



NCBI

جامعة حلب
كلية الهندسة التقنية
قسم التقانات الحيوية

التقييم الإحصائي لفرضية التطور بطريقة العنقدة باستخدام برنامج

MATLAB®

مشروع تخرج أعد لنيل درجة الإجازة في هندسة التقانات الحيوية

إعداد

خالد أحمد المحمد

إشراف

د. أحمد شمس الدين شعبان

د. محمود هيثم السيد

1435 – 2014

MathWorks®



جامعة حلب
كلية الهندسة التقنية
قسم التقانات الحيوية

التقييم الإحصائي لفرضية التطور بطريقة العقدة باستخدام برنامج MATLAB

مشروع تخرج أعد لنيل درجة الإجازة الجامعية في الهندسة
التقنية - قسم هندسة التقانات الحيوية

إعداد

خالد أحمد المحمد

إشراف

د. أحمد شمس الدين شعبان

قسم المحاصيل الحقلية

كلية الهندسة الزراعية

رئيس دائرة معالجة البيانات

والتحليل الإحصائي

مركز البحوث والدراسات الإستراتيجية

في جامعة حلب

د. محمود هيثم السيد

أستاذ مساعد في قسم هندسة

التقانات الحيوية

كلية الهندسة التقنية

نائب مدير مركز التقانات الحيوية

في جامعة حلب

أَقْلُنْ سِيرُوا فِي الْأَرْضِ فَانظُرُوا كَيْفَ بَدَأَ الْخَلْقَ ثُمَّ اللَّهُ يُنشِئُ النَّشْأَةَ
الْآخِرَةَ إِنَّ اللَّهَ عَلَىٰ كُلِّ شَيْءٍ قَدِيرٌ"

سورة العنكبوت: 19

الحمد لله عز وجل الذي بلطفه ومنه الكريم تيسرت الأمور فأوجد
الأسباب وقدر الأقدار.

الإهداء

إلى كل ذرّة عقلٍ سُفكت ظلماً.

إلى من صبروا عليّ كثيراً، وصبرت عليهم كثيراً.
أهلي الأعزاء

إلى كل من ساعدني وقدم لي النصيحة...

"أغلبنا يسير مع شعاع الحقيقة وليس إلى مصباح الحقيقة"

خالد أحمد المحمد

كلمة شكر

كل الشكر والإحترام للدكتور أحمد شمس الدين شعبان
والدكتور محمود هيثم السيّد لكل الجهود الكريمة التي بذلها
للإشراف على المشروع طوال فترة التحضير.

إلى الهيئة التدريسيّة المحترمة أقدم خالص إحترامي.

قائمة المحتويات

| | |
|-----|---|
| | المقدمة والأهداف |
| 14 | 1.1. المعلوماتية الحيوية |
| 15 | 2.1. تنسيق FASTA |
| 15 | 3.1. تنسيق PHYLIP |
| 16 | 4.1. تنسيق pdb |
| 16 | 5.1. رصف التسلسلات Alignment |
| 16 | 6.1. CG-Islands |
| 16 | 7.1. علم الوراثة العرقي |
| 17 | 8.1. أصل الإنسان |
| 17 | 9.1. تطوّر الإنسان |
| 18 | 10.1. تاريخ علم الإنسان القديم |
| | الدراسة المرجعية والأبحاث السابقة |
| 19 | 1.2. مناطق التعجيل في الإنسان |
| 20 | 2.2. عائلة المورثات MCPH |
| | مواد البحث وطرائقه Materials and Methods |
| 22 | 1.1.3. لغة البرمجة MATLAB |
| 22 | 2.1.3. تاريخ شركة MathWorks |
| 23 | 3.1.3. تشغيل برنامج MATLAB |
| 24 | 4.1.3. سطح مكتب برنامج MATLAB |
| 24 | 5.1.3. مكونات نافذة MATLAB |
| 25 | 6.1.3. واجهة المستخدم الرسومية GUI |
| 26 | 7.1.3. الرسوم البيانية |
| 26 | 2.3. تصميم البرنامج BIMAT |
| 31 | 3.3. المركز العالمي لمعلومات البيوتكنولوجي NCBI |
| 33 | 4.3. المورثة GH1 |
| 33 | 5.3. عائلة مورثات الأنزيم NADH dehydrogenase |
| 34 | 6.3. عائلة مورثات أنزيم سيتوكروم سي أوكسيديز |
| 35 | 7.3. الأنواع المدروسة |
| 42 | النتائج والمناقشة Results and Discussion |
| 120 | تلخيص النتائج |
| 120 | المقترحات |
| 121 | المراجع References |

قائمة الأشكال

| رقم الصفحة | محتوى الشكل | رقم الشكل |
|------------|--|-----------|
| 15 | المعلوماتية الحيوية تعتمد على تقنيات الحاسوب المتقدمة | 1 |
| 16 | تطبيق التكنولوجيا الحاسوبية في إدارة المعلومات البيولوجية | 2 |
| 19 | نظرية التطور وضع أساسها تشارلز داروين | 3 |
| 20 | عدد مجلة SCIENTIFIC AMERICAN الشهيرة بعنوان: ما الذي يجعلنا بشرا؟ | 4 |
| 21 | المتواية HAR1 بين الشمبانزي والدجاج والإنسان | 5 |
| 22 | تؤدي طفرات المورثة ASPM إلي تقليص حجم الدماغ بدرجة كبيرة | 6 |
| 24 | شاشة إسم البرنامج MATLAB | 7 |
| 25 | شاشة نافذة البرنامج الرئيسية (سطح مكتب MATLAB) | 8 |
| 26 | تؤمن واجهة المستخدم الرسومية للمستخدم التفاعل مع الحاسب | 9 |
| 27 | البيانات ثلاثية الأبعاد باستخدام تطبيق Molecule Viewer ضمن برنامج MATLAB | 10 |
| 29 | واجهة المستخدم الرسومية ضمن برنامج MATLAB | 11 |
| 29 | القائمة المنبثقة (تسمى أيضاً قائمة السياق أو قائمة الاختصارات) وهي عبارة عن قائمة توجد في واجهة المستخدم والتي تظهر عند تفاعل المستخدم | 12 |
| 30 | البرنامج BIMAT جاهز للتعامل مع البيانات | 13 |
| 30 | تحويل البرنامج لصيغة .exe أي أنه يعمل بدون برنامج MATLAB | 14 |
| 31 | البرنامج يعمل بدون برنامج MATLAB | 15 |
| 31 | تحويل جسم البرنامج لصيغة MATLAB App Installer (.mlappinstall) وهي أن يتعامل برنامج ال MATLAB مع برنامج BIMAT على أنه تطبيق أساسي ضمنه. | 16 |
| 32 | تنصيب البرنامج مع التطبيقات ضمن ال main tabs وتحديداً ال APPS | 17 |
| 32 | التطبيق BIMAT موجود ضمن ال APPS | 18 |
| 37 | سلسلة نقل الإلكترون | 19 |
| 38 | أنزيم سيتوكروم سي أوكسيداز | 20 |
| 39 | [Ovis aries (sheep)] {sheep} | 21 |
| 39 | [Cavia porcellus (domestic guinea pig)] {dgpig} | 22 |
| 39 | [Ailuropoda melanoleuca (giant panda)] {gpanda } | 23 |
| 40 | [Ceratotherium simum simum (southern white rhinoceros)] {swrhinoceros} | 24 |

| | | |
|----|---|----|
| 40 | [<i>Equus caballus</i> (horse)] {horse} | 25 |
| 40 | [<i>Erinaceus europaeus</i> (western European hedgehog)] {wehedgehog} | 26 |
| 40 | [<i>Macaca fascicularis</i> (crab-eating macaque)] {cemacaque} | 27 |
| 41 | [<i>Macaca mulatta</i> (Rhesus monkey)] {rmonkey} | 28 |
| 41 | [<i>Mesocricetus auratus</i> (golden hamster)] {ghamster} | 29 |
| 41 | [<i>Felis catus</i> (domestic cat)] {dcat} | 30 |
| 41 | [<i>Pan troglodytes</i> (chimpanzee)] {chimpanzee} | 31 |
| 42 | [<i>Pan paniscus</i> (pygmy chimpanzee)] {pchimpanzee} | 32 |
| 42 | [<i>Nomascus leucogenys</i> (northern white-cheeked gibbon)] {nwcgibbon} | 33 |
| 42 | [<i>Pongo abelii</i> (Sumatran orangutan)] {sorangutan} | 34 |
| 42 | [<i>Pteropus alecto</i> (black flying fox)] {bffox} | 35 |
| 43 | [<i>Sus scrofa</i> (pig)] {pig} | 36 |
| 43 | [<i>Lipotes vexillifer</i> (Yangtze River dolphin)] {yrdolphin} | 37 |
| 43 | [<i>Loxodonta africana</i> (African savanna elephant)] {aselephant} | 38 |
| 43 | [<i>Gorilla gorilla</i> (western gorilla)] {wgorilla} | 39 |
| 44 | {htarsier}] <i>Tarsius bancanus</i> (Horsfield's tarsier)[| 40 |
| 44 | {ptarsier}] <i>Tarsius syrichta</i> (Philippine tarsier)[| 41 |
| 44 | {bghostshark}] <i>Hydrolagus lemures</i> (blackfin ghostshark)[| 42 |
| 44 | {eehmouse}] <i>Mus musculus musculus</i> (eastern European house mouse)[| 43 |
| 45 | [<i>Homo sapiens neanderthalensis</i>] {neanderthalensis} | 44 |
| 45 | {dhominin}] [<i>Homo sapiens ssp_ Denisova</i> (Denisova hominin)] | 45 |
| 45 | [<i>Homo sapiens</i> (human)] | 46 |
| 45 | [<i>Xenopus</i> (Silurana) <i>tropicalis</i> (western clawed frog)] {wcfrog} | 47 |
| 46 | توضيح لكيفية البحث عن الأنواع للمورثات المدروسة | 48 |
| 51 | UPGMA Using LogDet Distanse [GH1 gene] | 49 |
| 52 | UPGMA Using JC69 Distanse [GH1 gene] | 50 |
| 52 | UPGMA Using Kimura80 Distanse [GH1 gene] | 51 |
| 53 | N-J Using LogDet Distanse [GH1 gene] | 52 |
| 53 | N-J Using JC69 Distanse [GH1 gene] | 53 |
| 54 | N-J Using Kimura80 Distanse [GH1 gene] | 54 |
| 59 | UPGMA Using LogDet Distanse [NADHsubunit1 gene] | 55 |
| 59 | UPGMA Using JC69 Distanse [NADHsubunit1 gene] | 56 |
| 60 | UPGMA Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit1 gene] | 57 |

| | | |
|----|---|----|
| 61 | N-J Using LogDet Distanse [NADHsubunit1 gene] | 58 |
| 61 | N-J Using JC69 Distanse [NADHsubunit1 gene] | 59 |
| 62 | N-J Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit1 gene] | 60 |
| 67 | UPGMA Using LogDet Distanse [NADHsubunit2 gene] | 61 |
| 67 | UPGMA Using JC69 Distanse [NADHsubunit2 gene] | 62 |
| 68 | UPGMA Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit2 gene] | 63 |
| 68 | N-J Using LogDet Distanse [NADHsubunit2 gene] | 64 |
| 69 | N-J Using JC69 Distanse [NADHsubunit2 gene] | 65 |
| 69 | N-J Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit2 gene] | 66 |
| 74 | UPGMA Using LogDet Distanse [NADHsubunit3 gene] | 67 |
| 74 | UPGMA Using JC69 Distanse [NADHsubunit3 gene] | 68 |
| 75 | UPGMA Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit3 gene] | 69 |
| 75 | N-J Using LogDet Distanse [NADHsubunit3 gene] | 70 |
| 76 | N-J Using JC69 Distanse [NADHsubunit3 gene] | 71 |
| 76 | N-J Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit3 gene] | 72 |
| 82 | UPGMA Using LogDet Distanse [NADHsubunit4 gene] | 73 |
| 82 | UPGMA Using JC69 Distanse [NADHsubunit4 gene] | 74 |
| 83 | UPGMA Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit4 gene] | 75 |
| 83 | N-J Using LogDet Distanse [NADHsubunit4 gene] | 76 |
| 84 | N-J Using JC69 Distanse [NADHsubunit4 gene] | 77 |
| 84 | N-J Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit4 gene] | 78 |
| 90 | UPGMA Using LogDet Distanse [NADHsubunit5 gene] | 79 |
| 90 | UPGMA Using JC69 Distanse [NADHsubunit5 gene] | 80 |
| 91 | UPGMA Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit5 gene] | 81 |
| 91 | N-J Using LogDet Distanse [NADHsubunit5 gene] | 82 |
| 92 | N-J Using JC69 Distanse [NADHsubunit5 gene] | 83 |
| 92 | N-J Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit5 gene] | 84 |
| 98 | UPGMA Using LogDet Distanse [NADHsubunit6 gene] | 85 |
| 98 | UPGMA Using JC69 Distanse [NADHsubunit6 gene] | 86 |

| | | |
|-----|---|-----|
| 99 | UPGMA Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit6 gene] | 87 |
| 99 | N-J Using LogDet Distanse [NADHsubunit6 gene] | 88 |
| 100 | N-J Using JC69 Distanse [NADHsubunit6 gene] | 89 |
| 101 | N-J Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit6 gene] | 90 |
| 106 | UPGMA Using LogDet Distanse [COXsubunit1 gene] | 91 |
| 106 | UPGMA Using JC69 Distanse [COXsubunit1 gene] | 92 |
| 107 | UPGMA Using Kimura80 Distanse [COXsubunit1 gene] | 93 |
| 107 | N-J Using LogDet Distanse [COXsubunit1 gene] | 94 |
| 108 | N-J Using JC69 Distanse [COXsubunit1 gene] | 95 |
| 108 | N-J Using Kimura80 Distanse [COXsubunit1 gene] | 96 |
| 114 | UPGMA Using LogDet Distanse [COXsubunit2 gene] | 97 |
| 114 | UPGMA Using JC69 Distanse [COXsubunit2 gene] | 98 |
| 115 | UPGMA Using Kimura80 Distanse [COXsubunit2 gene] | 99 |
| 115 | N-J Using LogDet Distanse [COXsubunit2 gene] | 100 |
| 116 | N-J Using JC69 Distanse [COXsubunit2 gene] | 101 |
| 116 | N-J Using Kimura80 Distanse [COXsubunit2 gene] | 102 |
| 121 | UPGMA Using LogDet Distanse [COXsubunit3 gene] | 103 |
| 121 | UPGMA Using JC69 Distanse [COXsubunit3 gene] | 104 |
| 122 | UPGMA Using Kimura80 Distanse [COXsubunit3 gene] | 105 |
| 122 | N-J Using LogDet Distanse [COXsubunit3 gene] | 106 |
| 123 | N-J Using JC69 Distanse [COXsubunit3 gene] | 107 |
| 123 | N-J Using Kimura80 Distanse [COXsubunit3 gene] | 108 |

قائمة الجداول

| رقم الصفحة | عنوان الجدول | رقم الجدول |
|---------------|---|---------------|
| 20 | توصيف مناطق HAR1-HAR5 لبولارد عام 2006 | 1 |
| 47 | نسب المحتوى النكليوتيدي ونسبة الـ GC للمورثة GH1 للأنواع المدروسة | 2 |
| 48 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Jukes & Cantor (69) | 3 |
| 49 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Kimura 80 (2- Parameter)) | 4 |
| 50 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (LogDet) | 5 |
| 54 | نسب المحتوى النكليوتيدي ونسبة الـ GC للمورثة NADHsubunit1 للأنواع المدروسة | 6 |
| 56 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Jukes & Cantor (69) | 7 |
| 57 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Kimura 80 (2- Parameter)) | 8 |
| 58 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (LogDet) | 9 |
| 62 | نسب المحتوى النكليوتيدي و نسبة الـ GC للمورثة NADHsubunit2 للأنواع المدروسة | 10 |
| 64 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Jukes & Cantor (69) | 11 |
| 65 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Kimura 80 (2- Parameter)) | 12 |
| 66 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (LogDet) | 13 |
| 70 | نسب المحتوى النكليوتيدي ونسبة الـ GC للمورثة NADHsubunit3 للأنواع المدروسة | 14 |
| 71 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Jukes & Cantor (69) | 15 |

| | | |
|-----|---|----|
| 72 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (2- Distances (Kimura 80 Parameter)) | 16 |
| 73 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (LogDet Distances) | 17 |
| 77 | نسب المحتوى النكليوتيدي ونسبة الـ GC للمورثة NADHsubunit4 للأنواع المدروسة | 18 |
| 79 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (Jukes & Cantor Distances 69) | 19 |
| 80 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (2- Distances (Kimura 80 Parameter)) | 20 |
| 81 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (LogDet Distances) | 21 |
| 85 | نسب المحتوى النكليوتيدي ونسبة الـ GC للمورثة NADHsubunit5 للأنواع المدروسة | 22 |
| 87 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (Jukes & Cantor Distances 69) | 23 |
| 88 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (2- Distances (Kimura 80 Parameter)) | 24 |
| 89 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (LogDet Distances) | 25 |
| 93 | نسب المحتوى النكليوتيدي ونسبة الـ GC للمورثة NADHsubunit6 للأنواع المدروسة | 26 |
| 95 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (Jukes & Cantor Distances 69) | 27 |
| 96 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (2- Distances (Kimura 80 Parameter)) | 28 |
| 97 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (LogDet Distances) | 29 |
| 101 | نسب المحتوى النكليوتيدي ونسبة الـ GC للمورثة COXsubunit1 للأنواع المدروسة | 30 |
| 103 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (Jukes & Cantor Distances 69) | 31 |

| | | |
|-----|--|----|
| 104 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (2- Kimura 80 Distances (Parameter)) | 32 |
| 105 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (LogDet Distances) | 33 |
| 109 | نسب المحتوى النكليوتيدي ونسبة الـ GC للمورثة COXsubunit2 للأنواع المدروسة | 34 |
| 111 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (Jukes & Cantor Distances (69)) | 35 |
| 112 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (2- Kimura 80 Distances (Parameter)) | 36 |
| 113 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (LogDet Distances) | 37 |
| 117 | نسب المحتوى النكليوتيدي ونسبة الـ GC للمورثة COXsubunit3 للأنواع المدروسة | 38 |
| 118 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (Jukes & Cantor Distances (69)) | 39 |
| 119 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (2- Kimura 80 Distances (Parameter)) | 40 |
| 120 | مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة (LogDet Distances) | 41 |

الفصل الأول المقدمة والأهداف

1.1. المعلوماتية الحيوية

المعلوماتية الحيوية (Bioinformatics) أو علم الأحياء الحاسوبي (البيولوجيا الحاسوبية) هو استخدام أحدث تقنيات الرياضيات التطبيقية، المعلوماتية، الإحصاء، وعلوم الحاسب لإدارة وتحليل البيانات الحيوية باستخدام تقنيات الحاسوب المتقدمة لجعل بيانات علوم الحياة الضخمة والمعقدة والمتنوعة مفهومة أكثر ومفيدة إضافة لحل مشكلات بيولوجية حيوية.



الشكل رقم (1) المعلوماتية الحيوية تعتمد على تقنيات الحاسوب المتقدمة

جهود الأبحاث الرئيسية في هذا الحقل تتضمن التراصف التسلسلي Sequence Alignment، إيجاد المورثات، مشروع الجينوم البشري، تراصف البنية البروتينية Protein Structure Prediction، التنبؤ بالتعبير الجيني Gene Expression.

وهناك إتجاهين في المعلوماتية الحيوية:

المصممون (علماء البرمجة): لديهم معرفة بالخوارزميات وكيف تعمل الأدوات ولكن ليس لديهم فكرة عن علم الأحياء.

المستخدمون (علماء الأحياء): لديهم معرفة في علم الأحياء وفي التعامل مع البرنامج لكن ليس لديهم فكرة عما يحدث داخل البرنامج (برمجته).

عرف المركز العالمي لمعلومات النقاة الحيوية المعلوماتية الحيوية كما يلي: المعلوماتية الحيوية (Bioinformatics): هي حقل من حقول العلم حيث علم الأحياء (Biology) وعلوم الحاسب (Computer Science) وتقانة المعلومات (Information Techonlogy) دُمجت سوياً في مجال علمي واحد.

تنضوي المعلوماتية الحيوية على ثلاثة فروع رئيسية هي:

- 1) تطوير خوارزميات جديدة وتقنيات إحصائية تساعد في تحصيل المعلومات من مجموعات ضخمة من البيانات.
 - 2) تحليل وتفسير الأنماط المختلفة من البيانات التي تتضمن سلاسل الحموض الأمينية والأنوية والقطع والبنى البروتينية.
 - 3) تطوير وتنفيذ أدوات تساعد على إدارة فعالة للأنماط المختلفة من المعلومات.
- أما ويوبيديا (Webopedia) فتعرّف المعلوماتية الحيوية كما يلي:

رموز من أحرف. تسمح الصيغة أيضاً بوجود أسماء التسلسل وأيضاً تعليقات تسبق تعاقب الدنا أو البروتين.

4.1. تنسيق pdb

بنك بيانات البروتين (Protein Data Bank (PDB)) وهو مستودع للبيانات الهيكلية ثلاثية الأبعاد للجزيئات البيولوجية الكبيرة، مثل البروتينات والأحماض النووية. وعادة ما يتم الحصول عليها عن طريق البلوريات بالأشعة السينية أو مطياف الرنين المغناطيسي النووي، والذي قدمه علماء الأحياء والكيمياء الحيوية من مختلف أنحاء العالم.

5.1. رصف التسلسلات Alignment

في المعلوماتية الحيوية، تعتبر طريقة التراصف التسلسلي إحدى طرق ترتيب التسلسلات البدئية Primary Sequence للدنا والرنا أو حتى البروتينات لتمييز المناطق ذات التشابه المرشحة لتكون نتيجة علاقة وظيفية أو بنيوية أو تطورية بين هذه التسلسلات. التسلسلات النيكلوتيدية المتراصفة أو سلاسل الحموض الأمينية المتراصفة تمثل غالباً بصفوف ضمن مصفوفة. كما يتم إدخال فجوات بين الوحدات بحيث تكون الوحدات المتطابقة أو المتشابهة متراصفة في أعمدة متعاقبة.

6.1. CG-Islands

إن نسبة وجود أي من النيوكليوتيدات الأربعة هو $\sim 1/4$ لذا فإحتمال وجود نيوكليوتيدين متتاليين $\sim 1/16$. تتكرر النيوكليوتيدات الثنائية (متتالية) كثيراً في تسلسل DNA. أما بالنسبة لـ CG خصوصاً، فهي قليلة في المناطق غير المشفرة عنها في المناطق المشفرة، لذا فإن إيجاد CG Islands في الجينوم هي قضية هامة.

7.1. علم الوراثة العرقي

علم الوراثة العرقي أو الفيلوجيني هو علم دراسة العلاقات التطورية المختلفة بين مجموعات الكائنات الحية (مثل الأنواع أو التجمعات السكانية)، التي تُكتشف عبر التحاليل الجزيئية ودراسة تشكيل الكائنات المختلفة. لعلم الوراثة العرقي أهمية كبيرة في مجال علم الأحياء، حيث أن العديد من مجالاته تعتمد عليه إلى حد كبير، بما في ذلك أسس التصنيف العلمي وتسمية المخلوقات الحية وتسجيلها والتعرف عليها وتمييزها عن بعضها البعض. كما يتداخل علما الوراثة العرقي والتصنيف العلمي في ما يُسمى "علم أنظمة الوراثة العرقية"، وهو عبارة عن علم منهجي تفرعي يُستخدم الصفات المشتركة بين الكائنات الممتدة من السلف المشترك الأحدث لتكوين أشجار تتبع الوراثة العرقية من السلف إلى السليل (أو ما يُسمى جداول الفروع)، وتُعين حدود الأصناف والفروع. وبشكل عام فقد أصبح لعلم الوراثة العرقي دور جوهريّ وأساسيّ في النظاميات الحيوية لرسم وتخطيط شجر الحياة التطورية.

التطور هو عبارة عن عملية تفرُّع، حيث تتغيّر الكائنات مع الوقت ويُمكن أن تنتوَع إلى فروع منفصلة عن بعضها البعض، وبعدها يُمكن أن تختلط هذه الفروع ببعضها عن طريق التهجين أو أن تنقطع نتيجة الانقراض. لكن سواءً أنقرضت هذه الأفرع أم بقيت أم اختلطت ببعضها، فإن هذا التصور كافٍ ليُشكل شجرة وراثة عرقية.

المُشكلة التي يُواجهها علم الوراثة العرقي هي أن المعلومات الوراثية ليست مُتاحة إلا للأنواع الحية، وأما سجلات الأحافير فهي تحوي معلومات وراثية أقل بكثير، بل وحتى تشكيلها مُبهم

وغير واضح إلى حد بعيد. عموماً، تُمثل شجرة الوراثة العرقية فرضية وتصوراً للتسلسل الذي جاءت به العمليات التطورية بين الكائنات الحية المختلفة.

شجرة التطور (Phylogenetic Tree) هي عبارة عن شجرة تظهر العلاقات التطورية بين مختلف الأنواع الحية أو مختلف الكيانات التي يعتقد بأنها تمتلك أصلاً مشتركاً. تمثل كل عقدة مع تفرعاتها السلف المشترك الأحدث Most Recent Common Ancestor لما يتفرع عنه، كل عقدة تدعى وحدة أصنوفية Taxonomic Unit.

8.1. أصل الإنسان

إن نظرية "داروين" حول التطور والإرتقاء التي سادت منذ القرن التاسع عشر ما تزال تدرّس في جميع المؤسسات التعليمية المحترمة اليوم، تلك القصة تقول أننا ارتقينا من الحالة البدائية إلى حالتنا المدنية المتحضرة بشكل بطيء وتدرجي. والسؤال الذي يبرز الآن: أيعقل أن يكون ذلك كله مجرد وهم؟ والسؤال الأكبر هو: هل تم إثبات نظرية "التطور" فعلاً؟ نحن طبعاً لا زلنا نستنزف وقتنا في خوض هذا الجدل، مستبعدين وجود أي حقيقة أخرى نتحدث عن الإنسان من خلال رواية مختلفة تماماً.

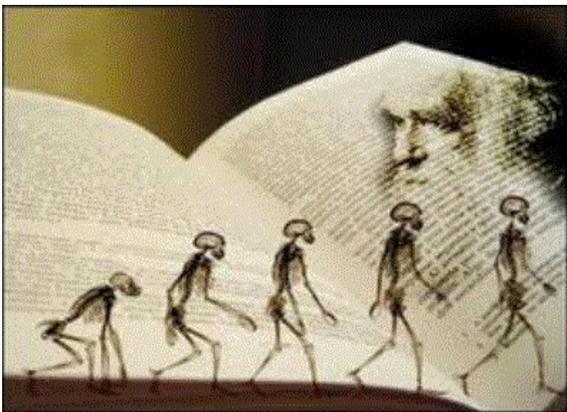
إن مفهومنا التقليدي حول التاريخ البشري ليس مغلوطاً فحسب ولكنه بحاجة أيضاً لمراجعة شاملة. إن الدلائل على ذلك آخذة بالتراكم وتتعاظم لدرجة أنه لم يعد من الممكن تجاهلها في جميع أنحاء المعمورة، راحت المكتشفات الأثرية تظهر ما هو نقيض كامل للتصور التقليدي بخصوص الأصل البشري.

لكن هل من المهم حقاً أن نتعرف على الحقيقة فيما يتعلّق بأصلنا؟ نعم إنّه كذلك، إنه مهم جداً.

فبفقدان روابطنا التاريخية بأسلافنا، فقدنا الكثير من إرثنا، وفي إعادة اكتشاف هذه الروابط، ربّما نبدأ بإيجاد أنفسنا. إن مسألة التعرف على حقيقة أصلنا هي مسألة ذات أهمية كبيرة، إنّه جوهر هويتنا ومصيرنا. إن النماذج الفكرية التي ننتمي إليها تؤثر بتصرّفاتنا بشكل عميق. والإنسان الذي يعتقد أنّه أتى من طبيعة حيوانية، ربّما يكون ميّالاً أكثر للتصرّف كالحيوان. فالصورة ليست مهينة فقط، بل إنّه خطيرة أيضاً.

9.1. تطوّر الإنسان

نظرية تطوّر الإنسان هي جزء من نظرية التطور التي وضع أساسها تشارلز داروين والتي تعنى بتكون الإنسان كفصيلة فريدة من نوعها. ويعنى هذا العلم بفهم التطور الحاصل في كل



الشكل رقم (3) نظرية التطور وضع أساسها تشارلز داروين

المخلوقات عموماً وفي الإنسان خصوصاً. دراسة التطور البشري يحوي العديد من المجالات المهمة مثل علم الإنسان وعلم اللغات وعلم الجينات. يتناول هذا الحقل من الدراسة أسئلة شائكة مثل: كيف لنا أن نعرف ما نعرفه في مجال تطوّر الإنسان؟، كيف لنا أن نعرف ما إذا كان هذا هذه الفصيلة قد مشت على قدمين أم لا؟، أم أنها عاشت في مناطق مدارية أو إستوائية؟، كيف لنا أن نعرف التركيبة الإجتماعية لتلك المخلوقات

المنقرضة؟. ما حدث في الماضي ترك لنا أدلة على وجوده وحياته. ووظيفة العلماء هي البحث عن هذه الأدلة وتحليلها وإعطائنا ما يقبله العقل والعلم. هذه الأدلة تأتي على عدة أوجه كأحافير عظام وجماجم وغيرها كعظام الفكين والأسنان أو حتى الأقدام.

أثيرت اعتراضات على التطور منذ أن بدأت تظهر الأفكار التطورية في القرن التاسع عشر، عرض تشارلز داروين في كتابه أصل الأنواع، الذي نُشر عام 1859 نظريته عن التطور، وهي أنّ الأنواع تنشأ عن طريق التحدر من سلف مشترك واحد مع حدوث تعديلات في سيرورة يحركها الإصطفاء الطبيعي.

