتها باستخدام تقنية PCR.

تم وضع السلسلة المصنعة ضمن الجهاز المذكور وتشغيل البرنامج الخاص ليتم قراءة السلسلة إذ تكون النتيجة عبارة عن سلسلة من المنحنيات وبألوان مختلفة حسب قواعد سلسلة DNA كما في الشكل (9).



الشكل (9). نتيجة قراءة جهاز genetic analyzer 3130

4-3 استرجاع الرسالة السرية

يقوم المستلم باسترجاع الرسالة السرية من سلسلة DNA المصنعة S_{vitro} والتي تكون نتيجتها عبارة عن مخطط يمثل القواعد النتروجينية لسلسلة DNA S_{stego} الحاملة للرسالة السرية.

والشكل (10) يوضح المخطط العام لاسترجاع الرسالة السرية من سلسلة S_{stego} DNA والتي تمت بمرحلتين:

المرحلة الأولى:إذ يقوم المستلم بنفس العمليات التي قام بها المرسل لتكوين الجدول المشترك والمعتمدة على سلاسل مختلفة من الجينات والمتفق عليها بين الطرفين كما في الشكل(5).

المرحلة الثانية:

- المدخلات: سلسلة S_{stego} DNA التي تحتوي الرسالة السرية.
- المخرجات: الرسالة السرية النصية M_i .
- الخطوات : وتشمل

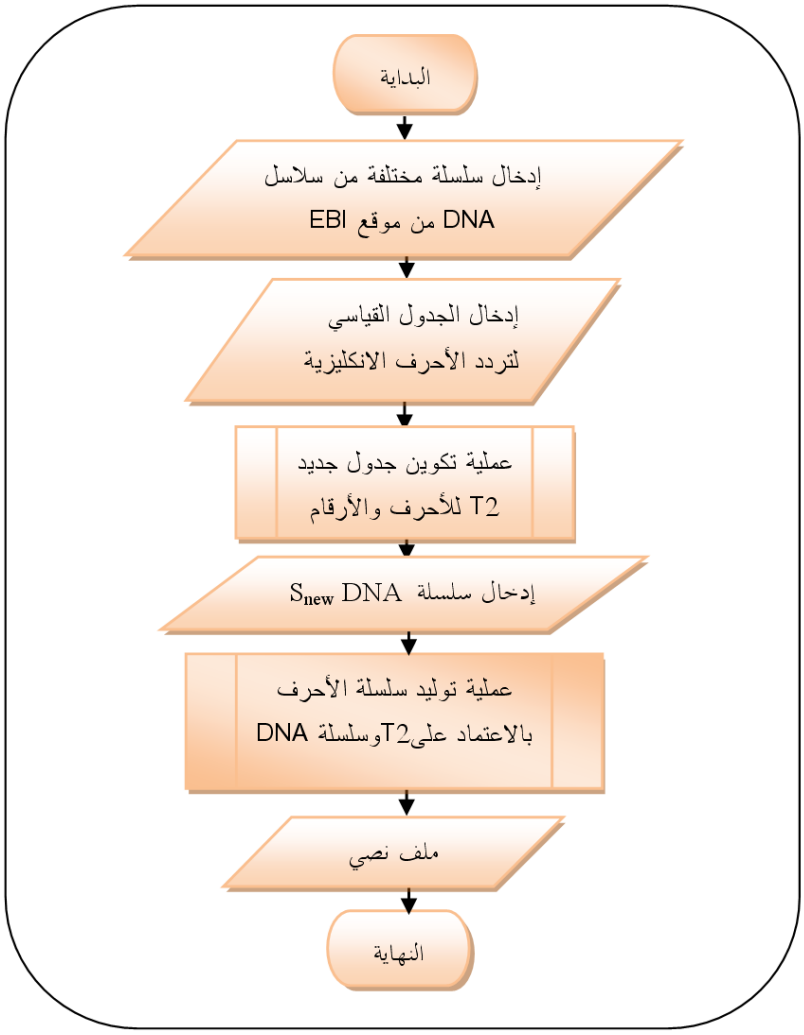
1- إدخال السلسلة الاصطناعية S_{stego}.

2- تقطيع السلسلة إلى كودونات.