بما أن 100 مؤسسة علمية، أكاديمية، وبحثية عالمية تصرّح بدعمها لنظرية التطور وفي العام 2008، نشر المركز الوطني لتعليم العلوم (NCSE) النسخة الثالثة من كتيب (Voices For Evolution)، حيث جمع فيه تصريحات داعمة لنظرية التطور من قبل أكثر من 100 مؤسسة علمية، أكاديمية، وبحثية مختلفة. هذه القائمة شملت تصريحات من قبل الأكاديمية الوطنية للعلوم في أمريكا (National Science Academy) والجمعية الملكية في بريطانيا (Royal Society)، إثنين من أهم المؤسسات العلمية في العالم. بالإضافة إلى ذلك، جمع الكتيب تصريحات داعمة من أكثر من 55 مؤسسة تعليمية وتربوية عالمية.

10.1. تاريخ علم الإنسان القديم

إفترض أن الإنسان يشترك مع هذه القردة العليا الإفريقية بأصل مشترك Common Ancestor وأن أحافير هذا الأصل المشترك يجب أن توجد في إفريقيا.

الفصل الثاني الدراسة المرجعية والأبحاث السابقة

1.2. مناطق التعجيل في الإنسان

مناطق التعجيل في الإنسان (Human Accelerated Regions) HARs وصفت لأول مرة في آب 2006 وهي مجموعة من 49 مورثة بشرية موجودة في الفقاريات المتطورة ولكنها مختلفة عن تلك الموجودة في الإنسان وتسمى HAR1 – HAR49 تم الحصول عليها بالمسح الضوئي لقواعد وراثية

الجدول رقم (1) توصيف مناطق HAR1-HAR5 لبولارد عام 2006

| Characteristic | HAR1 | HAR2 | HAR3 | HAR4 | HAR5 |
|----------------------------------|---------------|--------------|--------------|---------------|---------------|
| Location | 5' region | Intron | Intron | Intergenic | Intron |
| Chromosome | Chromosome 20 | Chromosome 2 | Chromosome 7 | Chromosome 16 | Chromosome 12 |
| Start ^a | 61,203,966 | 236,556,014 | 1,979,228 | 71,686,982 | 844,471 |
| Length | 106 bp | 119 bp | 106 bp | 119 bp | 346 bp |
| Substitutions^b | | | | | |
| Human | 13.93 | 11.96 | 5.98 | 4.98 | 8.34 |
| Chimp | 1.08 | 0.10 | 0.05 | 0.02 | 0.44 |
| LRT statistic ^c | 60.31 | 35.62 | 14.40 | 13.88 | 10.36 |

^aCoordinates from hg17 human genome assembly (build 35).

^bExpected number of substitutions reported by the phyloP program.

^cFDR adjusted $p < 4.5e-4$ for all five LRTs.

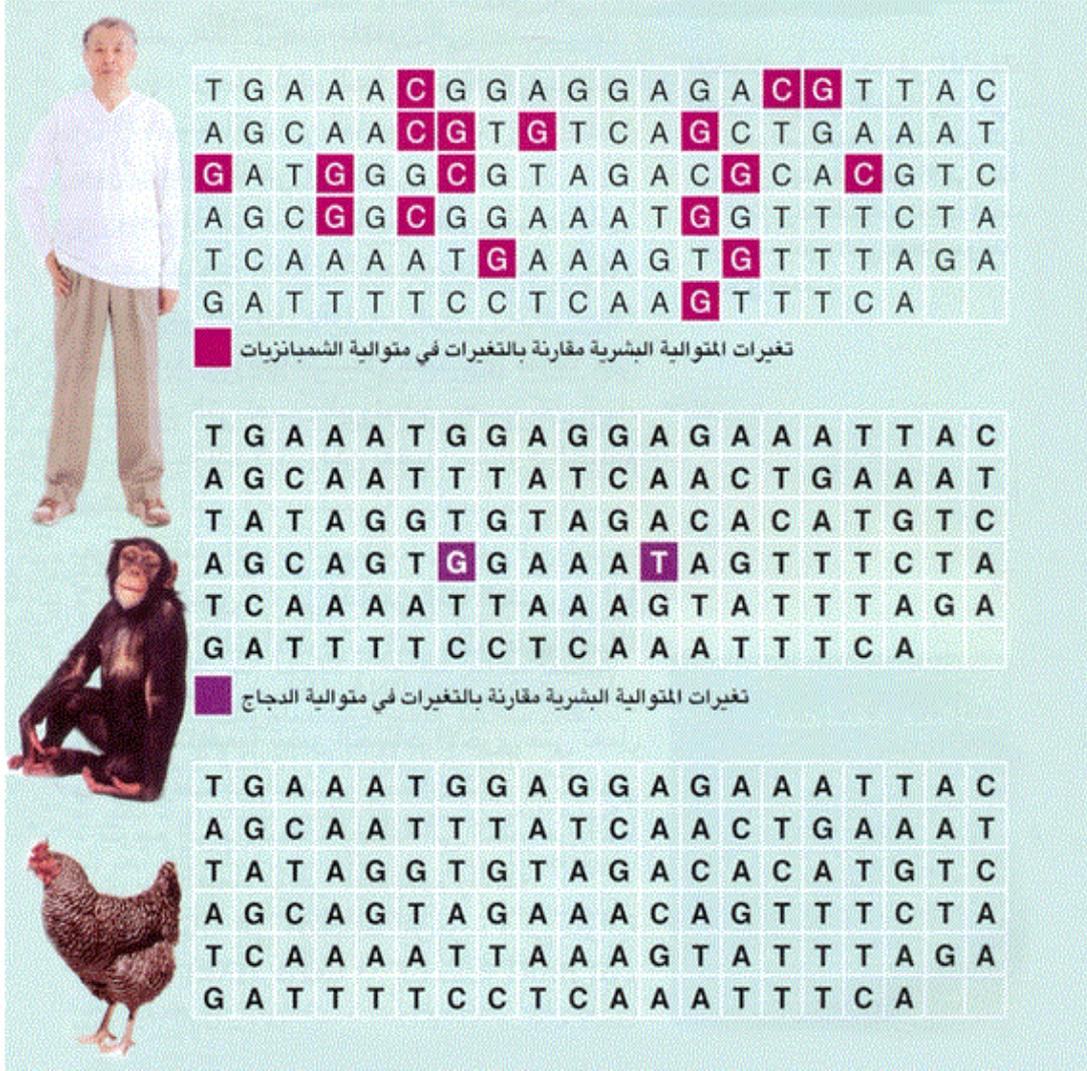
DOI: 10.1371/journal.pgen.0020168.t001



الشكل رقم (4) عدد مجلة SCIENTIFIC AMERICAN الشهيرة بعنوان: ما الذي يجعلنا بشراً؟

متنوعة بعضها معقدة للغاية أسهمت في تطور التشريح العصبي للإنسان. وجد تسلسل HAR1 في الشمبانزي ولكنه لا يوجد في الأسماك ولا الضفادع المدروسة، أيضاً هناك 18 قاعدة زوجية مختلفة بين الإنسان والشمبانزي. تسلسل HAR2 ساهمت في تطور إبهام يد الإنسان وأيضاً ساهمت في تعديلات الكاحل والقدم التي تسمح للإنسان بالمشي على قدمين. في مجلة SCIENTIFIC AMERICAN الشهيرة عدد كانون الثاني 2009 والتي تقوم بتعريبها مؤسسة الكويت للتقدم العلمي أخذت المجلة لها عنواناً رئيسياً في ذلك العدد وهو ما الذي يجعلنا بشراً؟ WHAT MAKES US HUMAN? قامت الباحثة كاتبة المقال بدراسة متواليات DNA في أحد المورثات ويُطلق عليه HAR1 وقامت بدراسة هذا

المورث في كل من الإنسان والشمبانزي والدجاج واكتشفت أن المتواليات لل DNA بين الشمبانزي والدجاج تختلف في قاعدتين فقط من أصل 118 قاعدة بينما يصل الاختلاف بين الإنسان والشمبانزي إلى 18 قاعدة.



الشكل رقم (5) المتواليات HARI بين الشمبانزي والدجاج والإنسان

وهذا يُشكك في دلالة الـ DNA وقدرته على التمييز بين الكائنات الحية المختلفة وأن الأمر لا يعدو كونه مجرد متواليات لقواعد نيروجينية وليس معنى أن مقاس حذاء الإنسان أقرب لمقاس حذاء التمساح من مقاس حذاء الفيل أننا والتماسيح من أصل واحد فهذه سطحية في البحث ودجل بإسم العلم، فالإنسان لا يمكن تصنيفه كالأشياء بمجرد دراسة مجموعة المتواليات النيروجينية التي تُكون خلاياه أو بدراسة حجم الجمجمة.

2.2. عائلة المورثات MCPH

إن أغلب ما يميّز لغة البشر عن التواصل الصوتي في الأنواع الأخرى لا يأتي من سبل جسدية Means Physical بل من القدرة الإستعرافية، التي ترتبط في كثير من الأحيان بحجم الدماغ. والرئيسات Primates تمتلك بوجه عام أدمغة أكبر مما يُتوقع من حجم أجسادها. ومن

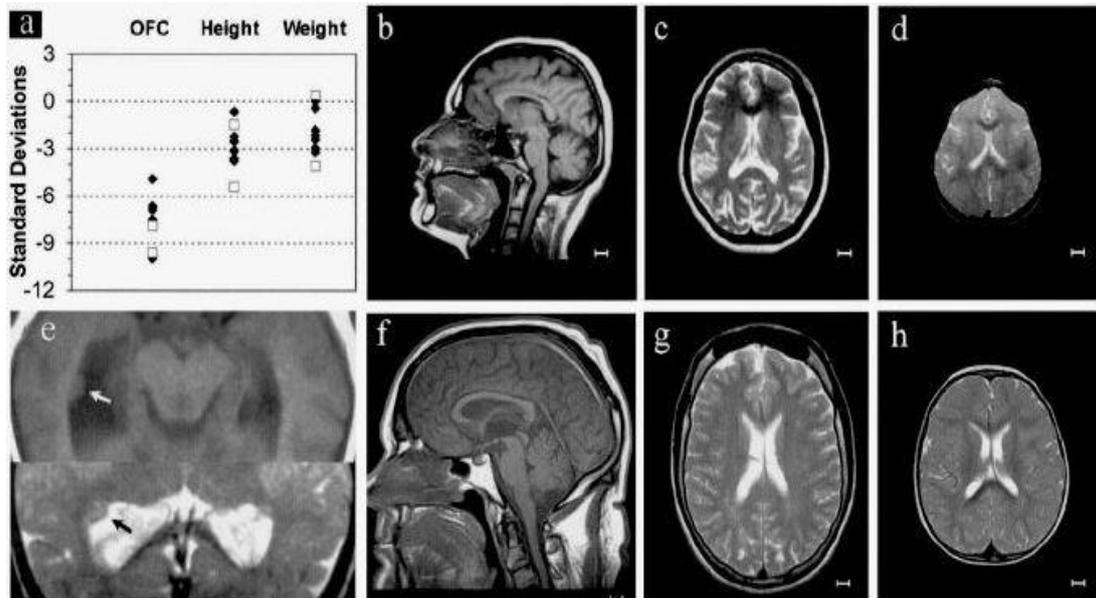
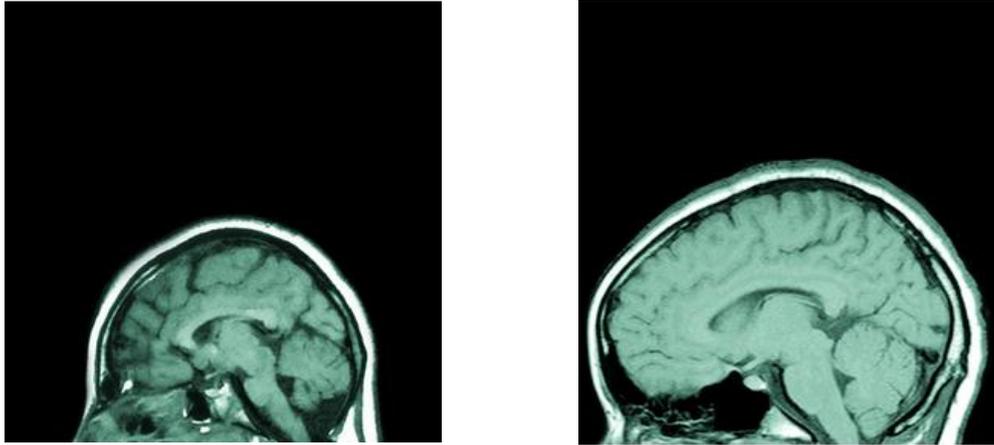
بين أفضل الأمثلة التي تمت دراستها على مورثة متعلقة بحجم الدماغ في البشر والحيوانات الأخرى نجد المورثة MCPH5 (ASPM)، فلقد أدت الدراسات الوراثة للبشر المصابين بالحالة المعروفة بصغر الرأس Microcephaly، والتي يتضاءل فيها حجم الدماغ بنحو 70 في المئة، إلى كشف دور المورثة ASPM وثلاث المورثات أخرى هي:

MCPH1(Microcephalin MCPH1)
MCPH3 (CDK5RAP2)
MCPH6 (CENPJ)

في التحكم في حجم الدماغ وكذلك المورثات:

MCPH2(WDR62)
MCPH4(CEP152)
MCPH7(STIL SCL/TAL1)

قد تكون التغيرات الحادثة في بعض متواليات الجينوم لها تأثيرات مثيرة (دراماتيكية) في الدماغ. فعلي سبيل المثال، تؤدي طفرات المورثة ASPM إلى تقليص حجم الدماغ بدرجة كبيرة، مما يشير إلى أن هذه المورثة تؤدي دوراً رئيسياً في تطور الحجم الكبير للدماغ في البشر.



الشكل رقم (6) تؤدي طفرات المورثة ASPM إلى تقليص حجم الدماغ بدرجة كبيرة

الفصل الثالث

مواد البحث وطرائقه Materials and Methods

1.1.3. لغة البرمجة MATLAB

استخدم في هذا البحث برنامج MATLAB نسخة (R2013a) حيث يعد البرنامج الأشهر في الأوساط العلمية، إذ يستخدم هذا البرنامج في معظم المسائل العلمية والهندسية، وبعد نمذجة أي مسألة أو ظاهرة يأتي بعدها دور هذا البرنامج ليتعامل مع تلك البرامج ويحللها بأبسط الطرق وأحدثها وأيسرها برمجة، ومن الجدير ذكره بأن هذا البرنامج يعمل في أكثر من 200 معهد وكلية في الولايات المتحدة الأمريكية فقط، عدا تلك المعاهد في أوروبا وبقية العالم.

وتعتبر لغة MATLAB لغة برمجية عالية الأداء تستخدم لحل العديد من المسائل التقنية حسابياً، خاصة التي يعبر عنها بمصفوفات والتي تحتاج إلى جهد كبير لبرمجتها بلغات البرمجة الأخرى مثل لغة C و FORTAN. حيث أتت تسمية هذه اللغة من إختصار التعبير MATrix LABoratory (مختبر المصفوفة).

يؤمن برنامج MATLAB أدوات واجهة التخاطب الرسومية Graphical User Interface (GUI) التي تجعلك تتعامل مع البرنامج على أنه أداة تطبيقية مطوّرة.

2.1.3. تاريخ شركة MathWorks

شركة MathWorks هي شركة خاصة متوسطة الحجم متعددة الجنسيات متخصصة في برامج الحوسبة التقنية. منتجاتها الأساسية هي ماتلاب وسيميولينك. أكثر من مليون مهندس وعالم في أكثر من 100 دولة في كل قارات العالم السبع يستخدمون ماتلاب وسيميولينك. أصبحت تلك الأدوات أساسيتين للعمل في أكثر شركات التقنية إبداعاً والمعامل البحثية والمؤسسات المالية وأكثر من 3500 جامعة.

أدرك المؤسسون أهمية وجود بيئة حسابات علمية قوية بين المهندسين والعلماء تتعدى ما تقدمه لغات البرمجة الأخرى مثل فورتران والسي. وتلبية لتلك الاحتياجات قاموا بدمج خبراتهم في الرياضيات والهندسة وعلوم الحاسب لتطوير بيئة حوسبة تقنية قوية وهي ماتلاب. ماتلاب يجمع بين دوال رياضية ورسومية شاملة ولغة عالية المستوى. بالإضافة إلى ماتلاب تقوم ماثوروكس بتطوير وتسويق سيميولينك وهي أداة محاكاة لمحاكاة الأنظمة الديناميكية اللاخطية. تقوم الشركة أيضاً بتطوير وتسويق العديد من الإضافات لتخاطب مجالات بعينها مثل معالجة الإشارات والاتصالات ومعالجة الصور والقياس والحوسبة البيولوجية والنمذجة والتحليل المالي.

www.mathworks.com

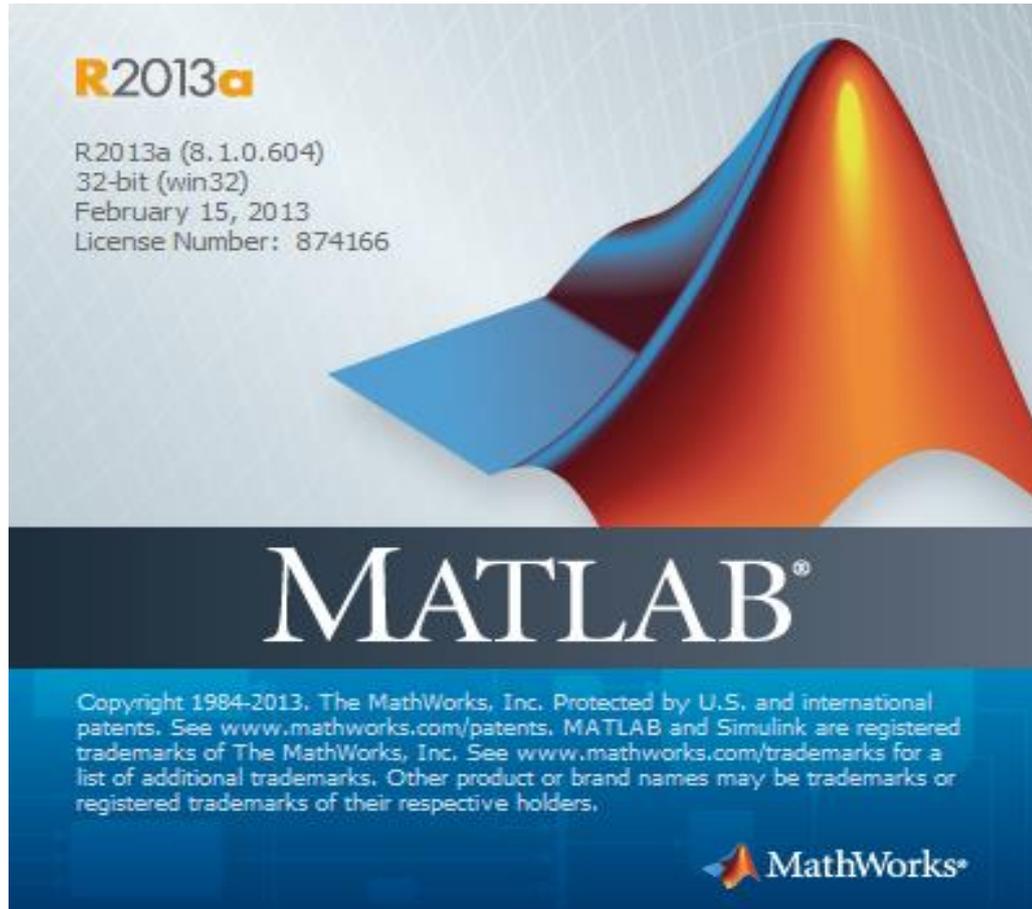
الموقع الإلكتروني

3.1.3. تشغيل برنامج MATLAB

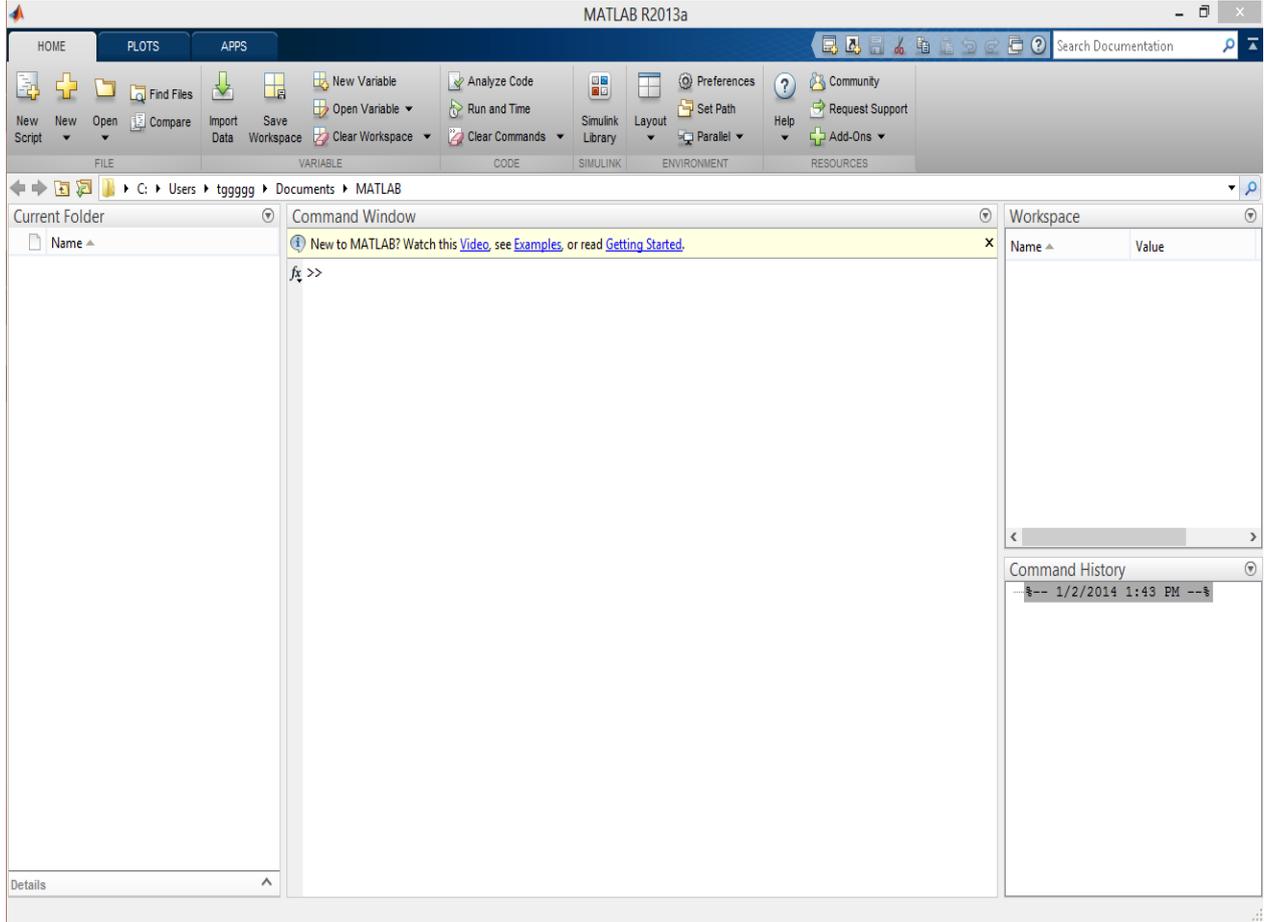
يتم تشغيل البرنامج بأحد الطرق التالية:

1- بعد تنصيب برنامج MATLAB على الحاسب. يتم إضافة رمز أيقونة البرنامج على سطح مكتب الحاسب ويتم فتحه عند النقر على الأيقونة بنقرتين مزدوجتين Double Click.

2- أو عن طريق الذهاب إلى قائمة Start ومنها إلى برامج Programs ثم إسم البرنامج MATLAB. عندها سوف تظهر لنا شاشة تحمل أسم البرنامج MATLAB ونسخة الإصدار وسنة النشر كما في الشكل. ثم بعد ثواني قليلة تظهر نافذة البرنامج الرئيسية والتي تكون في بداية التشغيل، حيث تحتوي هذه النافذة كسائر البرمجيات التي تعمل تحت بيئة نظام Windows على نوافذ فرعية.



الشكل رقم (7) شاشة إسم البرنامج MATLAB



الشكل رقم (8) شاشة نافذة البرنامج الرئيسية (سطح مكتب MATLAB)

4.1.3. سطح مكتب برنامج MATLAB

عند تشغيل برنامج MATLAB ستظهر على شاشتك عدة نوافذ عنوان أحدها MATLAB وتسمى سطح مكتب برنامج MATLAB، تحوي هذه النافذة وتتحكم بجميع النوافذ الأخرى المكونة لبرنامج MATLAB. وحسب خيارات تنصيب البرنامج، فقد تكون بعض هذه النوافذ مرئية أو مخفية ضمن نافذة MATLAB.

5.1.3. مكونات نافذة MATLAB

تتكون نافذة MATLAB من الأجزاء التالية:

أ- نافذة الأمر Command Window: وهي نافذة لا يمكن الاستغناء عنها لأن بواسطتها يتم تنفيذ الأوامر وعرض النتائج التي نحصل عليها من تنفيذ تلك الأوامر وتكتب بعد علامة الحث (>>).

ب- نافذة ساحة العمل Workspace: وهي عن واجهة تخاطبية تسمح لك باستعراض وتحميل وحفظ متغيرات لغة MATLAB حيث تظهر قائمة تضم أسم المتغير وحجمه وعدد بياناته وصنفه (جميع متغيرات لغة MATLAB هي من صنف مصفوفة)

ج- نافذة الدليل الحالي Current Directory: وهي أيضا واجهة رسومية تحدد الدليل الحاوي للملف الذي يتعامل معه برنامج MATLAB.

د- نافذة المساعدة Help: وهي نافذة تخطيبية (رسومية) تسمح لك بالبحث واستعراض الوثائق بشكل مباشر.

هـ - نافذة الأوامر السابقة Command History: تمكنك هذه النافذة من إعادة تنفيذ الأوامر السابقة المنفذة في نافذة الأمر بدلاً من كتابتها مرة أخرى.



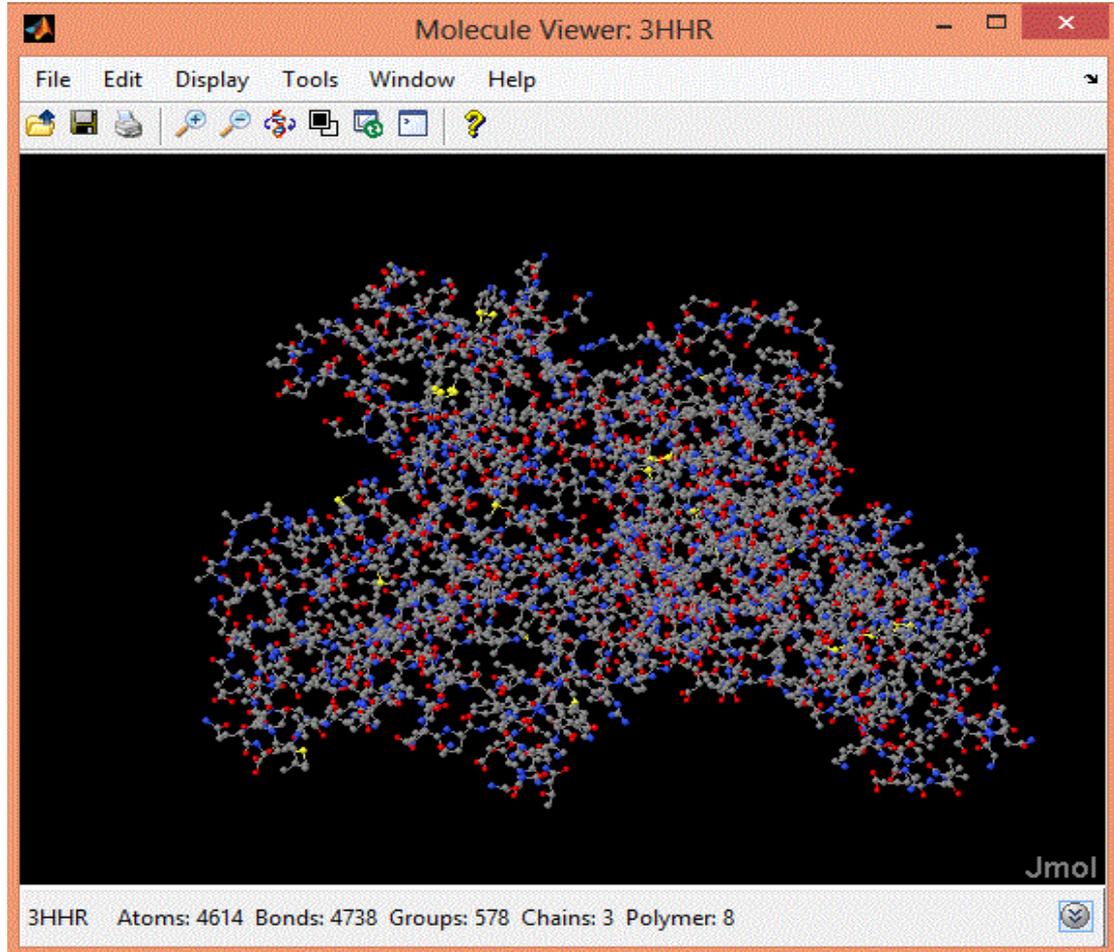
الشكل رقم (9) تومن واجهة المستخدم الرسومية للمستخدم للتفاعل مع الحاسب

6.1.3. واجهة المستخدم الرسومية GUI

تؤمن للمستخدم التفاعل مع الحاسب باستخدام أغراض وصور رسومية غالباً ما تتكون من ودجات أو كما تسمى أيضاً عناصر تحكم ونوافذ وقوائم منبثقة إضافة لنصوص توجه المستخدم لإستخدام أحداث مخصصة مثل نقر الفأرة إضافة لإدخال نصوص ليقوم الحاسب بما يريد المستخدم.

7.1.3. الرسوم البيانية

يزودنا برنامج MATLAB بالعديد من الإيعازات التي تظهر البيانات ثنائية الأبعاد وثلاثية الأبعاد.



الشكل رقم (10) البيانات ثلاثية الأبعاد باستخدام تطبيق Molecule Viewer ضمن برنامج MATLAB

2.3. تصميم البرنامج BIMAT

تم تصميم برنامج BIMAT بواسطة واجهة المستخدم الرسومية (GUI)، حيث إحتوى على قوائم منبثقة تضم كل منها مجموعة تعليمات،

القائمة المنبثقة الأولى (FASTA) مختصة بالتعامل مع صيغة FASTA وتتضمن أمر البحث عن الصيغة (Open FASTA File) ضمن ملفات الحاسب بعد تنزيلها من بنك بيانات المعلوماتية الحيوية، ثم أمر عرض التسلسل النكليوتيدي سواء أكان مشفراً أم لا أو التسلسل البروتيني (View Sequences) ثم أمر عرض معلومات عن التسلسل المعالج (View Sequences Info) ثم المحتوى النكليوتيدي (Nucleotide Composition) ثم عن محتوى GC ضمن كل تسلسل خاص بنوع معين على حدى (GC Content) ثم تأتي أوامر حساب المسافات الوراثية ((Distances (Jukes & Cantor 69)) و ((Distances (Kimura 80)) و ((Distances (Tamura 92 (3-Parameter)) و ((Distances (2-Parameter)) ومن ثم تأتي أوامر رسم شجرات القرابة وتم الإعتماد على طريقتين وهما: ((LogDet)) و ((Phylogeny (UPGMA)) و ((Phylogeny (Neighbor-Joining)) ثم يأتي دور الأمر (View Amino-Acid Sequences) ليقوم بتحويل التسلسل النكليوتيدي إلى تسلسل الأحماض الأمينية الموافقة مع التركيز هنا على ال Genetic Code ثم أمر (Number of Difference (aa) ليوضح عدد الاختلافات بين تسلسلات الأحماض الأمينية الناتجة

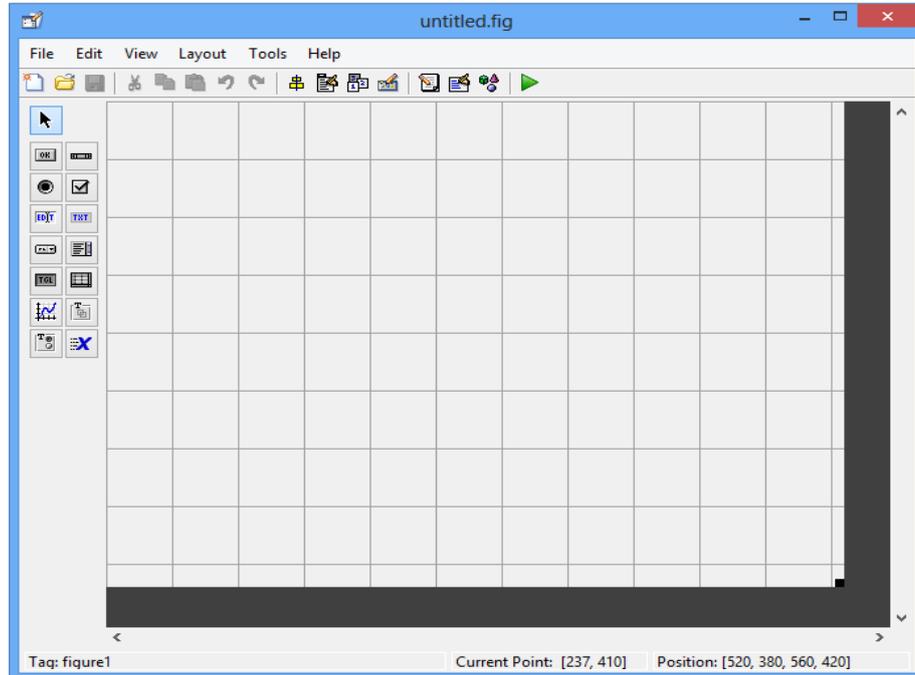
يأتي بعد ذلك أمر (Work New FASTA) والذي يحتوى بدوره على قائمة منبثقة تحتوى على أوامر يمكن من خلالها التعامل مع التسلسل المدروس دون إجراء تغيير جذري فيه فالأمر (Align FASTA File) يقوم بعملية التراصيف التسلسلي الضرورية جداً والأمر (Get FASTA From Website) يقوم بتشغيل المتصفح ووضع الرابط المطلوب جلب البيانات منه والأمر (Input New FASTA Sequences) بعد جلبه من بنك البيانات والأمر (Include Exclude Sequences /) الذي يسمح بإزالة تسلسل أو أكثر من التسلسلات المدروسة وطبعاً الإزالة لا تكون نهائية والأمر (Include / Exclude Sites) الذي يسمح بتعديل طول التسلسل المدروس والأمر (Rearrange Sequences By Similarity) الذي يسمح بإعادة ترتيب تسلسلات الأنواع المدروسة والأمر (Restore Sequences) الذي يعيد التسلسل إلى ما كان عليه بدايةً نعد للقائمة المنبثقة الأساسية ليأتي دور الأمر (Save as FASTA File) لنتمكن من حفظ التسلسل بصيغة FASTA في حال أردنا حفظ التعديلات وأخيراً الأمر (Close File) الذي يقوم بمسح النتائج الظاهرة على ال Command Window، لكن يجب التنويه هنا إلى أن النتائج تحفظ ضمن ملف (Kh_FASTA) وهذا الملف يُقرأ بعدة صيغ.

يأتي دور القائمة المنبثقة الثانية PHYLIP والتي تحتوى على نفس الأوامر والاختلاف فقط هو أن هذه الصيغة متعارف عليها هكذا وتعتمد عليها برامج أخرى، ولكن يفضل الإعتماد عليها إذا ما قمنا بعملية ترصيف تسلسلي لعدة تسلسلات.

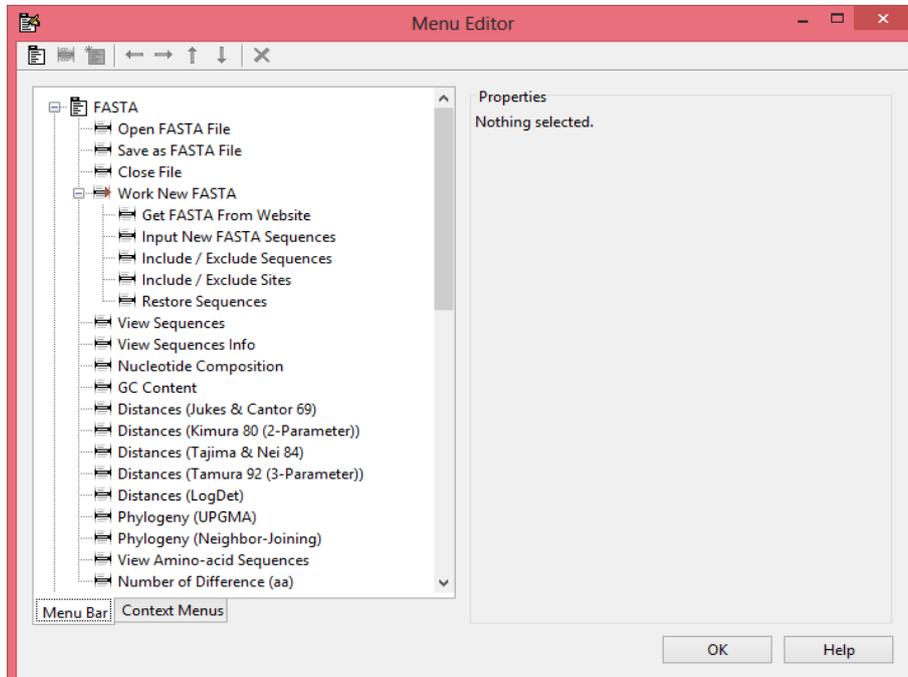
أما القائمة المنبثقة الثالثة والتي أخذت إسم (SNP) فهي ضمن التطوير وتختص بال Population.

والقائمة المنبثقة الرابعة (Mol Viewer) تختص بإظهار البنى ثلاثية الأبعاد. وأخيراً القائمة المنبثقة (Help).

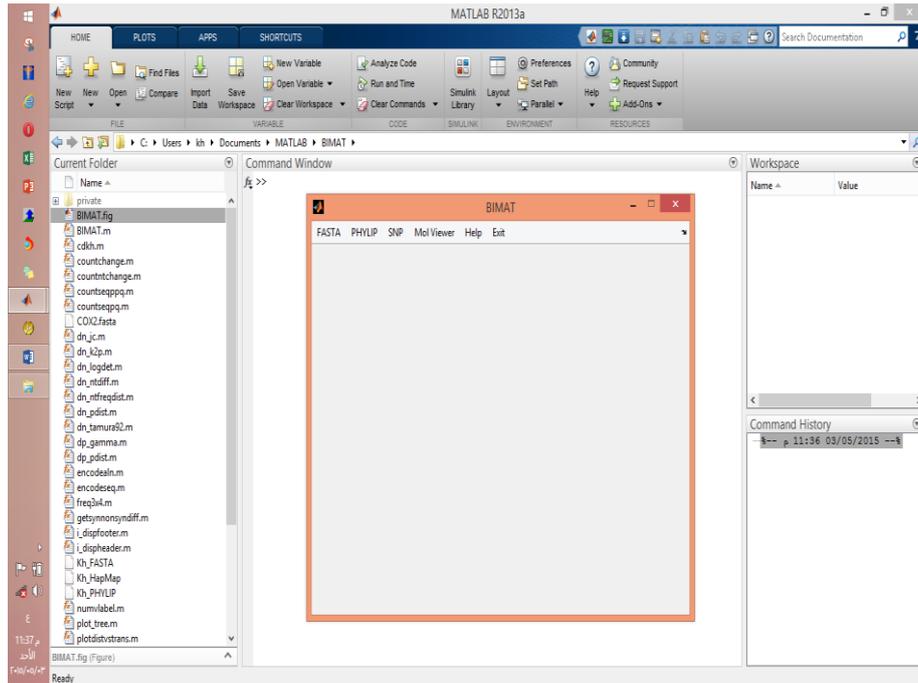
الأشكال التالية توضّح بعض الأفكار بالإضافة إلى ما تمّ تطويره من ناحية تحويل البرنامج إلى تطبيق أساسي ضمن MATLAB وكذلك تحويله لصيغة (.exe) أي أن البرنامج يعمل بدون تنصيب الـ MATLAB ولكن يحتاج إلى تنصيب أداة بسيطة (لا تأخذ وقتاً) وهي (MATLAB Compiler) ومتوفرة مجاناً على الإنترنت.



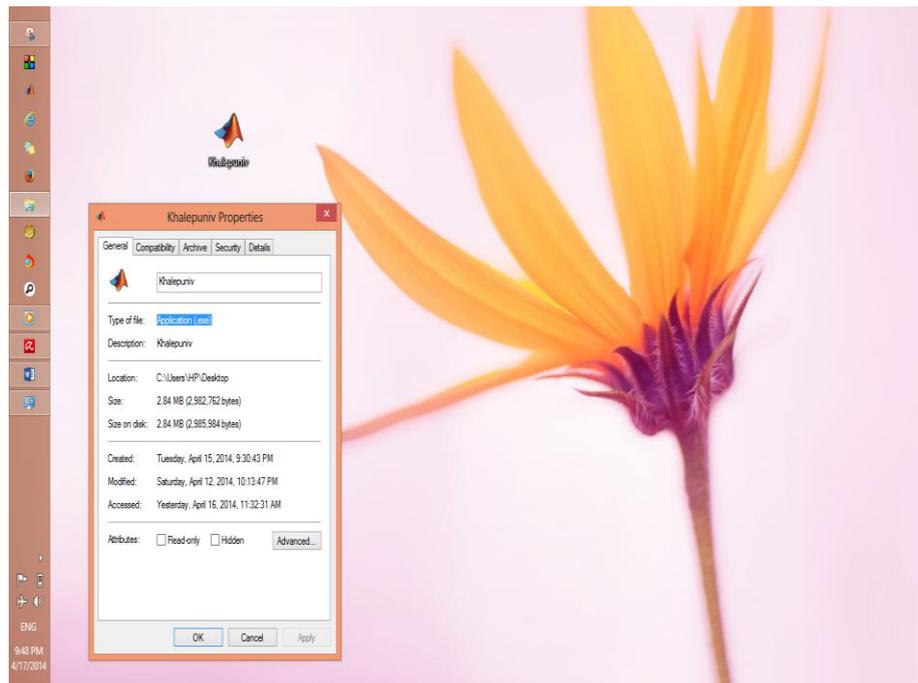
الشكل رقم (11) واجهة المستخدم الرسومية ضمن برنامج MATLAB



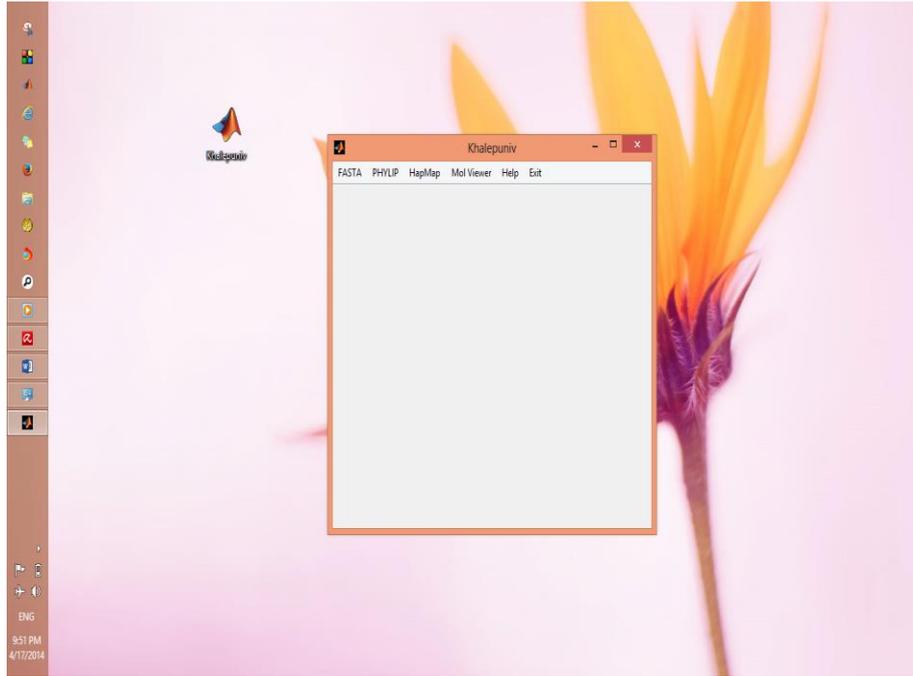
الشكل رقم (12) القائمة المنبثقة (تسمى أيضاً قائمة السياق أو قائمة الاختصارات) وهي عبارة عن قائمة توجد في واجهة المستخدم والتي تظهر عند تفاعل المستخدم



الشكل رقم (13) البرنامج BIMAT جاهز للتعامل مع البيانات



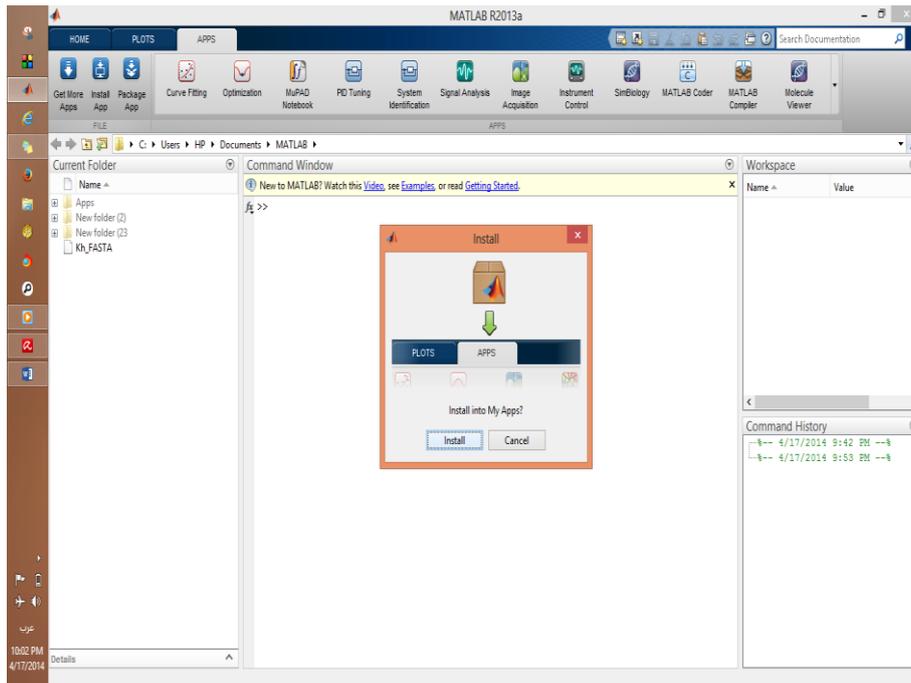
الشكل رقم (14) تحويل البرنامج لصيغة .exe. أي أنه يعمل بدون برنامج MATLAB



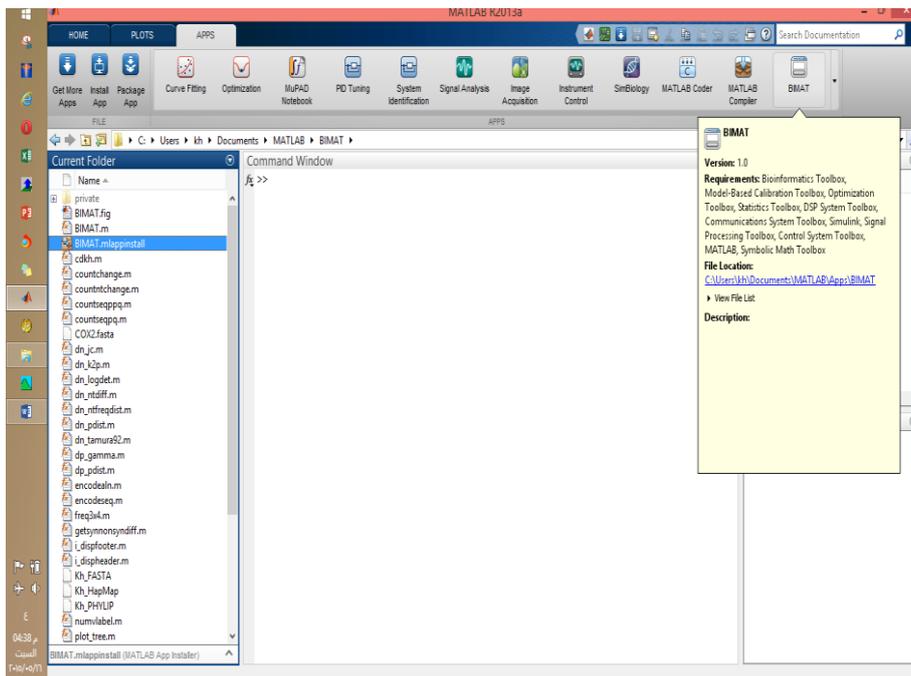
الشكل رقم (15) البرنامج يعمل بدون برنامج MATLAB



الشكل رقم (16) تحويل جسم البرنامج لصيغة (mlappinstall) MATLAB App Installer وهي أن يتعامل برنامج MATLAB مع برنامج BIMAT على أنه تطبيق أساسي ضمنه.



الشكل رقم (17) تنصيب البرنامج مع التطبيقات ضمن الـ main tabs وتحديداً الـ APPS



الشكل رقم (18) التطبيق BIMAT موجود ضمن الـ APPS

ملاحظات:

- البرنامج ضمن التطوير وقابل لإضافة ميزات وخوارزميات جديدة.
- البرنامج سهل الإستخدام جداً مقارنة بالبرامج الأخرى من ناحية تتابع التعليمات.
- البرنامج حالياً يقرأ صيغة FASTA وصيغة PHYLIP ويقوم بعملية التراصف التسلسلي (Alignment) ويُظهر البنية الجزيئية ثلاثية الأبعاد المعروفة بـ (.pdb) وفي مرحلة التطوير فيما يخص الـ (Population).

3.3. المركز العالمي لمعلومات البيوتكنولوجيا NCBI

تم استخدام قاعدة البيانات المتوفرة في المركز الوطني لمعلومات التكنولوجيا الحيوية أو NCBI، حيث يعد هذا المركز جزءاً من المكتبة الوطنية للطب في الولايات المتحدة (NLM) المتقرعة عن معاهد الصحة العالمية. ويضم المركز بيانات الجينات المتسلسلة في بنك الجينات وفهرساً لمقالات البحوث الطبية الحيوية في كل من PubMed و PubMed Central. فضلاً عن معلومات إضافية متعلقة بالتكنولوجيا الحيوية.

يتولى المركز العالمي لمعلومات التكنولوجيا الحيوية مسؤولية إتاحة معرفة قاعدة البيانات المتسلسلة للحمض النووي DNA في بنك الجينات منذ عام 1992. حيث ينسق بنك الجينات عمله مع المخابر الفردية وقواعد البيانات المتسلسلة الأخرى مثل المختبر الأوروبي للبيولوجيا الجزيئية (EMBL) وبنك اليابان لبيانات الحمض النووي (DDBJ).

مع تطور تكنولوجيا الإتصال وظهور الإنترنت تمكنت العديد من الجامعات ومراكز الأبحاث من الإتصال بالإنترنت مما جعل هذا النوع من قواعد البيانات متاحاً للعديد من فرق البحث وأصبح لهذه قواعد البيانات دور مهم في مختلف البحوث البيولوجية. هذا التطور الجديد غير الكثير من المعطيات في مجال الأحياء، حيث سمح التوفر السهل لهذه المعلومات للباحثين بمقارنة تركيب بروتين جديد مع بروتينات أخرى بطريقة أوتوماتيكية ومقارنة مورثات بعض الفيروسات مع فيروسات أخرى مما أمكن من تصنيف العديد من البكتيريا والفيروسات وبالتالي إمكانية الحصول على فكرة أولية لكيفية معالجة فيروس جديد وإمكانية تحديد فصيلته.

لضمان دقة المعلومات المخزنة في هذه القواعد أسست لجان مختصة في تنقيح والتدقيق فيها، فمثلاً إذا إكتشف فريق بحث بنية بروتين غير معروف أو تركيبية الحمض النووي لفيروس أوبكتريا أو أي كائن حي آخر يمكنها إرسال هذه المعلومة إلى قاعدة البيانات المختصة حيث يتم مراجعتها ومراجعة الطريقة التي أجريت بها التجارب ومن ثم إضافتها. ومع تضاعف حجم هذه البيانات بطريقة أسية (Exponential Growth) بدأ أداء هذه القواعد في التردى حيث أن عملية البحث أصبحت تستغرق وقتاً أكبر مما إستدعى، تطوّر خوارزميات فعالة للمقارنة بين مختلف السلاسل. في سنة 1970 قام نيدلمان ووينتس (Needleman-Wunsch) بتصميم خوارزمية لمقارنة سلسلتي بروتين ثم أتى سميث وواترمان في سنة 1981 وقاما بتطوير برنامج أسرع يعتمد على مبدأ البرمجة الدينامية.

للأسف هذا لم يكن كافياً فمع تطوّر تقنيات تشفير الحمض النووي واستخلاص سلاسل البروتين أصبح بمقدور العلماء تشفير جينات تحتوي على ملايين النوكليوتيدات فأصبح من الضروري إيجاد طرق بحث فعالة أكثر للبحث عن سلسلة في وسط بحر من الرموز. فتمّ تطوير برنامج بلاست (BLAST) للبحث في ظرف لا يتعدى دقائق والبحث عن سلاسل مشابهة للسلسلة

المرجوا البحث عنها في مختلف الكائنات. ويعتبر برنامج بلاست من البرامج الأكثر إستعمالاً من طرف علماء الأحياء إلى الآن وهو يعتبر من الأدوات الأساسية لكل طالب أحياء. إلى غاية بدايات القرن العشرين كان إهتمام علماء المعلومات الحيوية منصباً على كيفية تحسين طرق مقارنة السلاسل والشفرات الوراثية بطرق تكون ذات معنى بيولوجي، أكثر وتطور خوارزميات لتحديد ما إذا كانت شفرة وراثية ما تمثل مورثاً أم لا وما هي الأجزاء التي تكوّن هذا المورث.

في سنة 1990 قام المعهد الوطني للصحة الأمريكي بإطلاق مشروع طموح يتمثل في تشفير جينوم الإنسان ووضعوا لذلك مخططاً لمدة 15 سنة وميزانية تقدر بثلاثة بلايين دولار. شارك في المشروع مئات من العلماء وبالإضافة إلى المخابر الأمريكية كان فيه عدة مخابر موزعة على 18 دولة. قد يتسأل أحد لماذا هذا العدد الهائل من الموارد البشرية والمالية؟ والإجابة تعود لنوع تقنية التشفير آنذاك إذ كانت تعتمد على طريقة تحليل الحمض النووي المطوّرة من طرف فريدريك سانغر (Frederick Sanger) والتي كانت بطيئة نوعاً ما. ونظراً لكبر حجم الجينوم البشري (حوالي 3.3 بليون زوج قاعدي) فقد تم تقطيع الحمض النووي إلى أجزاء تحتوي على أجزاء مشتركة وتم توزيع كل جزء على مختبر ليقوم بتشفيره بشكل مشابه للعبة تركيب الصور المقطّعة.

تمكّن العلماء من إكمال المشروع بخمس سنوات قبل الوقت المحدد وقاموا في سنة 2000 بنشر نسخة أولية عن الحمض النووي وتم نشر النسخة النهائية سنة 2003. لكن كانت فيه في بعض الأحيان تصحيحات طفيفة وآخر تصحيح كان سنة 2009. ويمكن لأي إنسان أن يتصفح الجينوم البشري في موقع جامعة كاليفورنيا في سانتا كروز (UCSC).

بعد نهاية المشروع ظنّ الناس أنها بداية النهاية وأن كل الأمراض سوف تشفر وسوف نقضى على مرض السرطان وغيره لكن إكتشف العلماء أنها فقط نهاية البداية وأن الطريق ما زالت طويلة. حيث تم إكتشاف عدّة مفاجآت، الأولى: هي أن فقط نسبة واحد بالمئة من الحمض النووي تقوم بدور في الخلية أو ما يسمى المورثات أما الباقي فهو فقط نفايات مما أدى إلى ظهور عدد من التساؤلات. والثانية: هو أن عدد المورثات المرتمزة للبروتين أقل بكثير مما كان يُتوقع، حيث قدر العلماء في البداية وجود على الأقل 100000 مورث نظراً لتعقد بنية الإنسان لكن المفاجئة كانت أن جسم الإنسان يحتوي فقط على حوالي 20000 إلى 25000 مورث وهو عدد أقل بكثير من عدد المورثات الموجودة في بعض الحشرات. مما أثبت أن التعقيد البنيوي للكائنات لا يعكس بالضرورة تعقيداً على مستوى الخلية. وفي هذا السياق إذا كان هذه الأمر عاملاً مهماً في التطور فيجب علينا أن نتوقع علاقة طردية بين الكروموسومات أو كتلة الحمض النووي أو عدد المورثات ومدى تعقيد الكائن الحي ومكانه داخل شجرة التطور وأن تزداد في كل خلية تصاعدياً من الكائنات البسيطة مروراً بالأكثر تعقيداً فتمتلك البكتيريا والكائنات الحية وحيدة الخلية الأخرى أقل قدر من الحمض النووي مقارنة بالكائنات الحية المعقدة مثل الإنسان.

كان المتوقع وجود علاقة إيجابية بين التعقيد العضوي وعدد المورثات، وحجم الجينوم وعدد الكروموسومات ولكن الأدلة تشير إلى عكس ذلك. فنجد أن عدد المورثات في البشر 25000 مورث بينما يمتلك نبات الأرز 50000 مورث. وفيما يتعلق بحجم الجينوم نرى أن نوع من البكتيريا (Epulopiscium fishelsoni) يحمل 25 ضعف الحمض النووي للخلية البشرية، وواحد فقط من مورثاته تم تكراره ومع ذلك لا يزال الكائن الحيوان مجرد بكتيريا.

من حيث عدد الكروموسومات، لا نجد أي علاقة بين عددها والعلاقات الفيلوجينية المفترضة كمثل: *Cambarus clarkia* (جراد البحر) يحمل 200 كروموسوم، الكلب والدجاج 78 كروموسوم، الإنسان 46 كروموسوم، وبالعكس التوقع الذي تضعه فرضية الإزدواج نرصد 'التباين داخل النوع' على سبيل المثال، نرى أن نبات الأقحوان يمتلك ما بين 18، 27، 36، 90، 72، 54 و 198 و 26 و 37 كروموسوم. ومع ذلك لا يزال أقحوان. وداخل فصيلة النخيل *Arecaceae* يتراوح عدد كروموسومات القياسية بين 26 و 36، فيما عدا جنس واحد *Voanioala*، لديه نحو 600 كروموسوم ولكنه لا يزال داخل فصيلة النخيل.

من الناحية المرضية نحن لا نستطيع الزعم بأن الإنسان متطور عن الفأر، نظراً لأن الفأر يصاب بسرطان الدم كما الإنسان، ولا أنه تطور عن الخنازير لمجرد وجود مرض تصلب الشرايين عندها كما لدى الإنسان، وكذلك الحصاة الصفراء في الأرانب، والتهاب الكبد في الكلاب والثيران. إن من الطبيعي أن يصيب الإنسان والحيوان النوع نفسه من الفيروس أو البكتيريا، وليس في هذا دلالة على أن المنشأ واحد، بل إن هناك أمراضاً تصيب الإنسان كما تصيب الطيور والدجاج التي تعد من الناحية البيولوجية بعيدة جداً عن الإنسان، فإن نحن أرجعنا الإنسان إلى الدجاج فسيكون هذا إبتعاداً لقربا القرد للإنسان.

4.3. المورثة GH1

تأتي أهمية المورثات المدروسة لهذا المشروع من أهمية وظائف الهرمون أو الأنزيم التي تقوم بتشفيره.