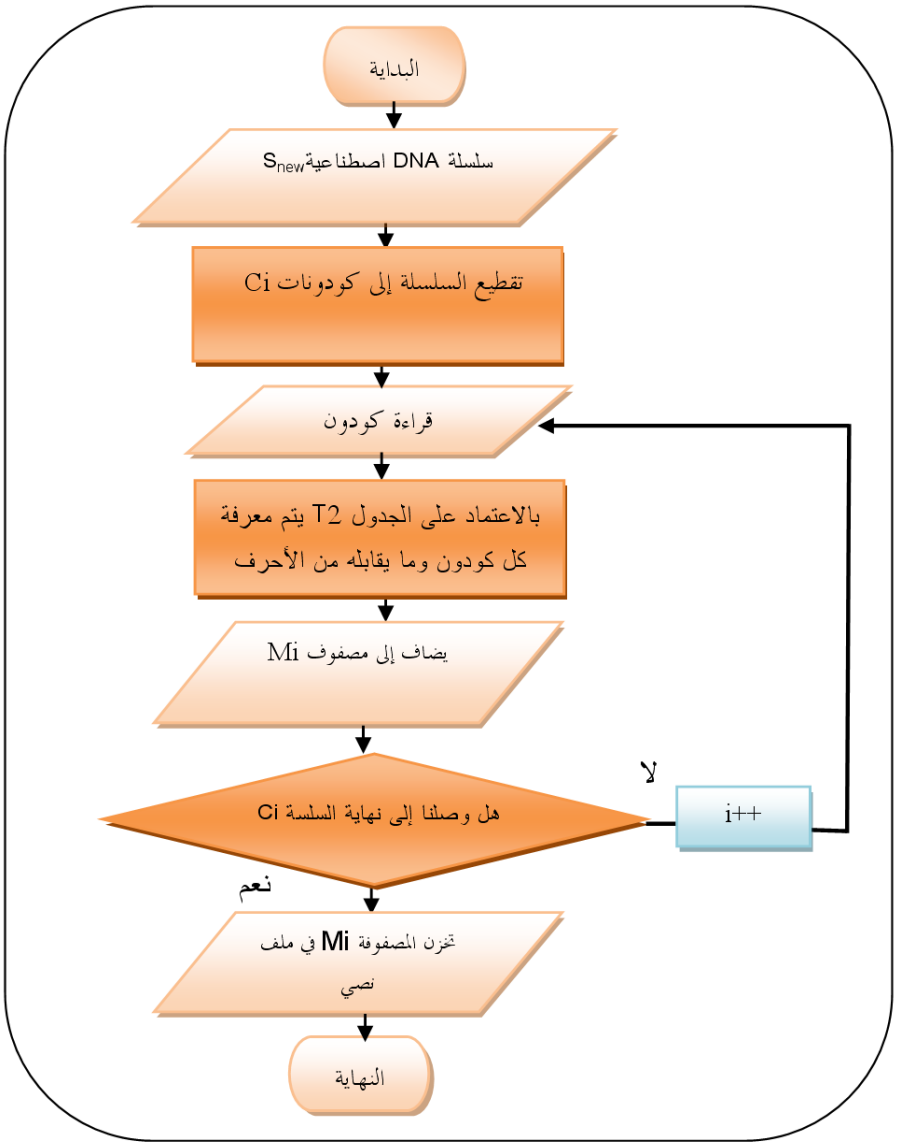
3- قراءة كودون من الخطوة الثانية وحسب الجدول T1 يتم استرجاع الحرف المقابل وخزنها في مصفوفة.

4- تكرار الخطوة الثالثة إلى أن نصل إلى نهاية السلسلة يتم خزن مصفوفة الأحرف في ملف نصي.

والشكل(11) يوضح عملية الاسترجاع.



الشكل(10). المخطط العام لاسترجاع الرسالة ضمن سلسلة DNA



الشكل (11). عملية توليد الرسالة السرية من سلسلة DNA وجدول T2

3-5 مثال توضيحي لإخفاء الرسالة السرية واسترجاعها من سلسلة DNA

وللتوضيح تم اختيار سلسلة G_i DNA لبكتيريا (أيكولاي *E.coli*) لجينات مختلفة وبأطوال مختلفة مأخوذة من موقع EBI، وكانت نسبة تواجد كل حامض كما في الجدول (2).

G1=ATGTGCGAAAAAAACGCCTATTTGCTCCTGTGGTTGGAAGGACCAT…..