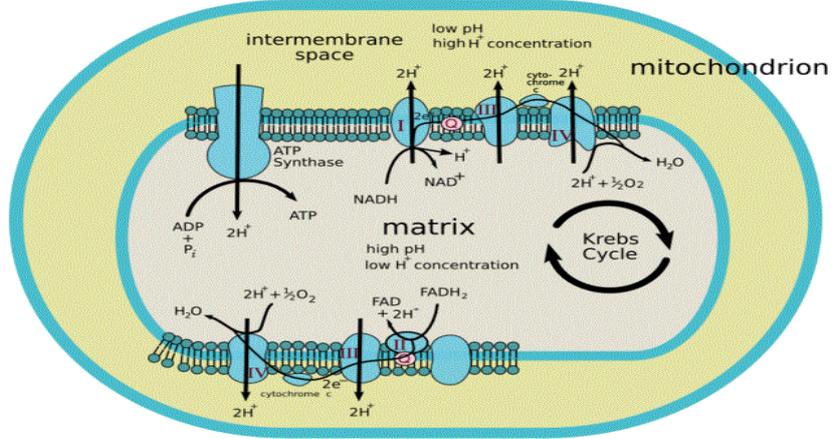
تم استخدام تسلسلات هرمون النمو Growth hormone (GH)، حيث أنه هرمون بروتيني ببتيدي يقوم بتحفيز النمو وتحفيز تكاثر الخلايا وتجديدها في البشر وبعض الحيوانات الأخرى. يدعى هرمون النمو 1 (GH1) الذي يفرز طبيعياً في الحيوانات بهرمون السوماتوتروبين Somatotropin، وبالإضافة إلى زيادة الطول عند الأطفال والمراهقين، يملك هرمون النمو تأثيرات أخرى كثيرة في الجسم.

5.3. عائلة مورثات الأنزيم NADH dehydrogenase

إن نازعة أن أي دي إتش (NADH dehydrogenase) هي إختصار لمجموعة العناصر التي هي: ثنائي نيوكليوتيد الدينين نيكوتيناميد مع الهيدروجين، يختصر بـ NADH، وهو أنزيم موجودة في جميع الخلايا الحية.

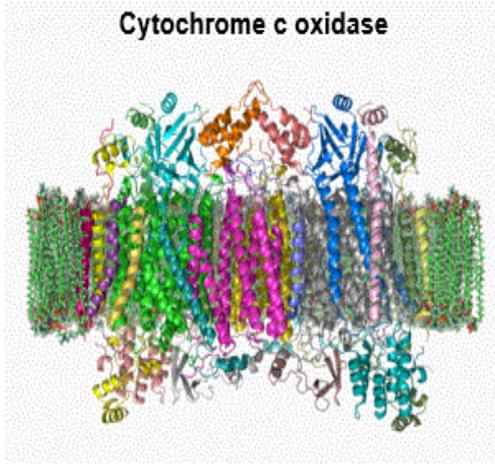
أما سلسلة نقل الإلكترون (transport chain electron) فهي العملية الخلوية التي تترافق مع الحوامل الإلكترونية electron carrier مثل NADH و FADH₂ إضافة لتفاعلات كيميائية حيوية وسيطة تقوم بإنتاج نهائي للأدينوزين ثلاثي الفوسفات (ATP)، وهو وحدة الطاقة الأساسية للحياة في المتعضيات.

Mitochondrial Electron Transport Chain



الشكل رقم (19) سلسلة نقل الإلكترون

6.3. عائلة مورثات أنزيم سيتوكروم سي أوكسيديز



(Cytochrome C Peroxidase)

أنزيم يعد مفتاح إنجاز العديد من العمليات الضرورية للكائن الحي مثل عملية الفسفرة التأكسدية (Oxidative phosphorylation) والتي تتضمن جمع و تخزين الطاقة خلال عملية تكوين الـ ATP. يعد أنزيم سايتوكروم سي أوكسيديز الأنزيم الرئيسي الذي يتيح إنتاج الطاقة من الأكسجين وهو العنصر النهائي في سلسلة نقل الإلكترون.

تستخدم تجربة الأكسيداز لتحديد

سلالات البكتيريا في علم الأحياء الدقيقة.

الشكل (20) أنزيم سيتوكروم سي أوكسيديز

7.3. الأنواع المدروسة



الشكل رقم (21) {sheep} [*Ovis aries* (sheep)]



الشكل رقم (22) {dgpig} [*Cavia porcellus* (domestic guinea pig)]



الشكل رقم (23) {gpanda} [*Ailuropoda melanoleuca* (giant panda)]



[*Ceratotherium simum simum* (southern white rhinoceros)] {swrhinoceros} الشكل رقم (24)



[*Equus caballus* (horse)] {horse} الشكل رقم (25)



[*Erinaceus europaeus* (western European hedgehog)] {wehedgehog} الشكل رقم (26)



[*Macaca fascicularis* (crab-eating macaque)] {cemacaque} الشكل رقم (27)



الشكل رقم (28) { rmonkey} [*Macaca mulatta* (Rhesus monkey)]



الشكل رقم (29) { ghamster} [*Mesocricetus auratus* (golden hamster)]



الشكل رقم (30) { dcat} [*Felis catus* (domestic cat)]



الشكل رقم (31) { chimpanzee} [*Pan troglodytes* (chimpanzee)]



[*Pan paniscus* (pygmy chimpanzee)] {pchimpanzee} (32) الشكل رقم



[*Nomascus leucogenys* (northern white-cheeked gibbon)] {nwcgibbon} الشكل رقم (33)



[*Pongo abelii* (Sumatran orangutan)] {sorangutan} (34) الشكل رقم



[*Pteropus alecto* (black flying fox)] {bffox} (35) الشكل رقم



[*Sus scrofa* (pig)] {pig}(36) الشكل رقم



[*Lipotes vexillifer* (Yangtze River dolphin)] {yrdolphin}(37) الشكل رقم



[*Loxodonta africana* (African savanna elephant)] {aselephant}(38) الشكل رقم



[*Gorilla gorilla* (western gorilla)] {wgorilla}(39) الشكل رقم



[*Tarsius bancanus* (Horsfield's tarsier)] {htarsier} (40) الشكل رقم



[*Tarsius syrichta* (Philippine tarsier)] {ptarsier} (41) الشكل رقم



[*Hydrolagus lemures* (blackfin ghostshark)] {bghostshark} (42) الشكل رقم



[*Mus musculus musculus* (eastern European house mouse) (43) الشكل رقم]{eehmouse}

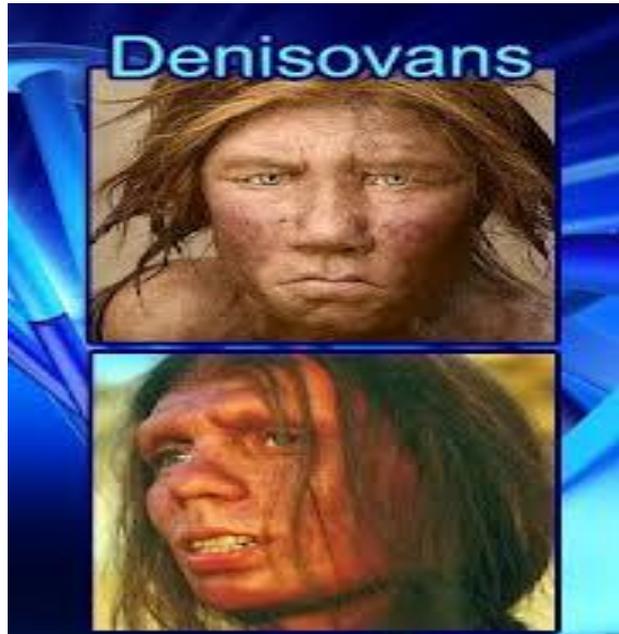


الشكل رقم (44) {neanderthalensis} [*Homo sapiens neanderthalensis*]



[*Homo sapiens* (human)]

الشكل رقم (46)



[*Homo sapiens ssp_ Denisova* (Denisova hominin)]
{dhominin}

الشكل رقم (45)

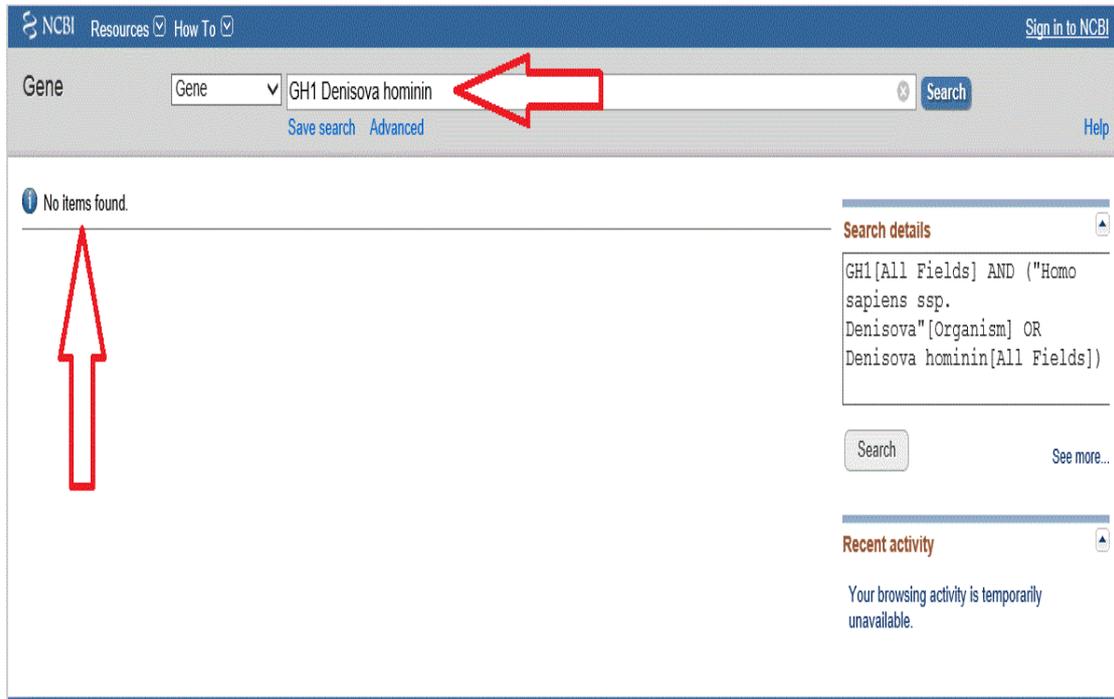


الشكل رقم (47) {wcfrog} [*Xenopus (Silurana) tropicalis* (western clawed frog)]

الفصل الرابع

Results and Discussion المناقشة والنتائج

بعد تشخيص أخطاء Debugging برنامج BIMAT وأمتلته Optimizing وذلك من خلال معايرته ببرنامج CLCGenomicsWorkbench 7.0.3 وبرنامج BioEdit، وبالتالي أصبح من الممكن الإعتماد عليه كباقي البرامج المعايير معها. تمت الدراسة على مورث هرمون النمو والمعروف بـ(GH1) ثم تم تأكيد الدراسة من خلال دراسة عائلة المورث 6=>1 NADH Dehydrogenase Subunit 1 وكذلك تم تأكيد الدراسة أكثر بدراسة عائلة المورث 3=>1 COX1 Cytochrome C Oxidase Subunit 1 وذلك على الأنواع السابقة.



الشكل رقم (48) توضيح لكيفية البحث عن الأنواع للمورثات المدروسة

حيث إعتمدت الدراسة على جلب كل تسلسل نكليوتيدي للمورثة المدروسة للأنواع المدروسة ومن ثم تم تعديل الـ Accession Number بالإسم العلمي الكائن المدروس مع وضع إختصار موضح معناه بجانب الإسم العلمي للأنواع السابقة وكانت نتائج دراسة التسلسلات النكليوتيدية لرسم شجرة القرابة للأنواع السابقة بإستثناء كل مما يلي (العدم وجود بيانات لها بالنسبة لمورثة هرمون GH1) كالتالي:

- [Homo sapiens neanderthalensis]
- [Tarsius syrichta (Philippine tarsier)]
- [Tarsius bancanus (Horsfield's tarsier)]
- [Loxodonta africana (African savanna elephant)]
- [Homo sapiens ssp_ Denisova (Denisova hominin)]

الجدول رقم (2) نسب المحتوى النكليوتيدي و نسبة الـGC للمورثة GH1 للأنواع المدروسة

Nucleotide Composition

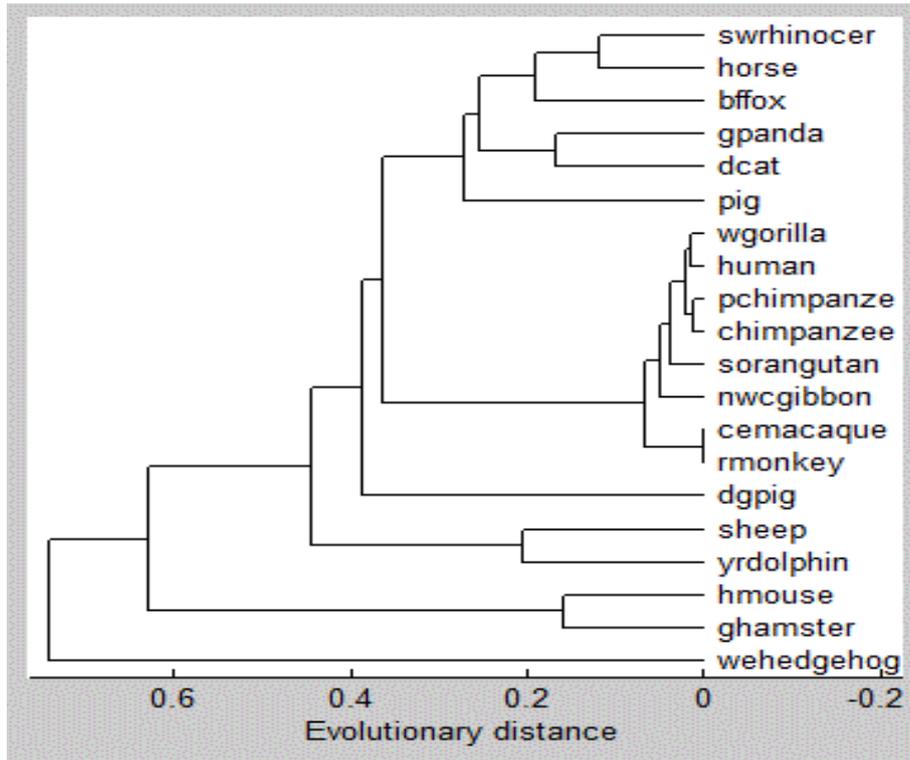
| | | |
|--|---|--|
| pig A - 301 (0.18) C - 499 (0.30) G - 533 (0.32) T - 331 (0.20) | Pchimpanze A - 447 (0.21) C - 603 (0.28) G - 580 (0.27) T - 488 (0.23) | Cemacaque A - 373 (0.23) C - 469 (0.28) G - 445 (0.27) T - 364 (0.22) |
| bffox A - 323 (0.20) C - 465 (0.29) G - 468 (0.30) T - 329 (0.21) | nwcgibbon A - 3481 (0.24) C - 3914 (0.27) G - 3719 (0.25) T - 3480 (0.24) | yrdolphin A - 339 (0.17) C - 620 (0.31) G - 634 (0.32) T - 383 (0.19) |
| sorangutan A - 352 (0.22) C - 461 (0.29) G - 423 (0.27) T - 352 (0.22) | ghamster A - 333 (0.21) C - 491 (0.30) G - 421 (0.26) T - 375 (0.23) | human A - 345 (0.22) C - 460 (0.29) G - 426 (0.27) T - 338 (0.22) |
| chimpanzee A - 311 (0.22) C - 407 (0.29) G - 382 (0.27) T - 298 (0.21) | rmonkey A - 351 (0.23) C - 432 (0.28) G - 420 (0.27) T - 349 (0.22) | wgorilla A - 1885 (0.25) C - 1923 (0.25) G - 1960 (0.26) T - 1776 (0.24) |
| Dcat A - 288 (0.18) C - 487 (0.31) G - 521 (0.33) T - 300 (0.19) | Gpanda A - 282 (0.17) C - 517 (0.31) G - 546 (0.33) T - 305 (0.18) | ===== GC CONTENT ===== pig - 0.62 bffox - 0.59 sorangutan - 0.56 chimpanzee - 0.56 pchimpanze - 0.56 nwcgibbon - 0.52 ghamster - 0.56 rmonkey - 0.55 cemacaque - 0.55 yrdolphin - 0.63 human - 0.56 wgorilla - 0.51 dcat - 0.63 wehedgehog - 0.67 horse - 0.60 swrhinocer - 0.59 gpanda - 0.64 dgpig - 0.58 hmouse - 0.52 sheep - 0.60 |
| wehedgehog A - 218 (0.17) C - 415 (0.33) G - 439 (0.35) T - 200 (0.16) | dgpig A - 319 (0.21) C - 467 (0.30) G - 422 (0.27) T - 330 (0.21) | |
| horse A - 299 (0.19) C - 481 (0.30) G - 490 (0.30) T - 343 (0.21) | hmouse A - 876 (0.23) C - 1009 (0.27) G - 960 (0.26) T - 915 (0.24) | |
| swrhinocer A - 327 (0.20) C - 493 (0.30) G - 487 (0.29) T - 355 (0.21) | sheep A - 313 (0.19) C - 502 (0.30) G - 498 (0.30) T - 353 (0.21) | |

الجدول رقم (4) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Kimura 80 (2-Parameter))

| | pig | bffox | sorangutan | chimpanzee | pehimpanze | negibbon | ghamster | rmonkey | cenacque | yrdolphin | human | wgorilla | deat | wehedgehog | horse | swhincor | gpanda | dppig | hmouse | sheep |
|------------|-------|-------|------------|------------|------------|----------|----------|---------|----------|-----------|-------|----------|-------|------------|-------|----------|--------|-------|--------|-------|
| pig | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| bffox | 0.017 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| sorangutan | 0.021 | 0.020 | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| chimpanzee | 0.019 | 0.020 | 0.002 | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| pehimpanze | 0.020 | 0.020 | 0.003 | 0.001 | | | | | | | | | | | | | | | | |
| negibbon | 0.021 | 0.020 | 0.004 | 0.003 | 0.005 | | | | | | | | | | | | | | | |
| ghamster | 0.029 | 0.026 | 0.031 | 0.025 | 0.030 | 0.031 | | | | | | | | | | | | | | |
| rmonkey | 0.021 | 0.020 | 0.005 | 0.004 | 0.005 | 0.005 | 0.031 | | | | | | | | | | | | | |
| cenacque | 0.021 | 0.020 | 0.005 | 0.004 | 0.005 | 0.005 | 0.032 | 0.000 | | | | | | | | | | | | |
| yrdolphin | 0.020 | 0.022 | 0.026 | 0.022 | 0.025 | 0.036 | 0.028 | 0.026 | 0.030 | | | | | | | | | | | |
| human | 0.021 | 0.020 | 0.003 | 0.001 | 0.001 | 0.004 | 0.030 | 0.005 | 0.005 | 0.025 | | | | | | | | | | |
| wgorilla | 0.020 | 0.019 | 0.003 | 0.001 | 0.003 | 0.005 | 0.030 | 0.005 | 0.004 | 0.025 | 0.001 | | | | | | | | | |
| deat | 0.016 | 0.015 | 0.020 | 0.018 | 0.019 | 0.020 | 0.027 | 0.021 | 0.021 | 0.019 | 0.019 | 0.019 | | | | | | | | |
| wehedgehog | 0.026 | 0.028 | 0.027 | 0.027 | 0.027 | 0.027 | 0.026 | 0.027 | 0.027 | 0.027 | 0.027 | 0.027 | 0.027 | 0.026 | | | | | | |
| horse | 0.016 | 0.012 | 0.019 | 0.017 | 0.019 | 0.019 | 0.027 | 0.019 | 0.019 | 0.018 | 0.018 | 0.018 | 0.018 | 0.014 | 0.027 | | | | | |
| swhincor | 0.016 | 0.011 | 0.019 | 0.017 | 0.019 | 0.019 | 0.028 | 0.020 | 0.020 | 0.022 | 0.019 | 0.019 | 0.019 | 0.015 | 0.026 | 0.008 | | | | |
| gpanda | 0.017 | 0.016 | 0.021 | 0.018 | 0.020 | 0.021 | 0.027 | 0.021 | 0.021 | 0.021 | 0.020 | 0.020 | 0.020 | 0.011 | 0.026 | 0.016 | 0.016 | | | |
| dppig | 0.020 | 0.021 | 0.021 | 0.018 | 0.020 | 0.021 | 0.027 | 0.021 | 0.021 | 0.023 | 0.021 | 0.021 | 0.021 | 0.021 | 0.025 | 0.020 | 0.020 | 0.021 | | |
| hmouse | 0.027 | 0.024 | 0.030 | 0.024 | 0.029 | 0.114 | 0.010 | 0.029 | 0.033 | 0.036 | 0.029 | 0.028 | 0.028 | 0.025 | 0.027 | 0.025 | 0.027 | 0.025 | 0.025 | |
| sheep | 0.021 | 0.023 | 0.024 | 0.022 | 0.024 | 0.024 | 0.028 | 0.024 | 0.024 | 0.013 | 0.024 | 0.024 | 0.024 | 0.022 | 0.028 | 0.021 | 0.022 | 0.023 | 0.024 | 0.026 |

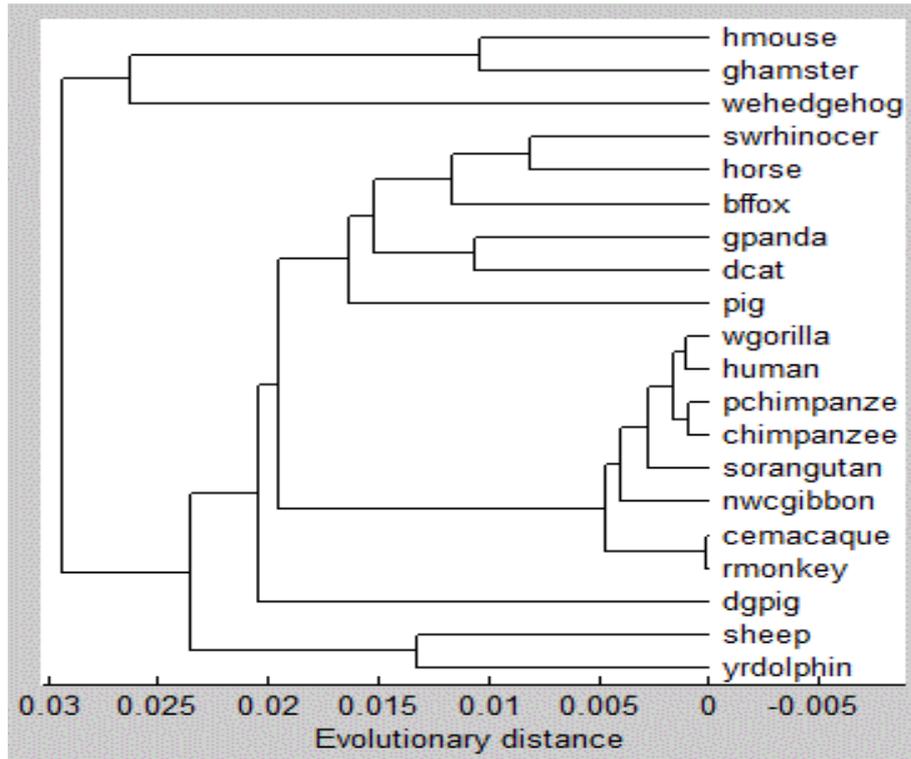
الجدول رقم (5) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (LogDet)

| | pig | buffox | sorangutan | chimpanzee | pchimpanze | mwgibbon | ghamster | rmonkey | cemacaque | yrdolphan | human | wgorilla | deat | wahedghog | horse | swhinocer | gpanda | gppig | hmouse | sheep | | | | | | | | |
|------------|------|--------|------------|------------|------------|----------|----------|---------|-----------|-----------|-------|----------|------|-----------|-------|-----------|--------|-------|--------|-------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| pig | 0.30 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| buffox | | 0.38 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| sorangutan | | | 0.37 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| chimpanzee | | | | 0.39 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| pchimpanze | | | | | 0.04 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| mwgibbon | | | | | | 0.01 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| ghamster | | | | | | | 0.05 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| rmonkey | | | | | | | | 0.61 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| cemacaque | | | | | | | | | 0.67 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| yrdolphan | | | | | | | | | | 0.08 | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| human | | | | | | | | | | | 0.70 | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| wgorilla | | | | | | | | | | | | 0.71 | | | | | | | | | | | | | | | | |
| deat | | | | | | | | | | | | | 0.00 | | | | | | | | | | | | | | | |
| wahedghog | | | | | | | | | | | | | | 0.55 | | | | | | | | | | | | | | |
| horse | | | | | | | | | | | | | | | 0.07 | | | | | | | | | | | | | |
| swhinocer | | | | | | | | | | | | | | | | 0.48 | | | | | | | | | | | | |
| gpanda | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.47 | | | | | | | | | | | |
| gppig | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.06 | | | | | | | | | | |
| hmouse | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.06 | | | | | | | | | |
| sheep | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.01 | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.34 | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.35 | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.78 | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.73 | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.24 | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.75 | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.70 | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.12 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.26 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.37 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.38 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.73 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.24 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.70 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.75 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.33 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.33 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.17 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.75 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.38 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.73 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.37 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.26 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.57 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.40 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.39 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.51 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.54 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.47 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.42 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.40 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.53 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.74 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.47 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.53 |

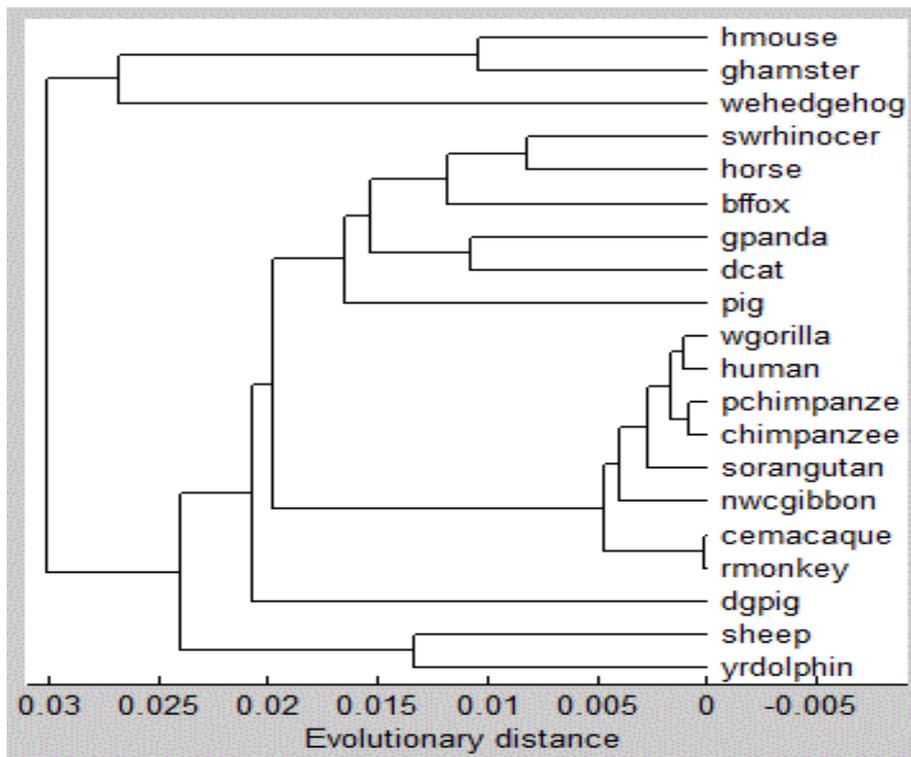


الشكل رقم (49) UPGMA Using LogDet Distanse [GH1 gene]

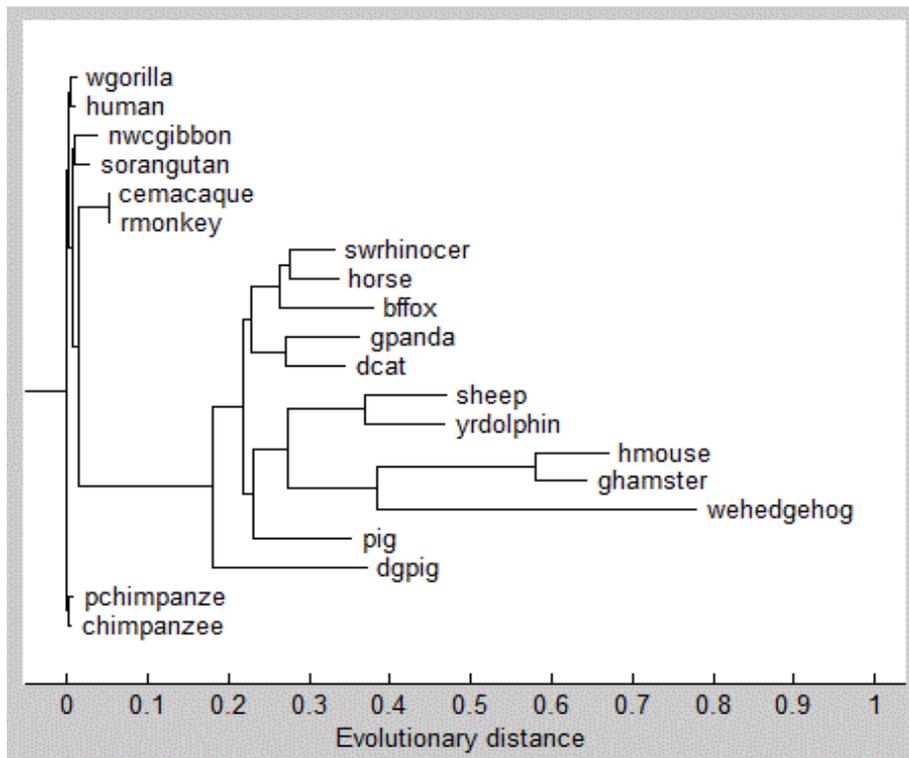
يتضح من شجرة القرابة أن السلف المشترك للإنسان هو مع الغوريلا وليس مع الشمبانزي، وأن السلف المشترك للحصان ووحيد القرن إن صحّت العلاقة يلتقي مع الخفاش في سلف مشترك، وأن الأغنام لها سلف مشترك مع الدولفين. النتائج التالية للتأكيد حيث إعتمد على الطرق الأخرى لحساب المسافات الوراثية ورسم شجرة القرابة.



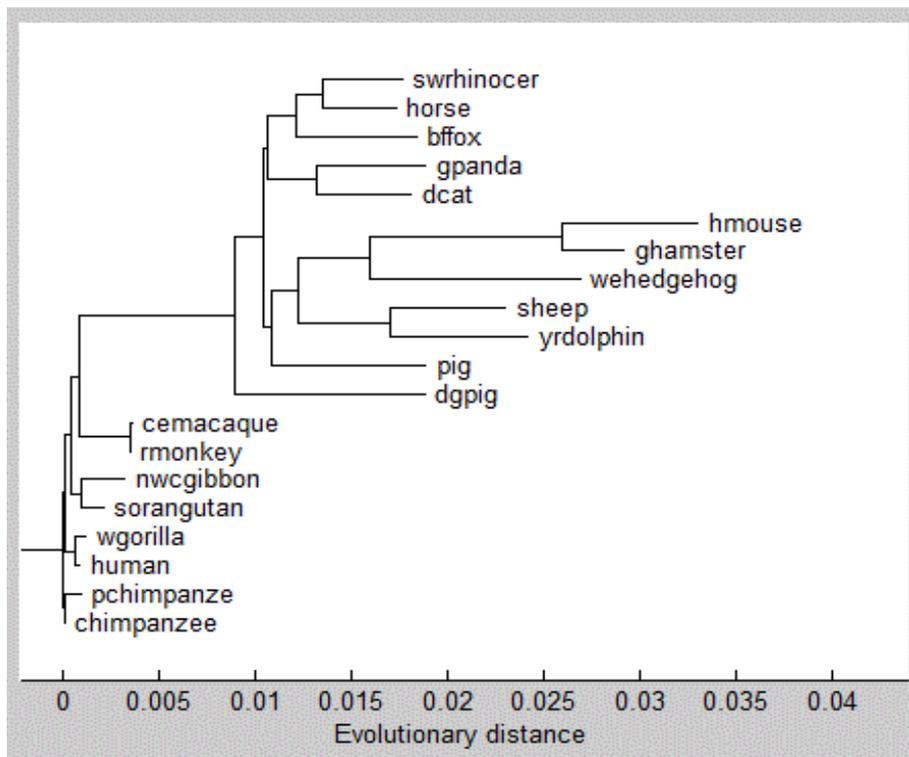
الشكل رقم (50) UPGMA Using JC69 Distanse [GH1 gene]



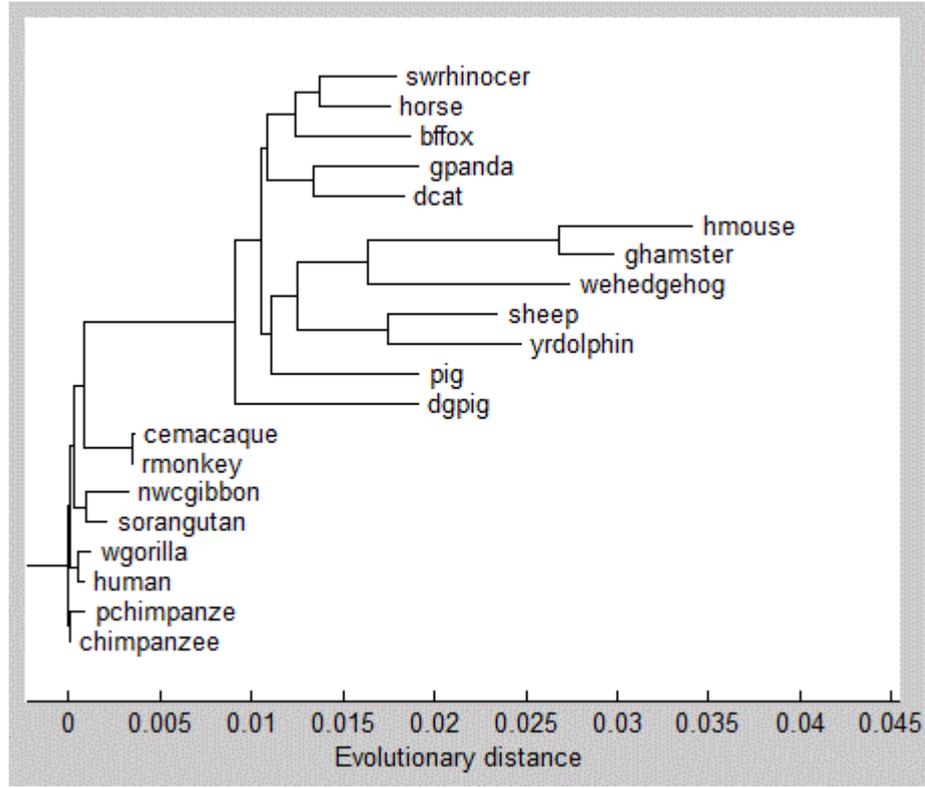
الشكل رقم (51) UPGMA Using Kimura80 Distanse [GH1 gene]



الشكل رقم (52) N-J Using LogDet Distanse [GH1 gene]



الشكل رقم (53) N-J Using JC69 Distanse [GH1 gene]



الشكل رقم (54) N-J Using Kimura80 Distanse [GH1 gene]

ولتأكيد نتائج دراسة التسلسلات النكليوتيدية لرسم شجرة القرابة للأنواع السابقة (25 نوع) وللمورثة المدروسة (GH1) تم دراسة مورثات الأنزيم 6=>NADHsubunit1 بإستثناء كل مما يلي (لعدم وجود بيانات لها بالنسبة لمورثات الأنزيم 6=>NADHsubunit1):

[Homo sapiens (human)]

وكانت النتائج كالتالي:

الجدول رقم (6) نسب المحتوى النكليوتيدي ونسبة GC للمورثة NADHsubunit1 للأنواع المدروسة

=====
Nucleotide Composition
=====

eehmouse
A - 294 (0.33)
C - 236 (0.27)
G - 103 (0.12)
T - 254 (0.29)

pig
A - 296 (0.33)
C - 264 (0.30)
G - 114 (0.13)
T - 211 (0.24)

Pchimpanze
A - 264 (0.30)
C - 298 (0.34)
G - 98 (0.11)
T - 225 (0.25)

Ptarsier
A - 291 (0.30)
C - 280 (0.29)
G - 108 (0.11)
T - 278 (0.29)

bffox
A - 276 (0.31)
C - 260 (0.29)
G - 124 (0.14)
T - 226 (0.26)

sheep
A - 303 (0.32)
C - 280 (0.29)
G - 108 (0.11)
T - 264 (0.28)

htarsier
A - 274 (0.31)
C - 255 (0.29)
G - 100 (0.11)
T - 258 (0.29)

sorangutan
A - 256 (0.29)
C - 323 (0.36)
G - 99 (0.11)
T - 208 (0.23)

nwcgibbon
A - 263 (0.30)
C - 300 (0.34)
G - 103 (0.12)
T - 220 (0.25)

| | | |
|----------------|----------------|-------------------|
| | chimpanzee | ghamster |
| | A - 278 (0.29) | A - 274 (0.31) |
| | C - 330 (0.34) | C - 225 (0.25) |
| | G - 109 (0.11) | G - 96 (0.11) |
| | T - 240 (0.25) | T - 290 (0.33) |
| rmonkey | Wgorilla | ===== |
| A - 264 (0.30) | A - 258 (0.29) | GC CONTENT |
| C - 306 (0.34) | C - 305 (0.34) | ===== |
| G - 103 (0.12) | G - 103 (0.12) | eehmouse - 0.38 |
| T - 214 (0.24) | T - 221 (0.25) | Ptarsier - 0.41 |
| | | htarsier - 0.40 |
| cemacaque | dcat | pig - 0.43 |
| A - 264 (0.30) | A - 281 (0.32) | bffox - 0.43 |
| C - 304 (0.34) | C - 273 (0.31) | sorangutan - 0.48 |
| G - 100 (0.11) | G - 111 (0.13) | chimpanzee - 0.46 |
| T - 217 (0.25) | T - 221 (0.25) | pchimpanze - 0.45 |
| | | sheep - 0.41 |
| aselephant | wehedgehog | nwcgibbon - 0.45 |
| A - 297 (0.31) | A - 308 (0.32) | ghamster - 0.36 |
| C - 264 (0.28) | C - 210 (0.22) | rmonkey - 0.46 |
| G - 115 (0.12) | G - 107 (0.11) | cemacaque - 0.46 |
| T - 281 (0.29) | T - 329 (0.34) | aselephant - 0.40 |
| | | yardolphin - 0.42 |
| yardolphin | horse | bghostshar - 0.43 |
| A - 304 (0.32) | A - 293 (0.31) | dhominin - 0.47 |
| C - 286 (0.30) | C - 302 (0.32) | neandertha - 0.48 |
| G - 112 (0.12) | G - 113 (0.12) | wgorilla - 0.46 |
| T - 255 (0.27) | T - 249 (0.26) | dcat - 0.43 |
| | | wehedgehog - 0.33 |
| bghostshar | wrhinocero | horse - 0.43 |
| A - 243 (0.27) | A - 312 (0.33) | wrhinocero - 0.43 |
| C - 267 (0.30) | C - 299 (0.31) | gpanda - 0.39 |
| G - 125 (0.14) | G - 110 (0.11) | dgpig - 0.41 |
| T - 267 (0.30) | T - 236 (0.25) | |
| | | |
| dhominin | gpanda | |
| A - 275 (0.29) | A - 293 (0.31) | |
| C - 337 (0.35) | C - 252 (0.26) | |
| G - 109 (0.11) | G - 118 (0.12) | |
| T - 235 (0.25) | T - 293 (0.31) | |
| neandertha | dgpig | |
| A - 272 (0.28) | A - 270 (0.30) | |
| C - 343 (0.36) | C - 255 (0.29) | |
| G - 113 (0.12) | G - 113 (0.13) | |
| T - 229 (0.24) | T - 252 (0.28) | |

الجدول رقم (7) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Jukes & Cantor 69)

```

=====
Distances (Jukes & Cantor 69)
=====
eelmouse
Ptarsier 0.306
htarsier 0.330 0.180
pig 0.289 0.292 0.299
bffox 0.322 0.324 0.320 0.255
soragutan 0.315 0.343 0.329 0.292 0.349
chimpanzee 0.336 0.354 0.341 0.317 0.367 0.190
pchimpanze 0.330 0.338 0.349 0.323 0.371 0.185 0.048
sheep 0.295 0.311 0.309 0.198 0.261 0.297 0.330 0.310
nwegibbon 0.315 0.334 0.345 0.312 0.345 0.193 0.179 0.175 0.324
ghamster 0.253 0.345 0.342 0.321 0.331 0.375 0.392 0.388 0.312 0.351
rmonkey 0.341 0.323 0.313 0.297 0.358 0.210 0.234 0.248 0.324 0.229 0.392
cemaque 0.364 0.333 0.330 0.316 0.369 0.226 0.240 0.236 0.316 0.223 0.382 0.086
asalephant 0.372 0.364 0.336 0.300 0.343 0.391 0.404 0.397 0.332 0.376 0.377 0.363 0.386
yrdolphin 0.299 0.290 0.308 0.214 0.249 0.322 0.326 0.321 0.217 0.324 0.331 0.306 0.321 0.321
bghoetshar 0.412 0.446 0.418 0.405 0.383 0.463 0.452 0.449 0.387 0.448 0.411 0.483 0.472 0.428 0.388
dhumanin 0.334 0.326 0.338 0.289 0.356 0.166 0.098 0.109 0.316 0.167 0.378 0.214 0.230 0.406 0.306 0.420
neandertha 0.341 0.344 0.332 0.285 0.358 0.165 0.098 0.108 0.314 0.172 0.388 0.215 0.223 0.413 0.308 0.432 0.030
wgorilla 0.355 0.341 0.350 0.314 0.356 0.185 0.127 0.136 0.310 0.185 0.380 0.241 0.240 0.385 0.318 0.460 0.114 0.110
deat 0.298 0.300 0.302 0.211 0.231 0.338 0.329 0.338 0.214 0.313 0.333 0.313 0.338 0.302 0.222 0.372 0.312 0.298 0.320
wehedehog 0.351 0.367 0.375 0.335 0.357 0.433 0.430 0.419 0.359 0.414 0.385 0.390 0.410 0.367 0.342 0.456 0.415 0.431 0.388 0.335
horse 0.291 0.313 0.298 0.230 0.237 0.313 0.315 0.304 0.221 0.298 0.335 0.306 0.305 0.315 0.239 0.380 0.307 0.318 0.316 0.205 0.386
wrhinocero 0.284 0.288 0.293 0.202 0.240 0.273 0.304 0.289 0.207 0.267 0.338 0.291 0.294 0.299 0.207 0.399 0.286 0.296 0.281 0.222 0.347 0.167
gpanda 0.303 0.326 0.313 0.237 0.262 0.338 0.354 0.349 0.228 0.343 0.337 0.329 0.344 0.315 0.234 0.401 0.346 0.358 0.347 0.185 0.319 0.251 0.237
dgpig 0.342 0.328 0.317 0.296 0.323 0.355 0.384 0.378 0.325 0.350 0.356 0.365 0.374 0.365 0.314 0.459 0.366 0.365 0.377 0.326 0.340 0.316 0.337

```

الجدول رقم (8) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Kimura 80 (2-Parameter))

```

=====
Distances (Kimura 80 (2-Parameter))
=====
eehmouse
Farsier 0.278
htarsier 0.300 0.169
pig 0.262 0.265 0.271
bfox 0.293 0.294 0.291 0.231
sorangutan 0.285 0.312 0.298 0.264 0.316
chimpanzee 0.305 0.356 0.311 0.287 0.333 0.180
pchimpanze 0.298 0.307 0.318 0.292 0.336 0.174 0.044
sheep 0.267 0.310 0.280 0.181 0.237 0.269 0.330 0.282
nwgibbon 0.286 0.305 0.314 0.283 0.313 0.181 0.169 0.164 0.295
ghamster 0.231 0.313 0.310 0.292 0.300 0.341 0.357 0.354 0.284 0.319
rmonkey 0.310 0.295 0.286 0.269 0.324 0.193 0.217 0.231 0.294 0.213 0.357
cemaecque 0.330 0.303 0.300 0.286 0.334 0.209 0.224 0.219 0.286 0.208 0.348 0.081
aselephant 0.338 0.367 0.305 0.274 0.313 0.356 0.409 0.363 0.333 0.343 0.342 0.328 0.348
yrdolphin 0.272 0.290 0.280 0.195 0.228 0.292 0.326 0.291 0.216 0.295 0.319 0.280 0.292 0.323
bghostshar 0.372 0.411 0.376 0.365 0.346 0.416 0.417 0.404 0.355 0.404 0.370 0.435 0.423 0.396 0.358
dhumanin 0.303 0.326 0.308 0.261 0.323 0.156 0.100 0.103 0.315 0.157 0.345 0.198 0.213 0.410 0.305 0.387
neandertna 0.309 0.345 0.303 0.258 0.324 0.154 0.100 0.101 0.313 0.161 0.354 0.200 0.207 0.417 0.308 0.398 0.030
vgorilla 0.323 0.311 0.319 0.284 0.322 0.174 0.121 0.129 0.282 0.174 0.346 0.225 0.224 0.352 0.290 0.416 0.108 0.104
dcat 0.272 0.273 0.274 0.193 0.212 0.307 0.300 0.307 0.196 0.285 0.302 0.285 0.308 0.277 0.203 0.336 0.283 0.271 0.291
wehedgehog 0.318 0.366 0.339 0.303 0.323 0.392 0.433 0.380 0.357 0.376 0.347 0.353 0.372 0.366 0.341 0.419 0.417 0.435 0.351 0.305
horse 0.266 0.315 0.271 0.210 0.216 0.286 0.317 0.277 0.220 0.272 0.305 0.279 0.277 0.318 0.239 0.350 0.308 0.320 0.290 0.188 0.387
vrhinocero 0.260 0.288 0.266 0.185 0.220 0.249 0.305 0.263 0.207 0.244 0.307 0.266 0.267 0.302 0.206 0.367 0.286 0.297 0.257 0.204 0.347 0.168
gpanda 0.276 0.328 0.286 0.216 0.242 0.308 0.358 0.319 0.228 0.315 0.305 0.300 0.314 0.317 0.235 0.370 0.348 0.360 0.317 0.172 0.318 0.253 0.239
dgpig 0.310 0.299 0.288 0.268 0.292 0.321 0.349 0.342 0.294 0.317 0.321 0.332 0.339 0.332 0.285 0.395 0.331 0.331 0.342 0.297 0.295 0.309 0.266 0.307

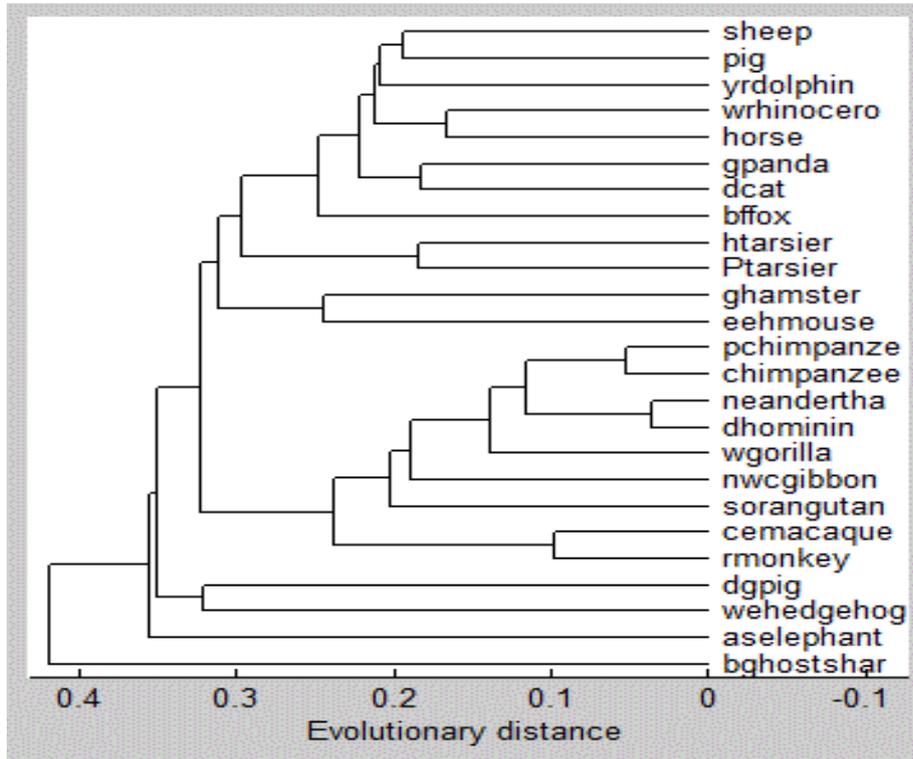
```

الجدول رقم (9) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (LogDet)

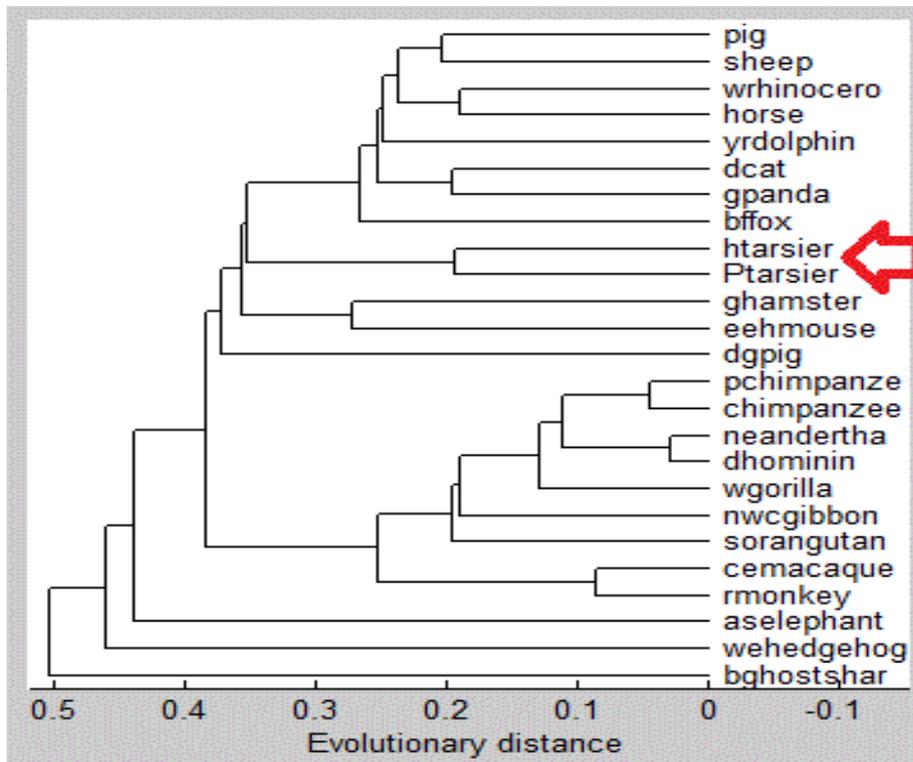
```

=====
Distances(LogDet)
=====
eshmouse
Frarsier 0.30
harsier 0.32 0.18
pig 0.29 0.29 0.29
bfox 0.32 0.32 0.32 0.25
sorangutan 0.30 0.33 0.31 0.29 0.35
chimpanzee 0.32 0.35 0.33 0.31 0.36 0.21
pchimpanze 0.32 0.33 0.34 0.32 0.37 0.20 0.05
sheep 0.29 0.30 0.30 0.19 0.25 0.29 0.33 0.30
nwegibbon 0.31 0.33 0.34 0.30 0.34 0.21 0.20 0.19 0.32
ghamster 0.24 0.34 0.33 0.31 0.32 0.35 0.38 0.31 0.33
rmonkey 0.33 0.32 0.31 0.29 0.36 0.21 0.24 0.26 0.32 0.24 0.38
cemaque 0.36 0.33 0.32 0.31 0.37 0.23 0.25 0.25 0.31 0.23 0.37 0.10
aselephant 0.37 0.37 0.33 0.30 0.35 0.38 0.40 0.39 0.33 0.37 0.38 0.35 0.38
yrdolphin 0.29 0.28 0.30 0.21 0.25 0.31 0.32 0.31 0.21 0.32 0.34 0.30 0.32 0.32
bghostshar 0.41 0.44 0.41 0.40 0.38 0.45 0.45 0.44 0.38 0.44 0.41 0.48 0.46 0.43 0.38
dhaninin 0.32 0.32 0.33 0.28 0.36 0.19 0.11 0.12 0.31 0.18 0.36 0.22 0.24 0.40 0.30 0.41
neandertha 0.33 0.34 0.32 0.28 0.36 0.19 0.11 0.12 0.31 0.19 0.37 0.22 0.24 0.41 0.31 0.42 0.04
wgorilla 0.35 0.34 0.34 0.31 0.35 0.21 0.15 0.15 0.30 0.20 0.37 0.26 0.25 0.38 0.32 0.46 0.13 0.12
daat 0.30 0.29 0.29 0.21 0.23 0.33 0.34 0.21 0.31 0.32 0.31 0.34 0.30 0.22 0.37 0.31 0.29 0.32
washedgehog 0.34 0.36 0.36 0.32 0.35 0.40 0.41 0.40 0.35 0.39 0.38 0.36 0.39 0.36 0.32 0.44 0.39 0.41 0.36 0.32
horse 0.28 0.31 0.29 0.23 0.24 0.31 0.31 0.30 0.21 0.30 0.32 0.30 0.32 0.24 0.37 0.30 0.32 0.31 0.20 0.37
whincero 0.28 0.28 0.28 0.20 0.24 0.27 0.30 0.29 0.20 0.26 0.32 0.29 0.29 0.30 0.20 0.39 0.28 0.29 0.22 0.33 0.17
gpanda 0.30 0.32 0.31 0.23 0.27 0.32 0.35 0.35 0.22 0.34 0.33 0.32 0.34 0.32 0.23 0.40 0.34 0.35 0.34 0.18 0.31 0.25 0.23
dgpig 0.34 0.33 0.31 0.29 0.33 0.35 0.38 0.37 0.32 0.35 0.35 0.36 0.37 0.37 0.31 0.44 0.36 0.36 0.38 0.33 0.32 0.34 0.31 0.34

```



الشكل رقم (55) UPGMA Using LogDet Distanse [NADHsubunit1 gene]

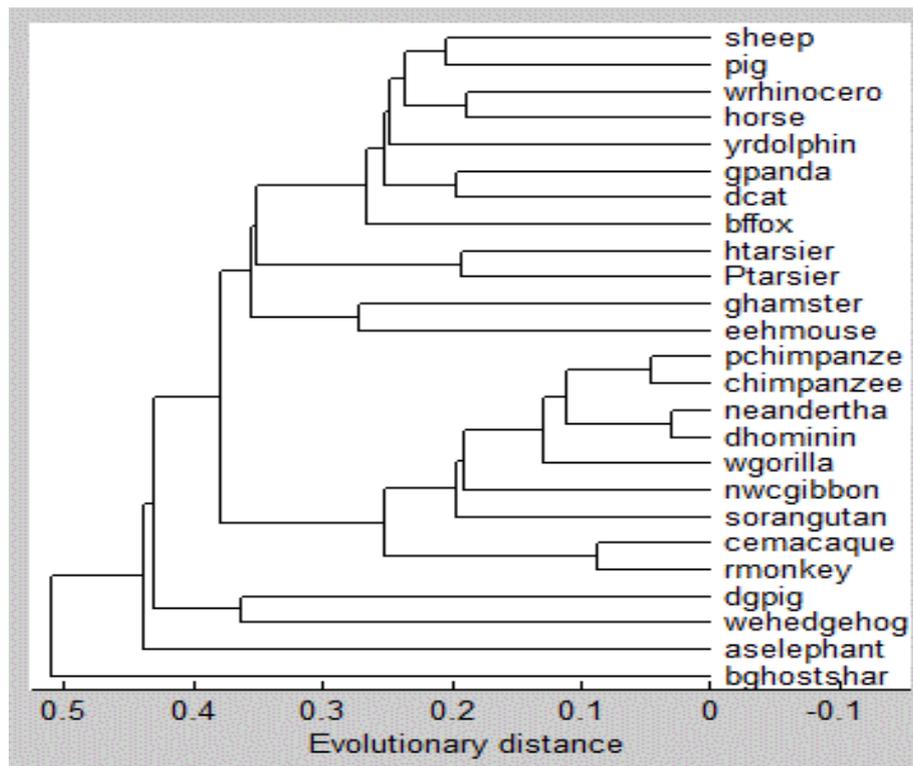


الشكل رقم (56) UPGMA Using JC69 Distanse [NADHsubunit1 gene]

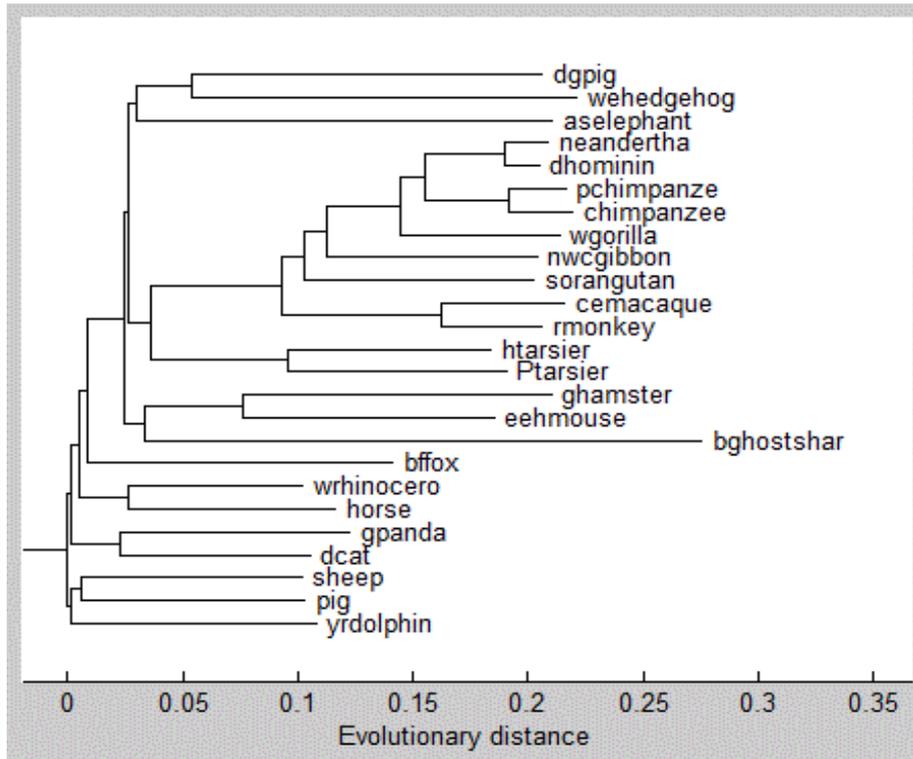
نرى قرد التارسير "Tarsius" يثير الفوضى، ويظهر تناقضات فادحة بين دلالات التشابه المورفولوجي، والجزئي، كدعائم للأشجار الفيلوجينية.

التارسير هو أحد أنواع القردة البدائية والتي صنفت داخل رتبة الرئيسيات ووفقاً لما يدّعيه التطور فإن العلاقة الفيلوجينية بين التارسير وباقي القردة يجب أن تتسق بها المعطيات التشريحية والجزئية لإعطاء دلالة واحدة ولكن هذا لم يحدث قط، بل كانت المفاجئة أن هذا القرد الصغير سبب إحراجاً كبيراً للفرضية التطورية الخاصة بدلالة التقارب الجزئي، فالمقاربات الجزئية المعتمدة لبناء التسلسلات الهرمية داخل شجرة التطور تظهر شيء مختلف تماماً عن شجرة القرابة التشريحية المعتمدة، وكانت المفاجئة أنها وضعت القرد الصغير وسط أنواع مختلفة تماماً ليس لها أدنى علاقة تطورية قريبة مع القردة وأظهرت قرابة وطيدة بالقطط والفئران كما لوكان قد انفصل عن القردة الأخرى بدلاً من أن تظهر المقاربة علاقة مباشرة للتارسير Tarsius برتبة الرئيسيات وباقي القردة.