جدول (2). يبين نسبة تكرار كل كودون في سلاسل مختلفة

Codon	Frequency	Codon	Frequency	Codon	Frequency	Codon	Frequency
AAA	52	CAA	36	GAA	150	TAA	4
AAC	45	CAC	29	GAC	43	TAC	28
AAG	47	CAG	60	GAG	51	TAG	3
AAT	37	CAT	27	GAT	60	TAT	45
ACA	22	CCA	24	GCA	65	TCA	24
ACC	65	CCC	27	GCC	90	TCC	30

ACG	59	CCG	45	GCG	98	TCG	37
ACT	23	CCT	18	GCT	43	TCT	27
AGA	7	CGA	17	GGA	20	TGA	14
AGC	49	CGC	59	GGC	98	TGC	30
AGG	12	CGG	25	GGG	28	TGG	44
AGT	17	CGT	41	GGT	64	TGT	10
ATA	12	CTA	10	GTA	23	TTA	41
ATC	76	CTC	32	GTC	54	TTC	68
ATG	85	CTG	160	GTG	103	TTG	46
ATT	79	CTT	14	GTT	44	TTT	49

وبترتيب الجدول (2) حسب تكرار الأعلى إلى الأدنى ينتج جدول T1 (3)

جدول (3). يبين ترتيب الكودونات حسب التكرار من الأعلى إلى الأدنى(T1)

Codon	Frequency	Codon	Frequency	Codon	Frequency	Codon	Frequency
CTG	160	CGC	59	TTA	41	GTA	23
GAA	150	GTC	54	AAT	37	ACT	23
GTG	103	AAA	52	TCG	37	ACA	22
GCG	98	GAG	51	CAA	36	GGA	20
GGC	98	TTT	49	CTC	32	CCT	18
GCC	90	AGC	49	TCC	30	CGA	17
ATG	85	AAG	47	TGC	30	AGT	17
ATT	79	TTG	46	CAC	29	CTT	14
ATC	76	CCG	45	GGG	28	TGA	14
TTC	68	TAT	45	TAC	28	ATA	12
ACC	65	AAC	45	CCC	27	AGG	12
GCA	65	GTT	44	CAT	27	CTA	10
GGT	64	TGG	44	TCT	27	TGT	10
CAG	60	GAC	43	CGG	25	AGA	7
GAT	60	GCT	43	CCA	24	TAA	4
ACG	59	CGT	41	TCA	24	TAG	3

يتم الاستفادة من الجدول (3) مع الجدول (1) بحيث يتم مقابلة حقول الجدولين وإعطاء كل رمز في الجدول(1) ما يقابلها من الكودون وحسب الترتيب وتكوين جدول T2 (4).

جدول (4). ناتج تقابل كل كودون مع الحروف والأرقام والرموز

Symbol	Codon	Symbol	Codon	Symbol	Codon	Symbol	Codon
e	CTG	f	CGC	5	TTA	|	GTA
t	GAA	g	GTC	6	AAT	\	ACT
a	GTG	y	AAA	7	TCG	-	ACA
o	GCC	p	GAG	8	CAA	/	GGA
i	GGC	b	TTT	9	CTC	@	CCT
n	GCG	v	AGC	*	TCC	!	CGA
Space	ATG	k	AAG	&	TGC	^	AGT
s	ATT	j	TTG	+	CAC	.	CTT
h	ATC	x	CCG	>	GGG	;	TGA
r	TTC	q	TAT	<	TAC	“	ATA
d	ACC	z	AAC	=	CCC	:	AGG
l	GCA	0	GTT	.	CAT	‘	CTA
c	GGT	1	TGG	#	TCT	~	TGT
u	CAG	2	GAC	%	CGG	]	AGA
m	GAT	3	GCT	(	CCA	[	TAA
w	ACG	4	CGT	)	TCA	$	TAG

ولتكن الرسالة المرسلة M_i باستخدام الجدول (4) يتم تصنيع سلسلة S_{new}

M_i =Genetic code is a DNA base sequence

S_{new} = GTCCTGGCGCTGGAAGGCGGTATG GGTGCCACCCTGATG
GGCATTATG GTGACCGCGGTGATG TTTGTGATTCTGATG
ATTCTGTATCAGCTGGCGGGTCTG

يقوم المستلم أيضا بخطوات تكوين الجدولين ((3)،(4)) بعدها يتم استرجاع الرسالة السرية من سلسلةS_{stego} وبشكل الآتي:

S_{stego} =GTC CTG GCG CTG GAA GGC GGT ATG GGT GCC ACC CTG
ATG GGC ATT ATG GTG ACC GCG GTG ATG
TTT GTG ATT CTG ATG ATT CTG TAT CAG
CTG GCG GGT CTG

M_i= g e m.....