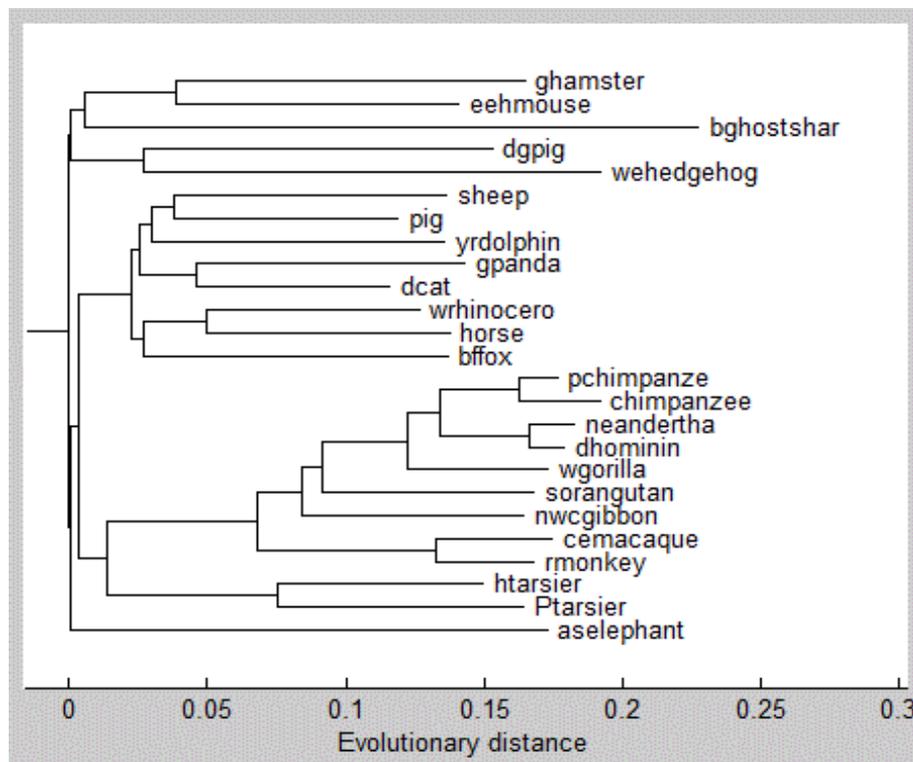
لكن حتى لو تخطينا هذا الخطأ في طرائق الإستقراء فالنتيجة الحتمية هي عدم صالحية المقاربات الجزئية لقياس المسافات التطورية بين الأنواع وبناء الأشجار الفيلوجينية.



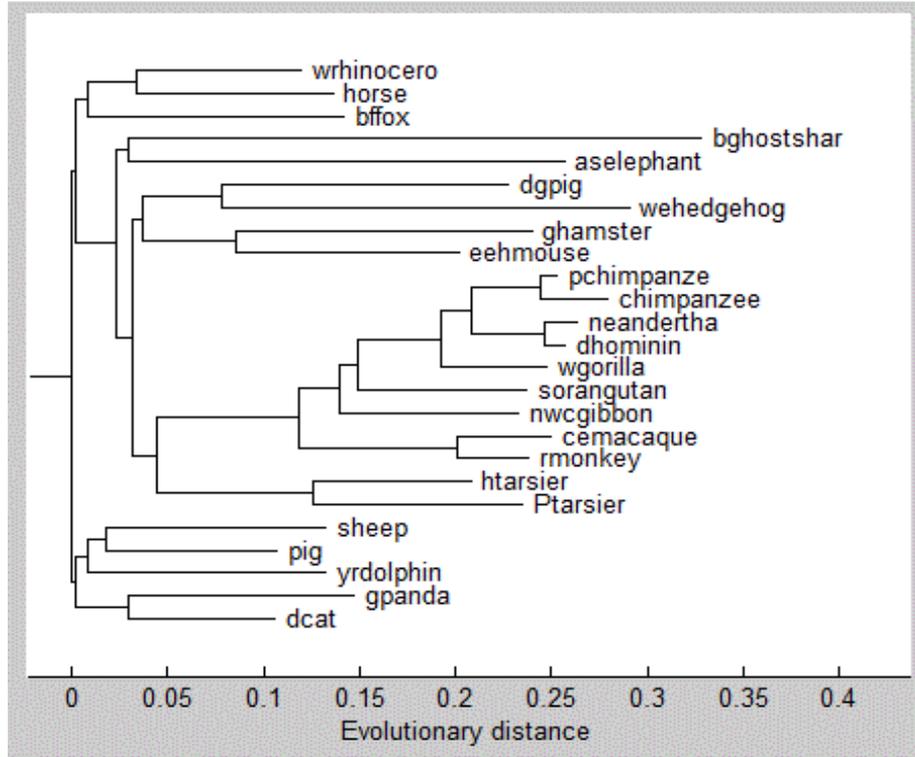
الشكل رقم (57) UPGMA Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit1 gene]



الشكل رقم (58) N-J Using LogDet Distanse [NADHsubunit1 gene]



الشكل رقم (59) N-J Using JC69 Distanse [NADHsubunit1 gene]



الشكل رقم (60) N-J Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit1 gene]

وكانت النتائج لمورثة الأنزيم (NADHsubunit2) كالتالي:

الجدول رقم (10) نسب المحتوى النكليوتيدي و نسبة الـ GC للمورثة NADHsubunit2 للأنواع المدروسة

Nucleotide Composition

| | | |
|----------------|----------------|----------------|
| eehmouse | nwcgibbon | dcat |
| A - 364 (0.38) | A - 300 (0.31) | A - 361 (0.37) |
| C - 273 (0.28) | C - 333 (0.34) | C - 281 (0.29) |
| G - 76 (0.08) | G - 105 (0.11) | G - 92 (0.09) |
| T - 255 (0.26) | T - 234 (0.24) | T - 238 (0.24) |
| ptarsier | ghamster | wehedgehog |
| A - 342 (0.35) | A - 351 (0.36) | A - 343 (0.35) |
| C - 251 (0.26) | C - 263 (0.27) | C - 192 (0.20) |
| G - 99 (0.10) | G - 85 (0.09) | G - 87 (0.09) |
| T - 282 (0.29) | T - 275 (0.28) | T - 352 (0.36) |
| htarsier | rmonkey | horse |
| A - 351 (0.36) | A - 326 (0.33) | A - 346 (0.36) |
| C - 263 (0.27) | C - 338 (0.35) | C - 296 (0.30) |
| G - 85 (0.09) | G - 83 (0.09) | G - 84 (0.09) |
| T - 275 (0.28) | T - 227 (0.23) | T - 245 (0.25) |
| pig | cemacaque | wrhinocero |
| A - 381 (0.39) | A - 329 (0.34) | A - 361 (0.37) |
| C - 268 (0.28) | C - 337 (0.35) | C - 297 (0.30) |
| G - 94 (0.10) | G - 76 (0.08) | G - 80 (0.08) |
| T - 229 (0.24) | T - 230 (0.24) | T - 236 (0.24) |

bffox
A - 346 (0.36)
C - 296 (0.30)
G - 103 (0.11)
T - 227 (0.23)

sorangutan
A - 303 (0.31)
C - 337 (0.35)
G - 102 (0.10)
T - 230 (0.24)

chimpanzee
A - 319 (0.33)
C - 324 (0.33)
G - 81 (0.08)
T - 250 (0.26)

pchimpanze
A - 316 (0.32)
C - 328 (0.34)
G - 82 (0.08)
T - 248 (0.25)

sheep
A - 363 (0.37)
C - 276 (0.28)
G - 80 (0.08)
T - 253 (0.26)

aselephant
A - 361 (0.37)
C - 261 (0.27)
G - 90 (0.09)
T - 262 (0.27)

yrdolphin
A - 357 (0.37)
C - 287 (0.29)
G - 71 (0.07)
T - 259 (0.27)

bghostshar
A - 321 (0.33)
C - 293 (0.30)
G - 97 (0.10)
T - 261 (0.27)

dhominin
A - 307 (0.32)
C - 323 (0.33)
G - 92 (0.09)
T - 250 (0.26)

Neandertha
A - 308 (0.32)
C - 321 (0.33)
G - 91 (0.09)
T - 252 (0.26)

wgorilla
A - 307 (0.32)
C - 325 (0.33)
G - 90 (0.09)
T - 252 (0.26)

gpanda
A - 355 (0.37)
C - 249 (0.26)
G - 89 (0.09)
T - 279 (0.29)

Dgpig
A - 336 (0.34)
C - 267 (0.27)
G - 93 (0.10)
T - 278 (0.29)

=====
GC CONTENT

=====
eehmouse - 0.36
ptarsier - 0.36
htarsier - 0.36
pig - 0.37
bffox - 0.41
sorangutan - 0.45
chimpanzee - 0.42
pchimpanze - 0.42
sheep - 0.37
nwcgibbon - 0.45
ghamster - 0.36
rmonkey - 0.43
cemacaque - 0.42
aselephant - 0.36
yrdolphin - 0.37
bghostshar - 0.40
dhominin - 0.43
neandertha - 0.42
wgorilla - 0.43
dcat - 0.38
wehedgehog - 0.29
horse - 0.39
wrhinocero - 0.39
gpanda - 0.35
dgpig - 0.37

الجدول رقم (11) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Jukes & Cantor 69)

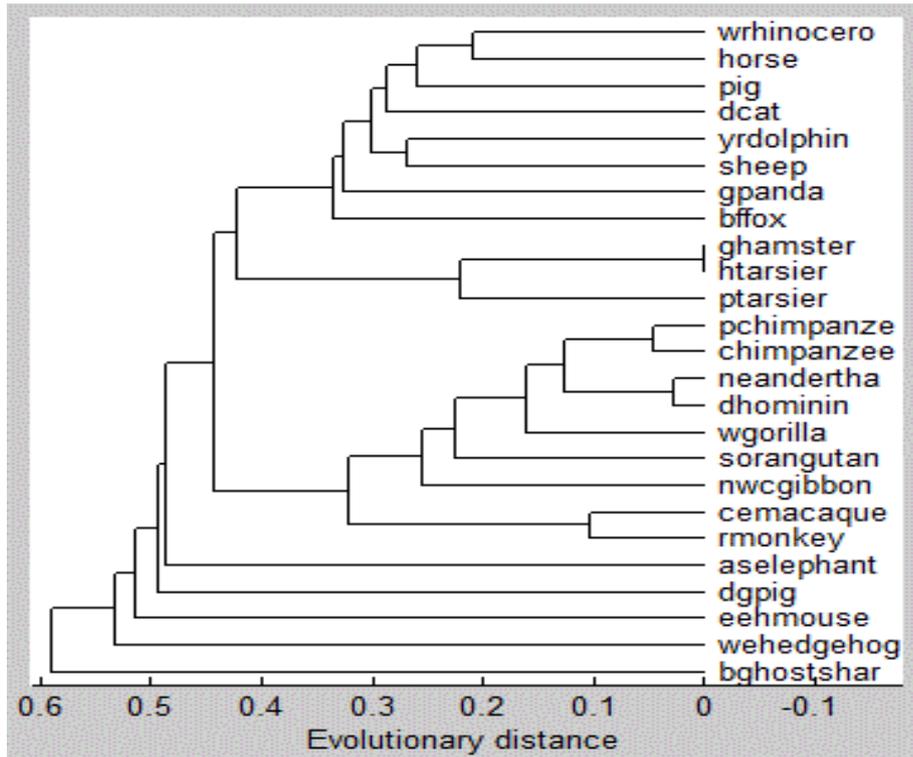
```

=====
Distances (Jukes & Cantor 69)
=====
ehmouse
ptarsier 0.504
htarsier 0.482 0.195
pig 0.463 0.428 0.392
biffox 0.502 0.441 0.401 0.324
sorangutan 0.527 0.448 0.430 0.443 0.456
chimpanzee 0.523 0.430 0.402 0.417 0.408 0.192
pohimpanze 0.527 0.436 0.421 0.421 0.401 0.198 0.041
sheep 0.459 0.417 0.403 0.262 0.293 0.443 0.392 0.394
mcgibbon 0.527 0.487 0.454 0.445 0.428 0.218 0.217 0.214 0.441
ghamster 0.482 0.195 -0.000 0.392 0.401 0.430 0.402 0.421 0.403 0.454
zmonkey 0.540 0.462 0.432 0.446 0.456 0.307 0.300 0.294 0.417 0.293 0.432
cencacque 0.527 0.460 0.433 0.445 0.432 0.298 0.280 0.271 0.417 0.290 0.433 0.084
aselephant 0.517 0.505 0.453 0.423 0.419 0.538 0.493 0.501 0.414 0.540 0.453 0.542 0.548
yrdolphin 0.508 0.441 0.420 0.296 0.336 0.467 0.430 0.438 0.256 0.469 0.420 0.443 0.443 0.434
bghostshar 0.513 0.594 0.574 0.497 0.580 0.591 0.576 0.580 0.539 0.633 0.574 0.610 0.596 0.569 0.510
dhoiminin 0.540 0.477 0.432 0.412 0.406 0.203 0.112 0.104 0.419 0.221 0.432 0.315 0.292 0.305 0.448 0.603
neandertia 0.531 0.469 0.432 0.417 0.417 0.199 0.106 0.096 0.412 0.225 0.432 0.313 0.293 0.301 0.448 0.603 0.020
wgorilla 0.527 0.455 0.414 0.452 0.421 0.210 0.124 0.126 0.410 0.248 0.414 0.308 0.298 0.523 0.449 0.608 0.151 0.142
dcat 0.494 0.456 0.419 0.283 0.309 0.485 0.458 0.445 0.298 0.479 0.419 0.461 0.443 0.430 0.329 0.549 0.454 0.456 0.460
wehedgehog 0.574 0.512 0.478 0.512 0.516 0.606 0.542 0.550 0.460 0.585 0.478 0.546 0.537 0.552 0.525 0.651 0.587 0.581 0.563 0.514
horse 0.478 0.418 0.383 0.259 0.287 0.421 0.396 0.407 0.281 0.428 0.383 0.412 0.392 0.395 0.311 0.557 0.426 0.424 0.412 0.279 0.490
whinoero 0.469 0.425 0.384 0.243 0.269 0.424 0.395 0.390 0.261 0.398 0.384 0.397 0.392 0.395 0.300 0.543 0.396 0.394 0.409 0.253 0.471 0.191
gpanda 0.488 0.424 0.426 0.318 0.350 0.469 0.426 0.433 0.313 0.460 0.426 0.487 0.456 0.432 0.369 0.567 0.450 0.467 0.450 0.467 0.272 0.496 0.293 0.304
dppig 0.546 0.513 0.474 0.446 0.450 0.515 0.499 0.503 0.422 0.532 0.474 0.497 0.493 0.497 0.470 0.661 0.505 0.513 0.526 0.441 0.467 0.429 0.400 0.471

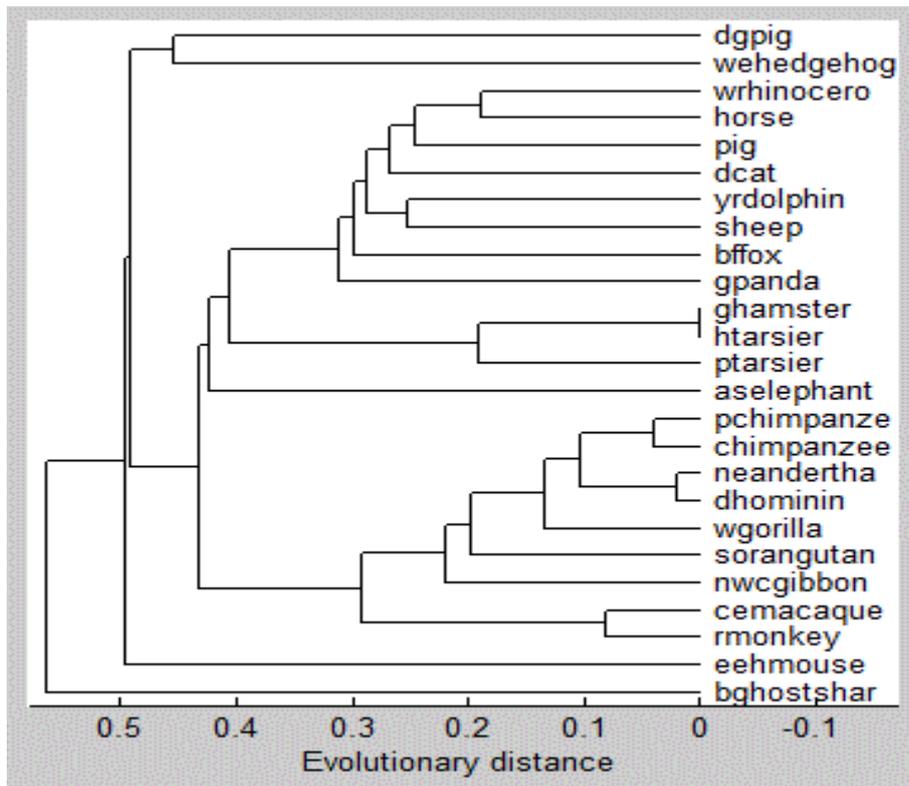
```


الجدول رقم (13) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (LogDet)

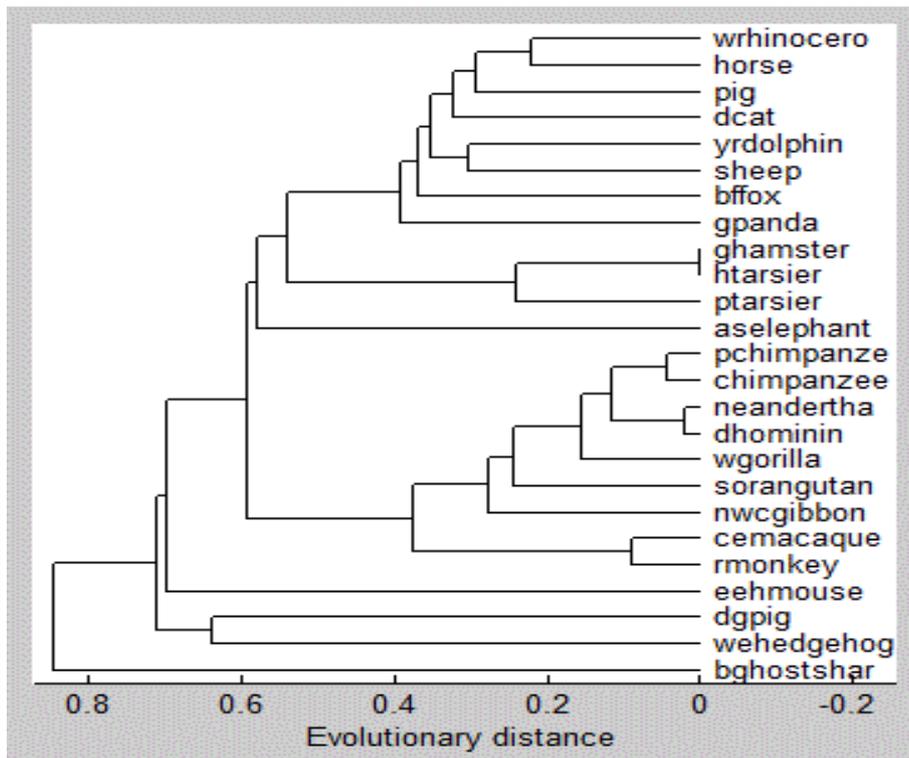
| | eehouse | ptarsier | htarsier | pig | bffox | sorangutan | chimpanzee | pchimpanze | sheep | nwegibbon | ghamster | rmonkey | cenacogue | aselephant | yrdolphin | bghostshar | dhominin | neandertha | wgorilla | dcat | wehedgehog | horse | wrhinocero | gpanda | dgpig | |
|------------|---------|----------|----------|------|-------|------------|------------|------------|-------|-----------|----------|---------|-----------|------------|-----------|------------|----------|------------|----------|------|------------|-------|------------|--------|-------|--|
| eehouse | 0.51 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| ptarsier | 0.48 | 0.22 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| htarsier | 0.47 | 0.45 | 0.40 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| pig | 0.52 | 0.47 | 0.41 | 0.35 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| bffox | 0.54 | 0.46 | 0.44 | 0.45 | 0.49 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| sorangutan | 0.52 | 0.44 | 0.40 | 0.42 | 0.43 | 0.21 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| chimpanzee | 0.53 | 0.45 | 0.42 | 0.42 | 0.42 | 0.22 | 0.05 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| pchimpanze | 0.47 | 0.43 | 0.41 | 0.28 | 0.32 | 0.45 | 0.39 | 0.40 | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| sheep | 0.53 | 0.51 | 0.47 | 0.46 | 0.46 | 0.25 | 0.24 | 0.24 | 0.45 | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| nwegibbon | 0.48 | 0.22 | -0.00 | 0.40 | 0.41 | 0.44 | 0.40 | 0.42 | 0.41 | 0.47 | | | | | | | | | | | | | | | | |
| ghamster | 0.55 | 0.47 | 0.44 | 0.46 | 0.49 | 0.34 | 0.32 | 0.31 | 0.43 | 0.33 | 0.44 | | | | | | | | | | | | | | | |
| rmonkey | 0.53 | 0.47 | 0.44 | 0.45 | 0.45 | 0.34 | 0.29 | 0.28 | 0.42 | 0.32 | 0.44 | 0.10 | | | | | | | | | | | | | | |
| cenacogue | 0.53 | 0.53 | 0.47 | 0.45 | 0.45 | 0.54 | 0.49 | 0.50 | 0.44 | 0.55 | 0.47 | 0.56 | 0.56 | | | | | | | | | | | | | |
| aselephant | 0.53 | 0.46 | 0.43 | 0.31 | 0.36 | 0.47 | 0.43 | 0.44 | 0.27 | 0.48 | 0.43 | 0.45 | 0.44 | 0.45 | | | | | | | | | | | | |
| yrdolphin | 0.54 | 0.61 | 0.58 | 0.51 | 0.60 | 0.60 | 0.59 | 0.59 | 0.55 | 0.66 | 0.58 | 0.62 | 0.60 | 0.57 | 0.50 | | | | | | | | | | | |
| bghostshar | 0.55 | 0.50 | 0.44 | 0.41 | 0.43 | 0.23 | 0.14 | 0.13 | 0.43 | 0.25 | 0.44 | 0.35 | 0.31 | 0.51 | 0.46 | 0.62 | | | | | | | | | | |
| dhominin | 0.54 | 0.49 | 0.44 | 0.42 | 0.44 | 0.22 | 0.13 | 0.12 | 0.42 | 0.25 | 0.44 | 0.34 | 0.31 | 0.50 | 0.46 | 0.62 | 0.03 | | | | | | | | | |
| neandertha | 0.53 | 0.47 | 0.42 | 0.46 | 0.45 | 0.24 | 0.15 | 0.15 | 0.42 | 0.28 | 0.42 | 0.33 | 0.32 | 0.53 | 0.46 | 0.63 | 0.18 | 0.17 | | | | | | | | |
| wgorilla | 0.50 | 0.47 | 0.42 | 0.29 | 0.33 | 0.50 | 0.46 | 0.45 | 0.31 | 0.49 | 0.42 | 0.47 | 0.45 | 0.45 | 0.34 | 0.56 | 0.46 | 0.47 | 0.47 | | | | | | | |
| dcat | 0.58 | 0.52 | 0.49 | 0.52 | 0.52 | 0.60 | 0.54 | 0.55 | 0.45 | 0.59 | 0.49 | 0.54 | 0.52 | 0.57 | 0.53 | 0.65 | 0.59 | 0.59 | 0.56 | 0.51 | | | | | | |
| wehedgehog | 0.48 | 0.43 | 0.38 | 0.27 | 0.30 | 0.43 | 0.39 | 0.40 | 0.29 | 0.44 | 0.38 | 0.42 | 0.39 | 0.41 | 0.32 | 0.56 | 0.44 | 0.43 | 0.41 | 0.29 | 0.50 | | | | | |
| horse | 0.47 | 0.44 | 0.38 | 0.25 | 0.30 | 0.43 | 0.40 | 0.39 | 0.27 | 0.41 | 0.38 | 0.41 | 0.40 | 0.40 | 0.31 | 0.55 | 0.41 | 0.40 | 0.42 | 0.27 | 0.47 | 0.21 | | | | |
| wrhinocero | 0.51 | 0.45 | 0.44 | 0.33 | 0.38 | 0.47 | 0.43 | 0.44 | 0.33 | 0.46 | 0.44 | 0.50 | 0.47 | 0.46 | 0.38 | 0.58 | 0.46 | 0.46 | 0.48 | 0.29 | 0.52 | 0.31 | 0.32 | | | |
| gpanda | 0.55 | 0.53 | 0.49 | 0.46 | 0.48 | 0.54 | 0.51 | 0.51 | 0.43 | 0.55 | 0.49 | 0.51 | 0.50 | 0.51 | 0.49 | 0.68 | 0.52 | 0.53 | 0.54 | 0.45 | 0.50 | 0.44 | 0.41 | 0.49 | | |
| dgpig | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |



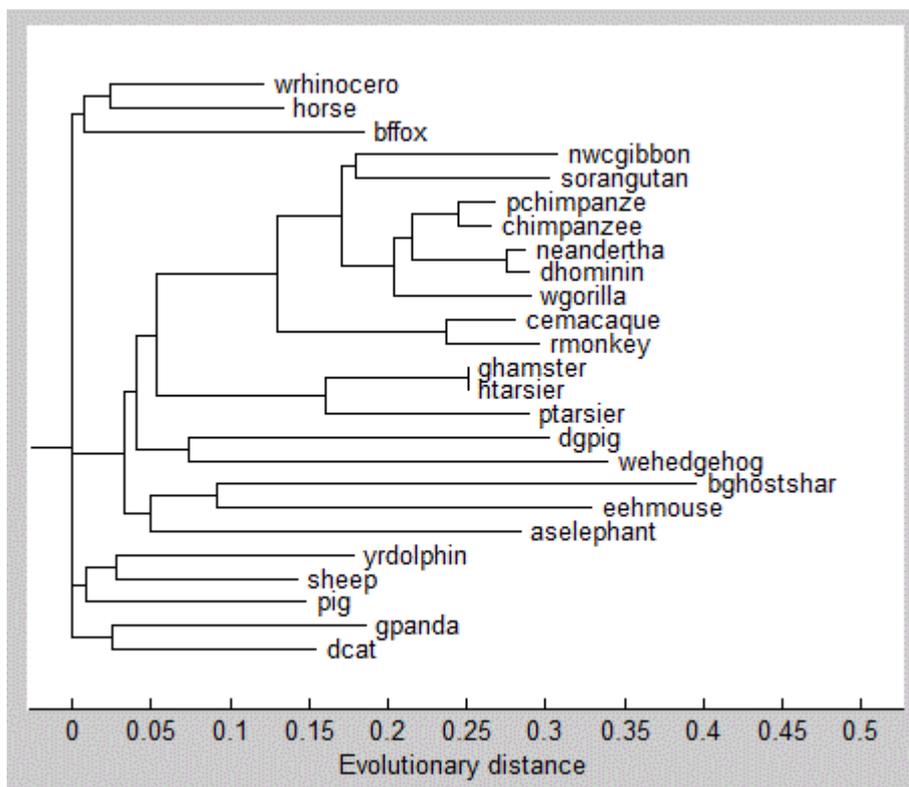
الشكل رقم (61) UPGMA Using LogDet Distanse [NADHsubunit2 gene]



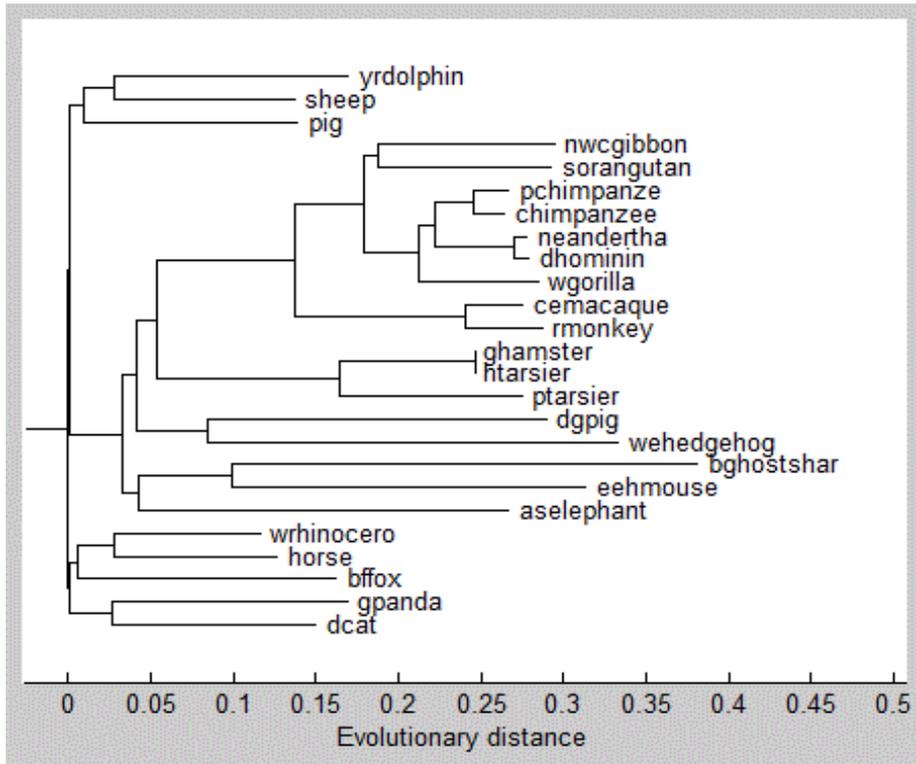
الشكل رقم (62) UPGMA Using JC69 Distanse [NADHsubunit2 gene]



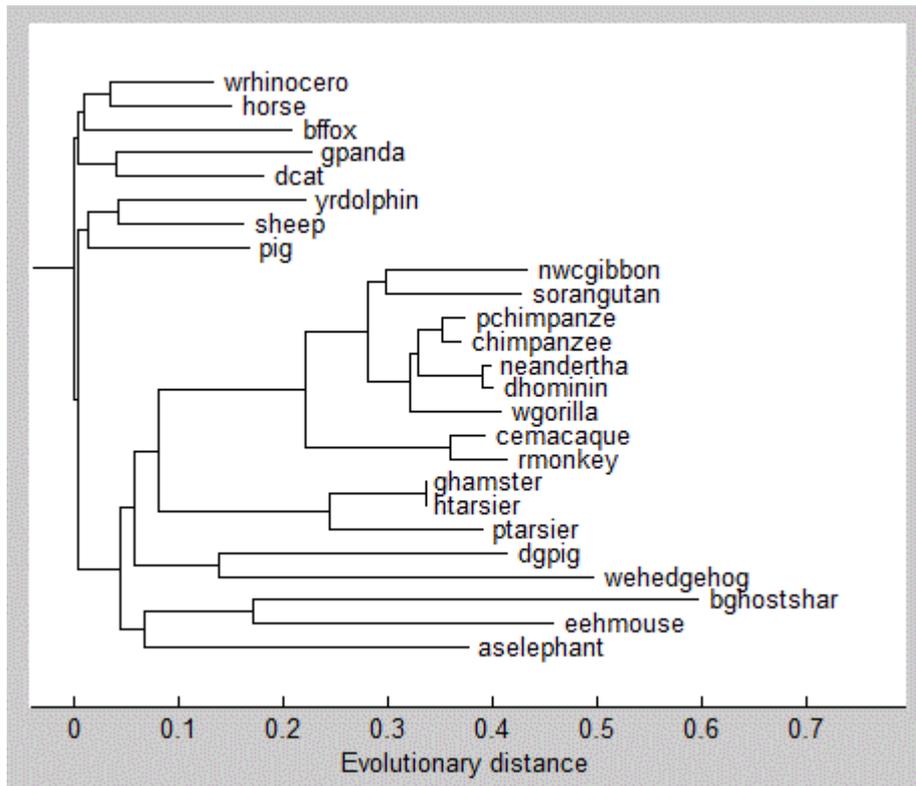
الشكل رقم (63) UPGMA Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit2 gene]



الشكل رقم (64) N-J Using LogDet Distanse [NADHsubunit2 gene]



الشكل رقم (65) N-J Using JC69 Distance [NADHsubunit2 gene]



الشكل رقم (66) N-J Using Kimura80 Distance [NADHsubunit2 gene]

وكانت النتائج لمورثة الأنازيم (NADHsubunit3) كالتالي:

الجدول رقم (14) نسب المحتوى النكليوتيدي ونسبة الـ GC للمورثة NADHsubunit3 للأنواع المدروسة

=====

Nucleotide Composition

=====

eehmouse
A - 100 (0.36)
C - 62 (0.22)
G - 32 (0.12)
T - 84 (0.30)

ptarsier
A - 82 (0.30)
C - 79 (0.29)
G - 33 (0.12)
T - 82 (0.30)

htarsier
A - 82 (0.30)
C - 87 (0.31)
G - 33 (0.12)
T - 75 (0.27)

pig
A - 96 (0.35)
C - 78 (0.28)
G - 32 (0.12)
T - 70 (0.25)

bffox
A - 87 (0.31)
C - 82 (0.29)
G - 37 (0.13)
T - 72 (0.26)

sorangutan
A - 86 (0.31)
C - 88 (0.32)
G - 31 (0.11)
T - 71 (0.26)

chimpanzee
A - 79 (0.29)
C - 91 (0.33)
G - 32 (0.12)
T - 74 (0.27)

pchimpanze
A - 81 (0.29)
C - 89 (0.32)
G - 32 (0.12)
T - 74 (0.27)

sheep
A - 84 (0.30)
C - 84 (0.30)
G - 36 (0.13)
T - 72 (0.26)

nwcgibbon
A - 83 (0.30)
C - 89 (0.32)
G - 34 (0.12)
T - 70 (0.25)

Ghamster
A - 84 (0.30)
C - 67 (0.24)
G - 34 (0.12)
T - 93 (0.33)

cemacaque
A - 87 (0.32)
C - 84 (0.30)
G - 31 (0.11)
T - 74 (0.27)

aselephant
A - 89 (0.32)
C - 69 (0.24)
G - 36 (0.13)
T - 88 (0.31)

yrdolphin
A - 95 (0.34)
C - 82 (0.30)
G - 30 (0.11)
T - 70 (0.25)

bghostshar
A - 68 (0.24)
C - 84 (0.30)
G - 44 (0.16)
T - 84 (0.30)

dhominin
A - 77 (0.28)
C - 84 (0.30)
G - 35 (0.13)
T - 80 (0.29)

Neandertha
A - 79 (0.29)
C - 85 (0.31)
G - 33 (0.12)
T - 79 (0.29)

wgorilla
A - 82 (0.30)
C - 86 (0.31)
G - 33 (0.12)
T - 75 (0.27)

dcat
A - 87 (0.31)
C - 85 (0.31)
G - 37 (0.13)
T - 68 (0.25)

wehedgehog
A - 93 (0.34)
C - 57 (0.21)
G - 36 (0.13)
T - 89 (0.32)

Horse
A - 89 (0.32)
C - 79 (0.29)
G - 35 (0.13)
T - 73 (0.26)

wrhinocero
A - 92 (0.33)
C - 77 (0.28)
G - 34 (0.12)
T - 73 (0.26)

gpanda
A - 84 (0.30)
C - 62 (0.22)
G - 40 (0.14)
T - 91 (0.33)

dgpig
A - 83 (0.30)
C - 64 (0.23)
G - 40 (0.14)
T - 90 (0.32)

=====

GC CONTENT

=====

eehmouse - 0.34
ptarsier - 0.41
htarsier - 0.43
pig - 0.40
bffox - 0.43
sorangutan - 0.43
chimpanzee - 0.45
pchimpanze - 0.44
sheep - 0.43
nwcgibbon - 0.45
ghamster - 0.36
cemacaque - 0.42
aselephant - 0.37
yrdolphin - 0.40
bghostshar - 0.46
dhominin - 0.43
neandertha - 0.43
wgorilla - 0.43
dcat - 0.44
wehedgehog - 0.34
horse - 0.41
wrhinocero - 0.40
gpanda - 0.37
dgpig - 0.38

الجدول رقم (15) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Jukes & Cantor 69)

```

=====
Distances (Jukes & Cantor 69)
=====
eelmouse
ptarsier 0.332
htarsier 0.303 0.198
pig 0.288 0.293 0.293
bfox 0.337 0.315 0.336 0.272
sorangutan 0.366 0.384 0.355 0.332 0.355
chimpanzee 0.397 0.337 0.332 0.361 0.337 0.188
pchimpanze 0.378 0.349 0.332 0.361 0.326 0.175 0.033
sheep 0.304 0.315 0.293 0.170 0.267 0.343 0.337 0.326
nwegibbon 0.422 0.397 0.372 0.409 0.337 0.222 0.242 0.247 0.378
ghamster 0.323 0.304 0.325 0.310 0.417 0.447 0.384 0.390 0.310 0.441
cemaesque 0.397 0.384 0.378 0.321 0.403 0.267 0.252 0.227 0.337 0.272 0.397
aselephant 0.329 0.372 0.395 0.349 0.351 0.403 0.415 0.403 0.315 0.447 0.369 0.422
yrdolphin 0.314 0.349 0.303 0.207 0.276 0.343 0.355 0.337 0.207 0.366 0.342 0.310 0.359
bghostshar 0.499 0.481 0.492 0.454 0.499 0.495 0.474 0.516 0.495 0.495 0.543 0.516 0.542 0.479
dhumanin 0.366 0.372 0.355 0.366 0.332 0.203 0.122 0.109 0.321 0.252 0.422 0.299 0.390 0.343 0.509
neandertha 0.390 0.366 0.361 0.366 0.326 0.198 0.109 0.105 0.326 0.247 0.415 0.277 0.372 0.361 0.481 0.033
wgorilla 0.403 0.378 0.366 0.366 0.355 0.179 0.126 0.122 0.332 0.217 0.384 0.252 0.390 0.337 0.546 0.152 0.148
dcat 0.281 0.310 0.281 0.227 0.276 0.366 0.299 0.310 0.188 0.390 0.336 0.355 0.377 0.281 0.472 0.349 0.321 0.304
wehedgehog 0.417 0.456 0.456 0.356 0.436 0.497 0.463 0.477 0.405 0.490 0.430 0.477 0.392 0.417 0.534 0.512 0.490 0.490 0.380
horse 0.283 0.257 0.262 0.193 0.293 0.349 0.332 0.315 0.203 0.409 0.315 0.337 0.355 0.257 0.488 0.349 0.337 0.332 0.198 0.392
wrhinocero 0.315 0.310 0.310 0.166 0.293 0.361 0.384 0.384 0.232 0.428 0.310 0.384 0.366 0.267 0.467 0.366 0.378 0.203 0.386 0.161
gpanda 0.333 0.315 0.359 0.242 0.303 0.403 0.384 0.390 0.293 0.461 0.261 0.441 0.401 0.303 0.528 0.415 0.403 0.236 0.351 0.242 0.252
dppig 0.336 0.337 0.287 0.293 0.365 0.403 0.461 0.454 0.361 0.434 0.445 0.409 0.426 0.325 0.550 0.454 0.447 0.395 0.497 0.326 0.343 0.389

```

الجدول رقم (16) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Kimura 80 (2-Parameter))

```

=====
Distances (Kimura 80 (2-Parameter))
=====
echmouse
ptarsier 0.325
harsier 0.297 0.198
pig 0.282 0.287 0.286
bffox 0.354 0.308 0.331 0.266
sorangutan 0.360 0.377 0.349 0.323 0.350
chimpanzee 0.388 0.331 0.326 0.351 0.330 0.189
pohimpanze 0.370 0.342 0.326 0.351 0.319 0.175 0.033
sheep 0.298 0.309 0.289 0.166 0.264 0.338 0.330 0.320
nwcgibbon 0.415 0.392 0.367 0.400 0.330 0.225 0.244 0.251 0.370
ghamstar 0.318 0.299 0.325 0.302 0.412 0.441 0.376 0.383 0.303 0.432
cemaque 0.396 0.382 0.375 0.313 0.396 0.266 0.247 0.222 0.331 0.273 0.390
aselephant 0.324 0.367 0.390 0.345 0.352 0.401 0.411 0.397 0.312 0.446 0.364 0.417
yrdolphin 0.309 0.344 0.300 0.203 0.273 0.335 0.346 0.329 0.205 0.358 0.336 0.303 0.358
bghostshar 0.493 0.479 0.489 0.446 0.493 0.485 0.468 0.511 0.487 0.483 0.545 0.512 0.545 0.474
dhumanin 0.358 0.366 0.350 0.358 0.324 0.205 0.123 0.109 0.314 0.255 0.416 0.297 0.385 0.334 0.504
neandertha 0.382 0.360 0.356 0.358 0.318 0.200 0.109 0.105 0.320 0.250 0.409 0.274 0.366 0.352 0.474 0.033
wgorilla 0.397 0.372 0.361 0.358 0.347 0.180 0.127 0.123 0.326 0.218 0.377 0.249 0.386 0.330 0.541 0.155 0.150
deat 0.277 0.303 0.277 0.221 0.272 0.365 0.293 0.305 0.185 0.386 0.330 0.350 0.376 0.282 0.470 0.345 0.316 0.300
whedghog 0.412 0.451 0.448 0.346 0.425 0.489 0.451 0.465 0.397 0.482 0.418 0.474 0.380 0.408 0.525 0.503 0.481 0.482 0.372
horse 0.277 0.252 0.257 0.189 0.290 0.347 0.325 0.309 0.199 0.407 0.307 0.334 0.352 0.254 0.482 0.343 0.332 0.327 0.194 0.387
whinero 0.308 0.305 0.304 0.162 0.289 0.354 0.376 0.377 0.228 0.425 0.302 0.381 0.363 0.263 0.458 0.359 0.359 0.372 0.199 0.380 0.159
ppanda 0.347 0.310 0.361 0.238 0.302 0.399 0.379 0.386 0.295 0.456 0.255 0.438 0.399 0.305 0.530 0.414 0.414 0.401 0.238 0.341 0.240 0.250
dppig 0.335 0.333 0.282 0.288 0.359 0.397 0.453 0.448 0.354 0.432 0.440 0.404 0.432 0.322 0.537 0.447 0.447 0.443 0.397 0.486 0.326 0.343 0.388

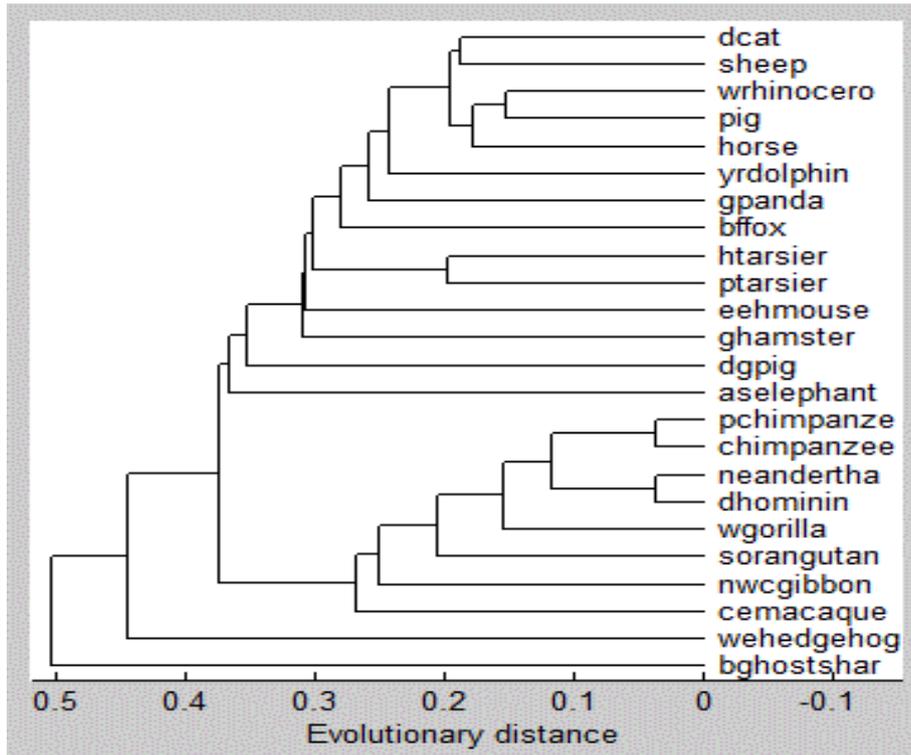
```

الجدول رقم (17) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (LogDet)

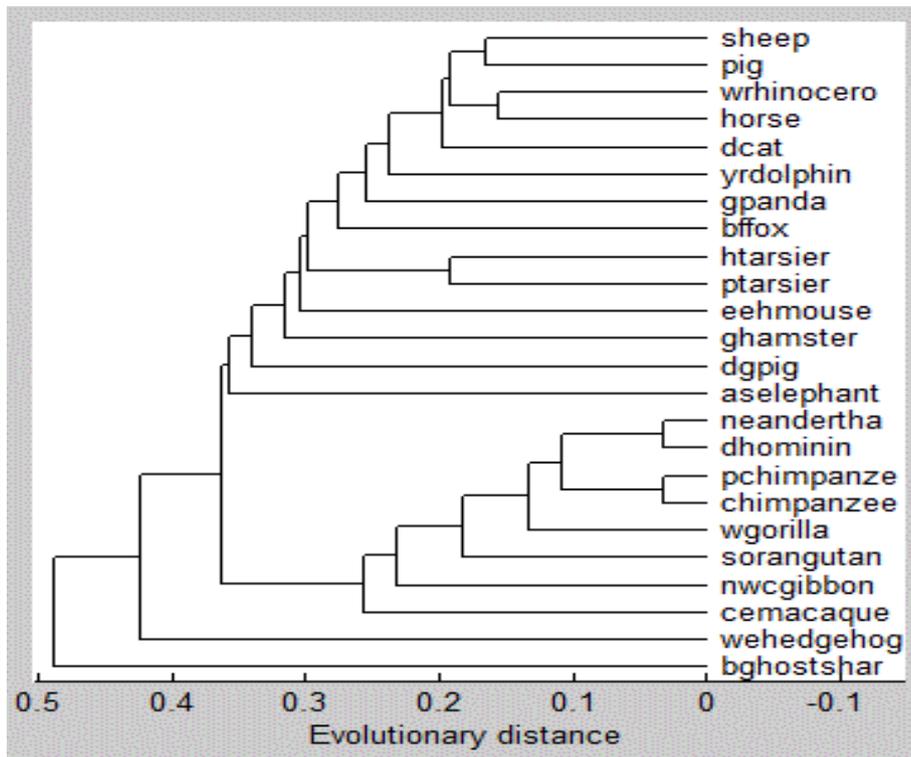
```

=====
Distances(LogDet)
=====
eehmouse
ptarsier 0.33
htarsier 0.29 0.20
pig 0.29 0.28 0.28
bfox 0.36 0.31 0.33 0.26
sorangutan 0.36 0.38 0.36 0.32 0.36
chimpanzee 0.38 0.34 0.34 0.35 0.34 0.21
pohimpanze 0.37 0.35 0.33 0.35 0.32 0.19 0.04
sheep 0.30 0.31 0.29 0.16 0.28 0.35 0.34 0.33
nwogibbon 0.42 0.41 0.39 0.40 0.34 0.25 0.26 0.27 0.38
ghamster 0.31 0.30 0.32 0.29 0.40 0.43 0.37 0.38 0.30 0.43
cemaqueue 0.40 0.38 0.37 0.31 0.39 0.28 0.25 0.22 0.34 0.28 0.38
aselephant 0.33 0.36 0.39 0.34 0.35 0.40 0.42 0.40 0.31 0.45 0.36 0.42
yrdolphin 0.31 0.34 0.30 0.20 0.27 0.33 0.34 0.32 0.21 0.36 0.32 0.30 0.36
bghostshar 0.48 0.50 0.50 0.44 0.51 0.49 0.48 0.52 0.49 0.49 0.55 0.51 0.55 0.48
dhumanin 0.36 0.38 0.36 0.36 0.33 0.22 0.13 0.11 0.32 0.26 0.42 0.30 0.39 0.32 0.53
neandertha 0.39 0.37 0.37 0.36 0.32 0.21 0.12 0.11 0.33 0.26 0.41 0.28 0.37 0.34 0.49 0.04
wgorilla 0.40 0.39 0.38 0.37 0.36 0.20 0.14 0.14 0.35 0.23 0.38 0.26 0.39 0.33 0.56 0.17 0.16
dcoat 0.27 0.30 0.28 0.22 0.27 0.38 0.30 0.31 0.19 0.40 0.32 0.35 0.38 0.29 0.47 0.36 0.33 0.32
wehedgehog 0.45 0.46 0.45 0.35 0.42 0.50 0.46 0.47 0.40 0.49 0.44 0.50 0.40 0.42 0.53 0.52 0.50 0.50 0.38
horse 0.28 0.25 0.26 0.19 0.30 0.36 0.33 0.32 0.20 0.42 0.30 0.34 0.36 0.26 0.49 0.36 0.34 0.35 0.19 0.40
whinocero 0.31 0.31 0.30 0.15 0.29 0.36 0.39 0.39 0.22 0.44 0.29 0.39 0.37 0.26 0.46 0.37 0.38 0.39 0.20 0.40 0.17
gpanda 0.35 0.31 0.36 0.23 0.29 0.40 0.39 0.39 0.29 0.46 0.26 0.44 0.41 0.30 0.54 0.44 0.44 0.42 0.23 0.36 0.24 0.25
dgpig 0.35 0.34 0.27 0.29 0.36 0.40 0.46 0.45 0.36 0.43 0.46 0.41 0.45 0.32 0.54 0.45 0.45 0.45 0.41 0.34 0.35 0.40

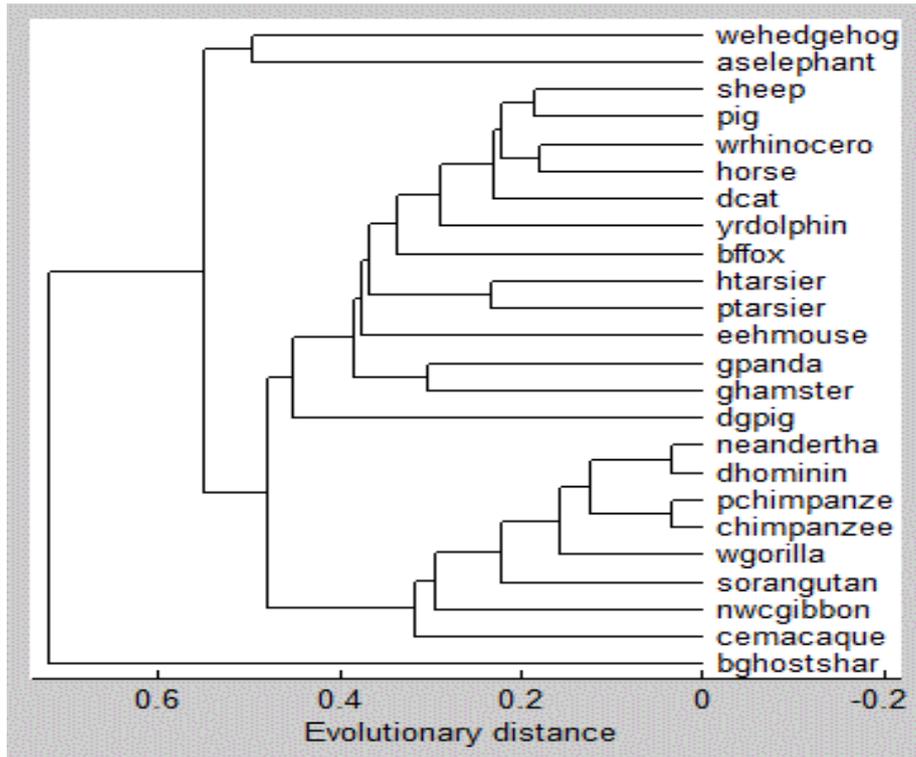
```



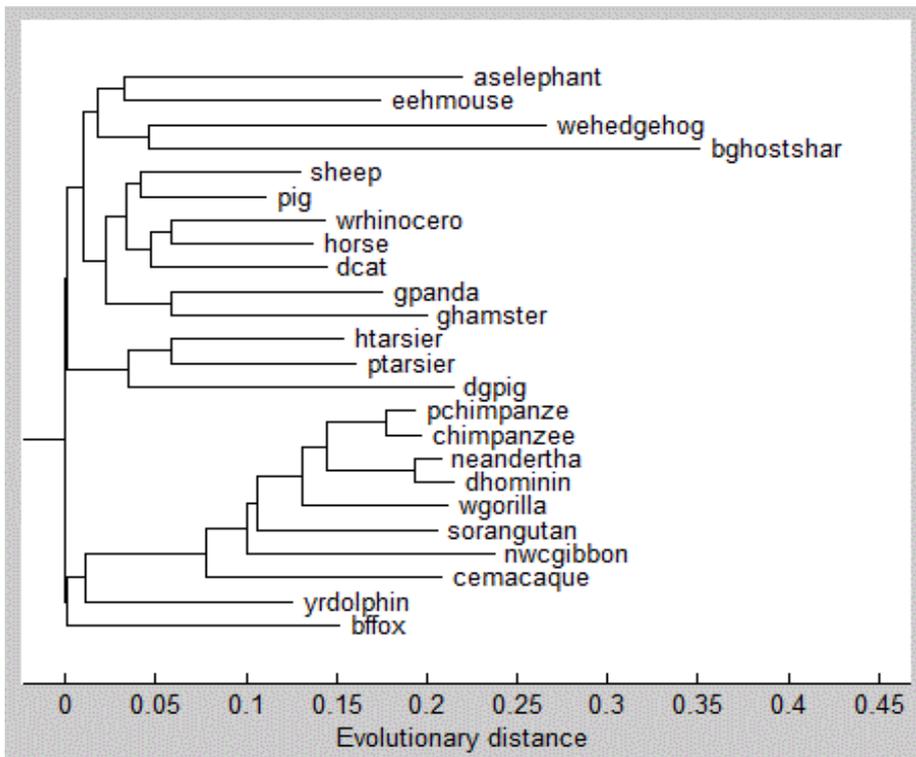
الشكل رقم (67) UPGMA Using LogDet Distanse [NADHsubunit3 gene]



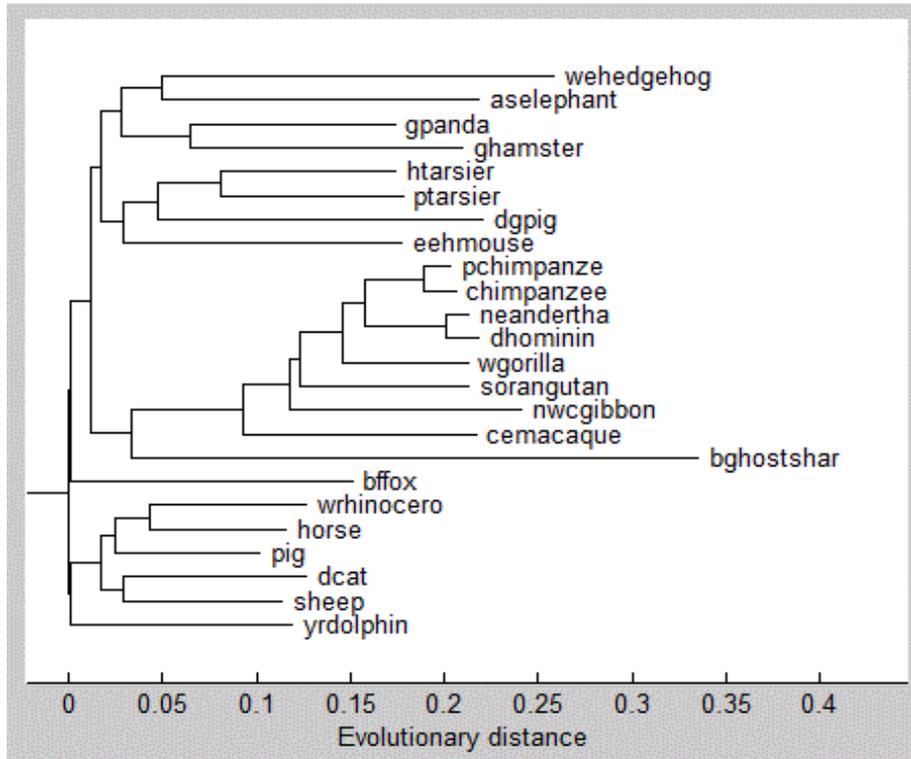
الشكل رقم (68) UPGMA Using JC69 Distanse [NADHsubunit3 gene]



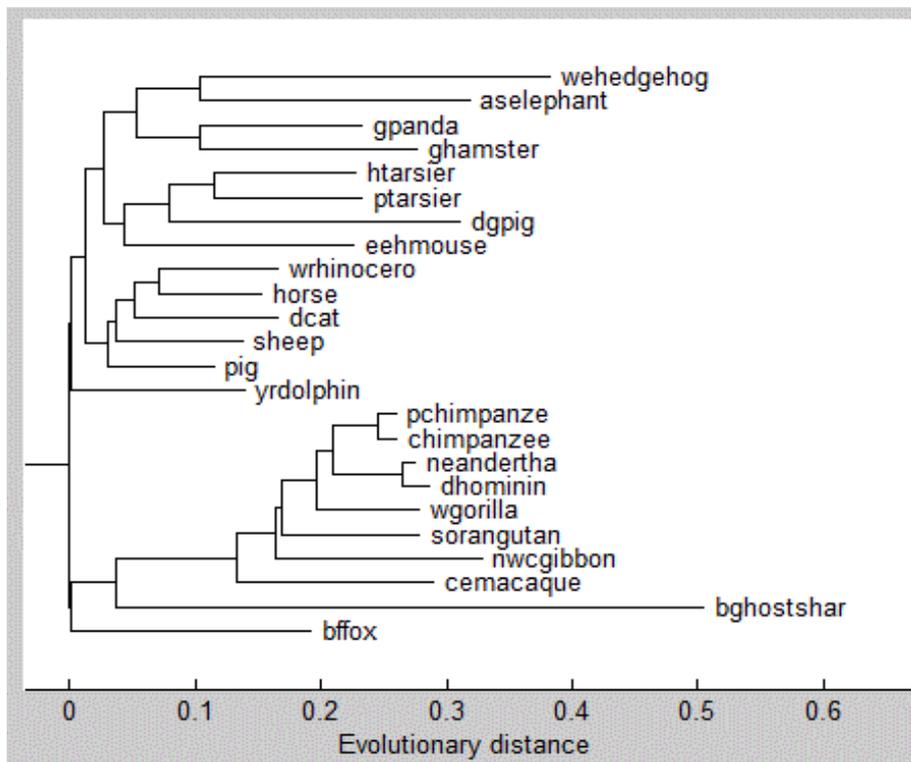
الشكل رقم (69) UPGMA Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit3 gene]



الشكل رقم (70) N-J Using LogDet Distanse [NADHsubunit3 gene]



الشكل رقم (71) N-J Using JC69 Distanse [NADHsubunit3 gene]



الشكل رقم (72) N-J Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit3 gene]

وكانت النتائج لمورثة الأنتزيم (NADHsubunit4) كالتالي:

الجدول رقم (18) نسب المحتوى النكليوتيدي ونسبة الـ GC للمورثة NADHsubunit4 لأنواع المدروسة

| | | |
|------------------------|----------------|-------------------|
| ===== | Nwcgibbon | |
| Nucleotide Composition | A - 392 (0.30) | |
| ===== | C - 468 (0.36) | |
| horse | G - 128 (0.10) | wehedgehog |
| A - 415 (0.32) | T - 317 (0.24) | A - 431 (0.33) |
| C - 408 (0.31) | | C - 277 (0.21) |
| G - 148 (0.11) | ghamster | G - 132 (0.10) |
| T - 337 (0.26) | A - 443 (0.34) | T - 468 (0.36) |
| | C - 306 (0.23) | wrhinocero |
| eehmouse | G - 134 (0.10) | A - 422 (0.32) |
| A - 452 (0.35) | T - 425 (0.32) | C - 390 (0.30) |
| C - 337 (0.26) | | G - 145 (0.11) |
| G - 131 (0.10) | rmonkey | T - 351 (0.27) |
| T - 388 (0.30) | A - 402 (0.31) | |
| | C - 428 (0.33) | gpanda |
| ptarsier | G - 132 (0.10) | A - 399 (0.31) |
| A - 410 (0.31) | T - 346 (0.26) | C - 322 (0.25) |
| C - 376 (0.29) | | G - 173 (0.13) |
| G - 141 (0.11) | cemacaque | T - 414 (0.32) |
| T - 381 (0.29) | A - 389 (0.30) | |
| | C - 412 (0.31) | dgpig |
| htarsier | G - 134 (0.10) | A - 431 (0.33) |
| A - 428 (0.33) | T - 373 (0.29) | C - 345 (0.26) |
| C - 358 (0.27) | | G - 144 (0.11) |
| G - 130 (0.10) | aselephant | T - 388 (0.30) |
| T - 392 (0.30) | A - 414 (0.32) | |
| | C - 364 (0.28) | ===== |
| pig | G - 140 (0.11) | GC CONTENT |
| A - 438 (0.33) | T - 390 (0.30) | ===== |
| C - 393 (0.30) | | horse - 0.43 |
| G - 138 (0.11) | yrdolphin | eehmouse - 0.36 |
| T - 339 (0.26) | A - 427 (0.33) | ptarsier - 0.40 |
| | C - 387 (0.30) | htarsier - 0.37 |
| bffox | G - 127 (0.10) | pig - 0.41 |
| A - 416 (0.32) | T - 367 (0.28) | bffox - 0.42 |
| C - 378 (0.29) | | sorangutan - 0.46 |
| G - 169 (0.13) | bghostshar | chimpanzee - 0.45 |
| T - 345 (0.26) | A - 373 (0.29) | pchimpanze - 0.45 |
| | C - 365 (0.28) | sheep - 0.40 |
| sorangutan | G - 171 (0.13) | nwcgibbon - 0.46 |
| A - 387 (0.30) | T - 397 (0.30) | ghamster - 0.34 |
| C - 476 (0.36) | | rmonkey - 0.43 |
| G - 131 (0.10) | dhominin | cemacaque - 0.42 |
| T - 314 (0.24) | A - 385 (0.29) | aselephant - 0.39 |
| | C - 455 (0.35) | yrdolphin - 0.39 |
| chimpanzee | G - 136 (0.10) | bghostshar - 0.41 |
| A - 378 (0.29) | T - 332 (0.25) | dhominin - 0.45 |