4- النتائج

- في هذه الطريقة تم العمل على نقل سلسلة DNA وذلك بتصنيعها كيميائيا (InVitro) وهذه الطريقة من الطرائق المعقدة والتي تحتاج إلى معرفة شاملة لكافة الأجهزة المختبرية منها Genetic Analyzer وغيرها.
- في هذه الطريقة تم استغلال فكرة تردد الأحرف مع تردد الكودونات وهذا يعطي أهمية عالية لتشابه سلسلة DNA المصنعة مع سلسلة DNA الحقيقية من ناحية الصفات وهذه لها فائدة عظيمة في حالة كشف سلسلة DNA.
- من المميزات التي تم التطرق إليها ما يلي:

1- حجم سلسلة DNA المصنعة

إن حجم السلسلة يكون صغيراً جداً وكما موضح في تقرير شركة Bioneer في الشكل (7) إذ له فائدة كبيرة في سهولة الإخفاء والنقل إلى الطرف الثاني.

2- سلامة نقل سلسلة DNA المصنعة

تم نقل السلسلة إلى الطرف الثاني دون شك بوجود رسالة ضمن سلسلة DNA.

3- دقة قراءة سلسلة DNA

تم قراءة سلسلة DNA بشكل صحيح بدون وجود أي خطأ (BER=0) من قبل شركة Bioneer [14]، كما تم قراءتها في أجهزة متطورة (Genetic Analyzer 3130) بكلية الطب التابعة لجامعة فاتح/تركيا.

5- الاستنتاج

1- تعد سلسلة DNA وسطا جيداً جداً لإخفاء الرسالة السرية.

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

3- من عوامل القوة لهذه الطريقة هو ثبوت طول سلسلة الـ DNA وأشكالها وترتيبها قبل وبعد الإخفاء.

4- صُنعت سلسلة DNA مشابهة بالصفات لسلسلة DNA الحقيقية وذلك بالاستفادة من فكرة تردد الكودونات لكل جين أو سلسلة DNA.

5- بالإمكان بناء سلسلة DNA صناعياً بالاعتماد على الرسالة السرية.

المصادر

[1] الحمامي، علاء حسين والحمامي، محمد علاء، 2008، "إخفاء المعلومات: الكتابة المخفية والعلامة المائية "، إثراء للنشر والتوزيع، الشارقة.

[2] الجبوري، رشا عواد حسن، 2011، "تصميم وتنفيذ نظام هجين لتشفير وإخفاء الملف النصي في بروتوكولات الصوت عبر الانترنت"، رسالة ماجستير، قسم علوم الحاسبات، كلية علوم الحاسبات والرياضيات ، جامعة الموصل، العراق.

[3] Tamari, R.H., 1996, "principles of genetics", Sth ed, Mc Graw -Hill companies, USA. http://www.rit.edu/~vxr8205/crypto2/cryptopaper.html.

[4] Dale, J. and Schants, M. V. 2002, "From genes to Genomes" JohnWiley & sons , Inc . New York.

[5] Nelson, D.L. and cox, M.M. 2005, "Lehn: nger principles of Biochemistry", W. H. freeman and company, New York .

[6] Watson, J.D. and Crick, F.H., 1953, Molecular structure of nucleic acids: A structure for deoxyribose nucleic acid. Nature, 171: 737-738.

[7] Paolella, P., 1998, "Introduction to Molecular Biology". McGraw-Hill Companies, Inc., New York.

[8] http://www.appliedbiosystems.com, 2011, Applied Biosystems 3130 and 3130xl Genetic Analyzers, USA, 08/2006 publication 106 BR 1002. Sophisticate, dautomation, superiorperformance, streamlined setup, and 24-hour unattended operation.

[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] Tamari, R.H., 1996, "principles of genetics", Sth ed, Mc Graw -Hill companies, Inc., USA .

[11] http://www.Wikipedia.com, 2011, Frequency of Letters of the alphabet in English.

[12] http://www.ebi.ac.uk , 2011, European Bioinformatics Institute.

[13] 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 , Irelan.

[14] http://www.bioneer.com, Bioneer's, (2008) novel Nano-Technology, (Korea patent no.10-0850430, pct pending wo/072865).