C - 451 (0.34)
G - 140 (0.11)
T - 339 (0.26)

pchimpanze

A - 387 (0.30)
C - 462 (0.35)
G - 133 (0.10)
T - 326 (0.25)

sheep

A - 410 (0.31)
C - 372 (0.28)
G - 145 (0.11)
T - 381 (0.29)

neandertha

A - 386 (0.30)
C - 458 (0.35)
G - 133 (0.10)
T - 331 (0.25)

wgorilla

A - 385 (0.29)
C - 442 (0.34)
G - 135 (0.10)
T - 346 (0.26)

dcat

A - 407 (0.31)
C - 374 (0.29)
G - 168 (0.13)
T - 359 (0.27)

neandertha - 0.45

wgorilla - 0.44

dcat - 0.41

wehedgehog - 0.31

wrhinocero - 0.41

gpanda - 0.38

dgpig - 0.37

الجدول رقم (20) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Kimura 80 (2-Parameter))

```

=====
Distances (Kimura 80 (2-Parameter))
=====
horse
echmouse 0.362
pearsier 0.311 0.382
hearsier 0.292 0.375 0.212
pig 0.271 0.349 0.328 0.301
biffox 0.292 0.398 0.360 0.338 0.277
sorangutan 0.323 0.421 0.370 0.362 0.343 0.372
chimpanzee 0.353 0.423 0.411 0.379 0.358 0.412 0.191
puchimpanze 0.340 0.403 0.399 0.368 0.344 0.385 0.172 0.040
sheep 0.283 0.378 0.328 0.315 0.251 0.289 0.360 0.374 0.362
nwegibbon 0.338 0.390 0.358 0.355 0.319 0.357 0.198 0.217 0.199 0.348
ghamster 0.410 0.317 0.385 0.367 0.403 0.421 0.438 0.466 0.438 0.394 0.427
zmonkey 0.384 0.441 0.410 0.391 0.378 0.418 0.285 0.282 0.273 0.389 0.281 0.459
cemaque 0.396 0.452 0.414 0.387 0.394 0.409 0.293 0.298 0.292 0.397 0.263 0.481 0.169
aelephant 0.369 0.433 0.429 0.400 0.358 0.409 0.413 0.437 0.418 0.389 0.404 0.452 0.449 0.445
yrdolphin 0.261 0.369 0.309 0.310 0.268 0.309 0.356 0.381 0.367 0.277 0.334 0.402 0.403 0.392 0.357
bghostehar 0.496 0.471 0.503 0.501 0.451 0.509 0.497 0.499 0.489 0.511 0.463 0.509 0.535 0.552 0.525 0.458
dhoimin 0.347 0.421 0.389 0.353 0.349 0.362 0.167 0.105 0.093 0.364 0.190 0.438 0.291 0.290 0.412 0.348 0.496
neandertia 0.350 0.426 0.396 0.361 0.347 0.375 0.168 0.105 0.092 0.364 0.196 0.435 0.292 0.293 0.405 0.343 0.495 0.021
wgorilla 0.348 0.427 0.398 0.363 0.364 0.389 0.194 0.137 0.120 0.380 0.216 0.462 0.302 0.311 0.440 0.363 0.509 0.133 0.126
deat 0.269 0.399 0.366 0.344 0.283 0.318 0.380 0.395 0.373 0.286 0.340 0.401 0.412 0.408 0.390 0.309 0.509 0.375 0.373 0.394
vehedghog 0.435 0.423 0.441 0.448 0.416 0.484 0.491 0.486 0.501 0.421 0.488 0.457 0.506 0.515 0.465 0.426 0.503 0.502 0.496 0.508 0.452
vrhinoero 0.215 0.359 0.303 0.284 0.268 0.275 0.323 0.333 0.332 0.261 0.305 0.404 0.374 0.397 0.392 0.274 0.476 0.334 0.336 0.342 0.279 0.430
ggranda 0.282 0.391 0.351 0.337 0.287 0.316 0.398 0.414 0.406 0.293 0.376 0.420 0.433 0.417 0.399 0.308 0.497 0.407 0.411 0.405 0.289 0.455 0.317
dppig 0.362 0.386 0.426 0.383 0.370 0.398 0.389 0.419 0.410 0.386 0.379 0.424 0.447 0.432 0.404 0.368 0.508 0.408 0.400 0.405 0.379 0.440 0.369 0.375

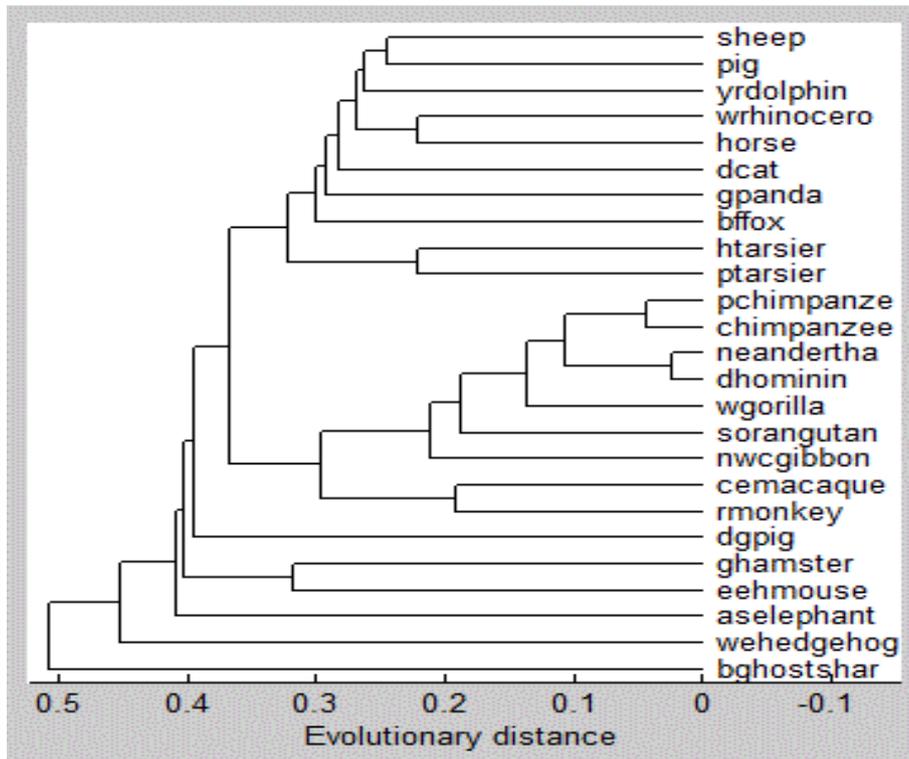
```

الجدول رقم (21) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (LogDet)

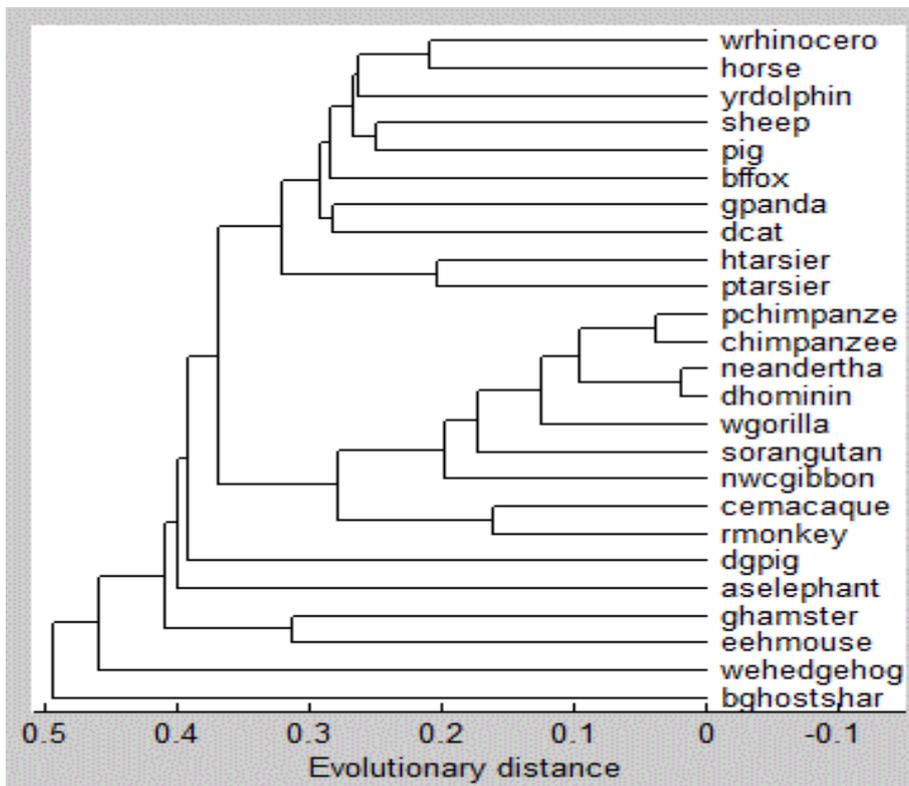
```

=====
Distances (LogDet)
=====
horse
eelmouse 0.36
ptarsier 0.31 0.38
htarsier 0.29 0.38 0.22
pig 0.27 0.34 0.32 0.29
bffox 0.30 0.40 0.37 0.34 0.28
sorangutan 0.32 0.40 0.36 0.34 0.33 0.37
chimpanzee 0.35 0.41 0.40 0.37 0.35 0.41 0.20
pchimpanze 0.34 0.39 0.39 0.36 0.34 0.38 0.18 0.04
sheep 0.28 0.37 0.33 0.31 0.25 0.29 0.35 0.37 0.35
nwgibbon 0.33 0.37 0.34 0.34 0.31 0.35 0.21 0.22 0.21 0.34
ghanster 0.40 0.32 0.38 0.37 0.40 0.42 0.43 0.45 0.44 0.39 0.40
rmonkey 0.39 0.43 0.41 0.38 0.37 0.42 0.29 0.29 0.28 0.39 0.29 0.45
cenacague 0.40 0.45 0.41 0.38 0.39 0.41 0.30 0.31 0.30 0.39 0.26 0.47 0.19
aselephant 0.37 0.43 0.43 0.40 0.36 0.41 0.41 0.44 0.41 0.39 0.40 0.46 0.45 0.44
yrdolphin 0.26 0.36 0.30 0.30 0.26 0.30 0.35 0.37 0.36 0.27 0.32 0.39 0.40 0.38 0.35
bghostshar 0.51 0.48 0.52 0.51 0.46 0.52 0.50 0.51 0.49 0.52 0.46 0.52 0.54 0.57 0.55 0.46
dhoiminin 0.35 0.41 0.38 0.34 0.35 0.36 0.18 0.11 0.10 0.36 0.20 0.42 0.30 0.30 0.41 0.34 0.50
neandatha 0.35 0.41 0.39 0.35 0.34 0.38 0.18 0.11 0.10 0.36 0.21 0.42 0.30 0.30 0.40 0.34 0.50 0.02
wgorilla 0.35 0.42 0.39 0.35 0.36 0.39 0.21 0.15 0.13 0.37 0.22 0.45 0.31 0.32 0.44 0.36 0.51 0.14 0.13
dcat 0.27 0.40 0.37 0.34 0.28 0.33 0.37 0.39 0.37 0.29 0.33 0.40 0.41 0.41 0.39 0.30 0.53 0.37 0.37 0.39
wehedgehog 0.42 0.43 0.44 0.45 0.41 0.48 0.45 0.46 0.47 0.41 0.45 0.47 0.49 0.50 0.46 0.41 0.51 0.48 0.47 0.49 0.45
wrhinocero 0.22 0.35 0.30 0.28 0.27 0.29 0.32 0.34 0.33 0.26 0.30 0.40 0.38 0.40 0.40 0.27 0.49 0.34 0.34 0.35 0.28 0.42
gpanda 0.28 0.39 0.35 0.34 0.28 0.32 0.38 0.41 0.39 0.29 0.36 0.43 0.41 0.41 0.41 0.30 0.51 0.40 0.40 0.40 0.29 0.46 0.32
dgpig 0.36 0.39 0.43 0.39 0.37 0.41 0.38 0.42 0.41 0.39 0.37 0.42 0.45 0.43 0.41 0.37 0.52 0.41 0.40 0.41 0.38 0.45 0.37 0.39

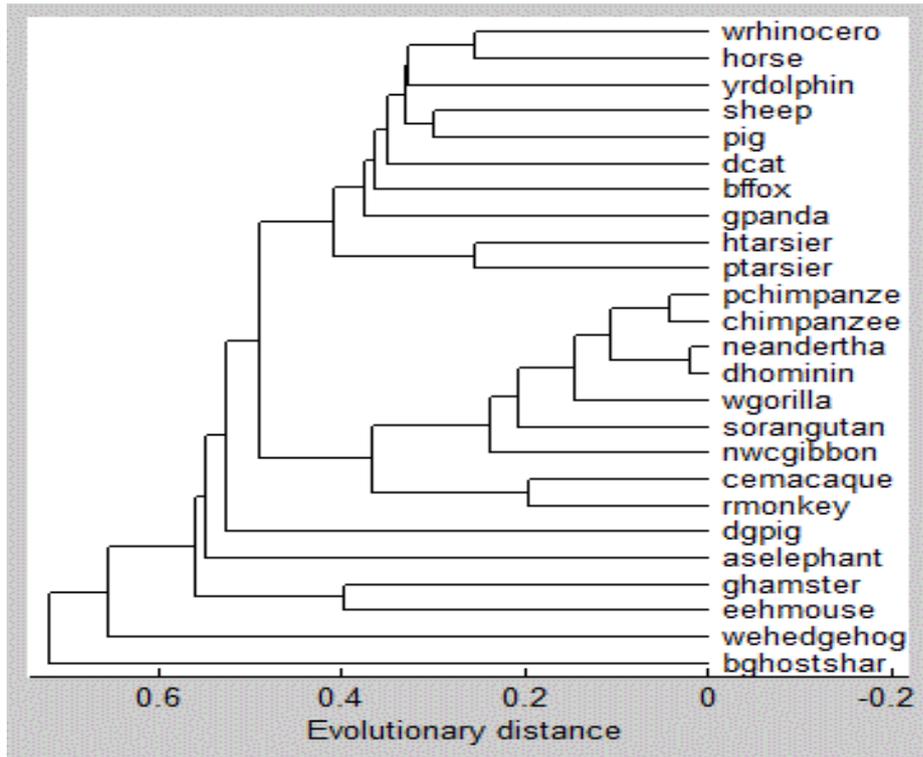
```



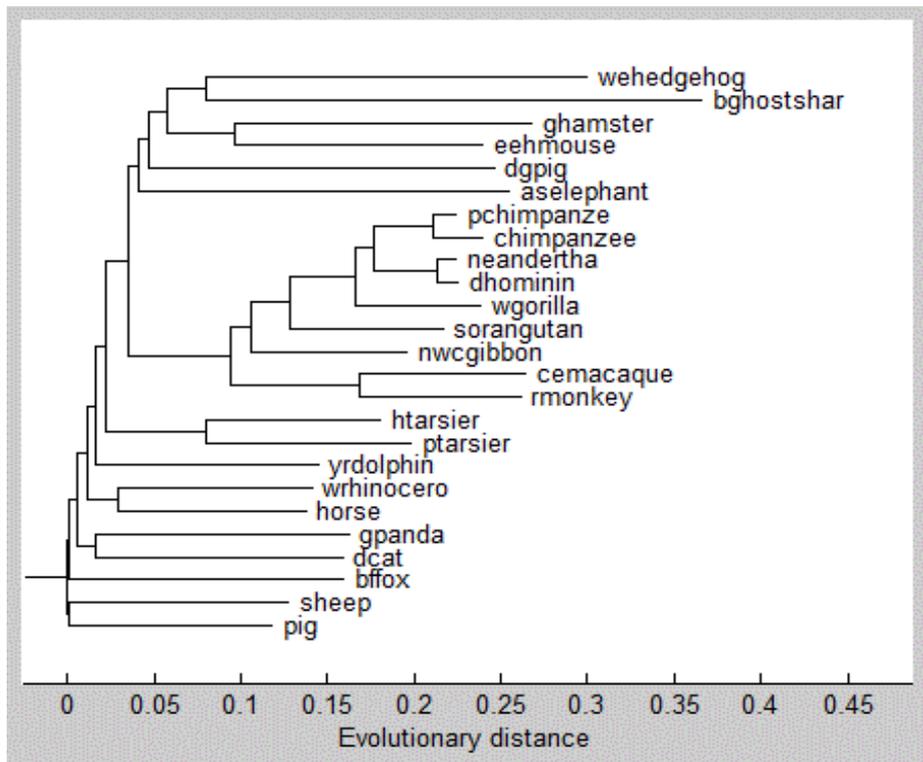
الشكل رقم (73) UPGMA Using LogDet Distanse [NADHsubunit4 gene]



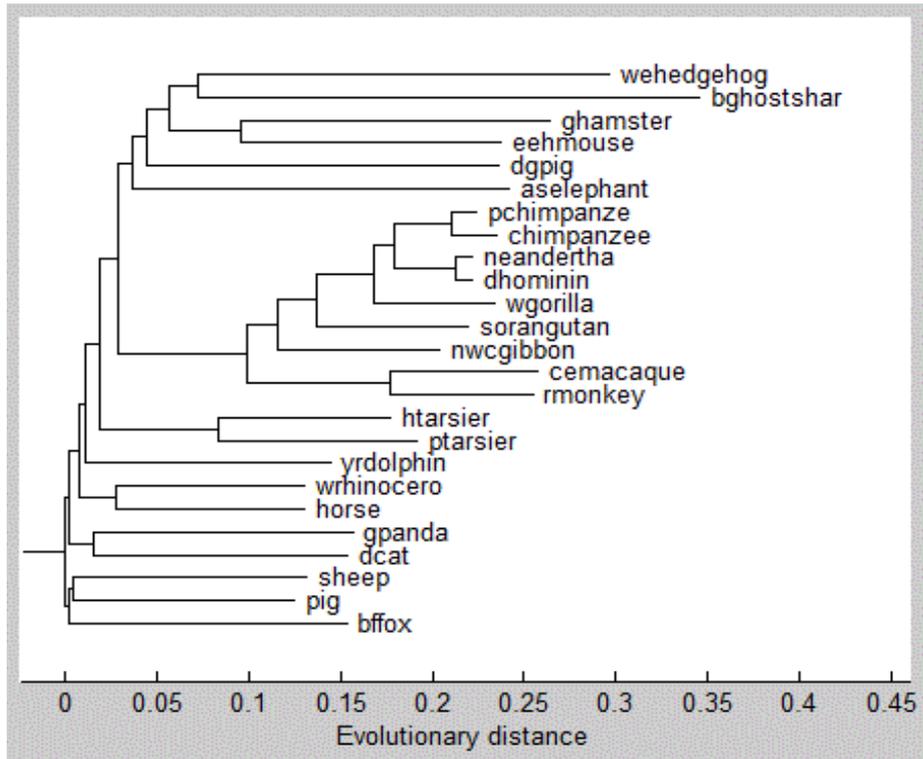
الشكل رقم (74) UPGMA Using JC69 Distanse [NADHsubunit4 gene]



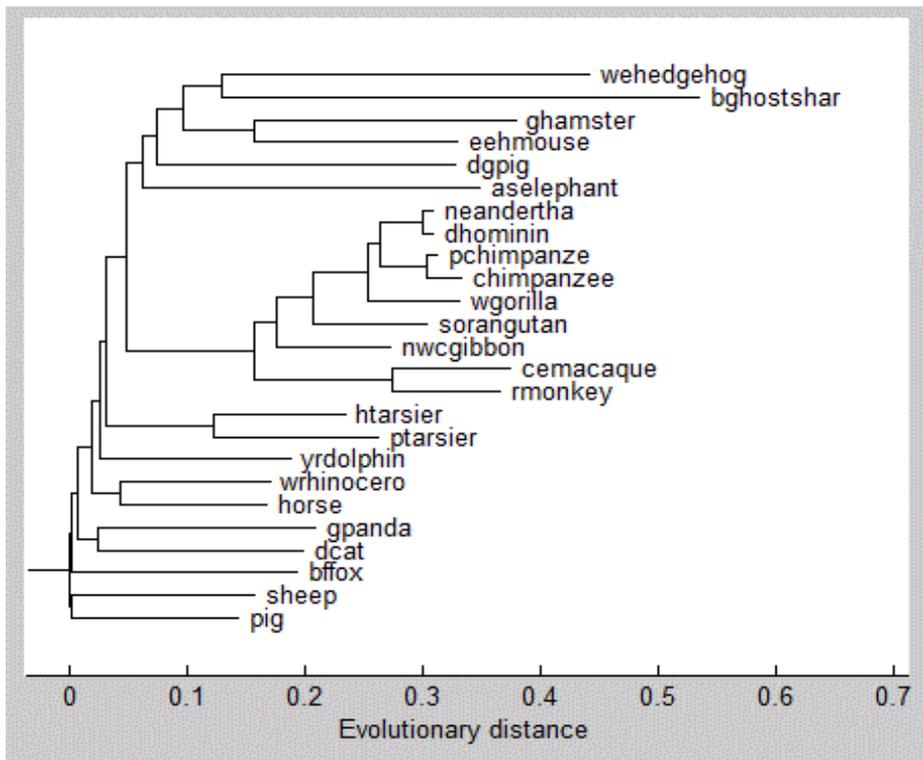
الشكل رقم (75) UPGMA Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit4 gene]



الشكل رقم (76) N-J Using LogDet Distanse [NADHsubunit4 gene]



الشكل رقم (77) N-J Using JC69 Distance [NADHsubunit4 gene]



الشكل رقم (78) N-J Using Kimura80 Distance [NADHsubunit4 gene]

وكانت النتائج لمورثة الأنتزيم (NADHsubunit5) كالتالي:
الجدول رقم (22) نسب المحتوى النكليوتيدي ونسبة الـGC للمورثة NADHsubunit5 للأنواع المدروسة

=====
Nucleotide Composition
 =====

eehmouse
 A - 609 (0.35)
 C - 483 (0.28)
 G - 177 (0.10)
 T - 485 (0.28)

Ghamster
 A - 573 (0.33)
 C - 438 (0.25)
 G - 188 (0.11)
 T - 552 (0.32)

wehedgehog
 A - 591 (0.34)
 C - 346 (0.20)
 G - 178 (0.10)
 T - 627 (0.36)

ptarsier
 A - 531 (0.30)
 C - 500 (0.29)
 G - 200 (0.11)
 T - 514 (0.29)

rmonkey
 A - 563 (0.32)
 C - 560 (0.32)
 G - 179 (0.10)
 T - 440 (0.25)

horse
 A - 543 (0.31)
 C - 559 (0.32)
 G - 194 (0.11)
 T - 449 (0.26)

htarsier
 A - 566 (0.32)
 C - 509 (0.29)
 G - 167 (0.10)
 T - 500 (0.29)

cemacaque
 A - 567 (0.33)
 C - 557 (0.32)
 G - 179 (0.10)
 T - 439 (0.25)

wrhinocero
 A - 574 (0.33)
 C - 558 (0.32)
 G - 186 (0.11)
 T - 433 (0.25)

pig
 A - 617 (0.35)
 C - 489 (0.28)
 G - 189 (0.11)
 T - 456 (0.26)

aselephant
 A - 584 (0.33)
 C - 479 (0.27)
 G - 196 (0.11)
 T - 492 (0.28)

gpanda
 A - 569 (0.32)
 C - 459 (0.26)
 G - 227 (0.13)
 T - 505 (0.29)

bffox
 A - 581 (0.34)
 C - 501 (0.29)
 G - 208 (0.12)
 T - 443 (0.26)

yrdolphin
 A - 579 (0.33)
 C - 531 (0.30)
 G - 162 (0.09)
 T - 479 (0.27)

dgpig
 A - 556 (0.32)
 C - 440 (0.25)
 G - 219 (0.13)
 T - 527 (0.30)

sorangutan
 A - 521 (0.30)
 C - 620 (0.36)
 G - 188 (0.11)
 T - 407 (0.23)

bghostshar
 A - 558 (0.32)
 C - 472 (0.27)
 G - 207 (0.12)
 T - 520 (0.30)

=====
GC CONTENT
 =====

eehmouse - 0.38
 ptarsier - 0.40
 htarsier - 0.39
 pig - 0.39
 bffox - 0.41
 sorangutan - 0.47
 chimpanzee - 0.44
 pchimpanze - 0.43
 sheep - 0.39
 nwcgibbon - 0.46
 ghamster - 0.36
 rmonkey - 0.42
 cemacaque - 0.42

chimpanzee
 A - 534 (0.31)
 C - 574 (0.33)
 G - 184 (0.11)
 T - 450 (0.26)

dhominin
 A - 525 (0.30)
 C - 597 (0.34)
 G - 196 (0.11)
 T - 424 (0.24)

pchimpanze
 A - 542 (0.31)

neandertha
 A - 531 (0.30)

C - 570 (0.33)
G - 179 (0.10)
T - 451 (0.26)

sheep

A - 593 (0.34)
C - 496 (0.28)
G - 183 (0.10)
T - 479 (0.27)

nwcgibbon

A - 524 (0.30)
C - 611 (0.35)
G - 195 (0.11)
T - 406 (0.23)

C - 590 (0.34)
G - 191 (0.11)
T - 430 (0.25)

wgorilla

A - 523 (0.30)
C - 571 (0.33)
G - 193 (0.11)
T - 455 (0.26)

dcat

A - 558 (0.32)
C - 486 (0.28)
G - 214 (0.12)
T - 493 (0.28)

aselephant - 0.39
yrdolphin - 0.40
bghostshar - 0.39
dhominin - 0.46
neandertha - 0.45
wgorilla - 0.44
dcat - 0.40
wehedgehog - 0.30
horse - 0.43
wrhinocero - 0.42
gpanda - 0.39
dgpig - 0.38

الجدول رقم (23) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Jukes & Cantor 69)

```

=====
Distances (Jukes & Cantor 69)
=====
eelmouse
ptarsier 0.417
htarsier 0.404 0.213
pig 0.380 0.341 0.331
bfox 0.392 0.363 0.341 0.295
sorangutan 0.446 0.388 0.381 0.354 0.364
chimpanzee 0.424 0.367 0.344 0.333 0.347 0.204
pohimpanze 0.425 0.362 0.345 0.334 0.350 0.203 0.055
sheep 0.374 0.336 0.314 0.252 0.284 0.350 0.334 0.334
nwegibbon 0.433 0.338 0.343 0.344 0.356 0.218 0.211 0.199 0.354
ghamster 0.350 0.418 0.416 0.397 0.416 0.450 0.438 0.432 0.403 0.464
rmonkey 0.435 0.386 0.375 0.338 0.356 0.268 0.253 0.242 0.350 0.236 0.441
cemaque 0.431 0.382 0.359 0.340 0.365 0.265 0.250 0.236 0.339 0.248 0.437 0.074
aselephant 0.453 0.403 0.367 0.366 0.390 0.421 0.429 0.423 0.400 0.409 0.450 0.406 0.410
yrdolphin 0.422 0.398 0.370 0.316 0.329 0.398 0.377 0.371 0.280 0.381 0.419 0.373 0.369 0.412
bghostshar 0.475 0.502 0.485 0.482 0.481 0.532 0.504 0.496 0.464 0.509 0.515 0.515 0.513 0.517 0.484
dhumanin 0.436 0.377 0.369 0.345 0.358 0.188 0.118 0.110 0.353 0.203 0.448 0.255 0.255 0.426 0.386 0.512
neandertha 0.429 0.376 0.363 0.353 0.357 0.195 0.113 0.103 0.349 0.202 0.444 0.247 0.252 0.417 0.383 0.508 0.027
vgorilla 0.427 0.373 0.368 0.327 0.369 0.203 0.137 0.140 0.351 0.223 0.427 0.246 0.249 0.442 0.390 0.544 0.154 0.157
dcat 0.422 0.368 0.357 0.291 0.303 0.385 0.374 0.365 0.303 0.363 0.432 0.372 0.373 0.400 0.338 0.515 0.366 0.368 0.375
vehedehog 0.496 0.466 0.436 0.444 0.456 0.514 0.484 0.478 0.429 0.503 0.503 0.463 0.464 0.484 0.477 0.543 0.502 0.503 0.495 0.459
horse 0.417 0.348 0.326 0.269 0.289 0.326 0.332 0.329 0.255 0.335 0.421 0.343 0.333 0.359 0.320 0.493 0.330 0.328 0.343 0.284 0.464
vrhinocero 0.396 0.336 0.336 0.265 0.273 0.305 0.313 0.307 0.255 0.311 0.415 0.307 0.316 0.374 0.311 0.497 0.313 0.312 0.312 0.262 0.462 0.203
gpanda 0.433 0.376 0.368 0.316 0.308 0.406 0.413 0.408 0.302 0.397 0.438 0.397 0.413 0.384 0.370 0.488 0.408 0.411 0.413 0.277 0.460 0.285 0.290
dppig 0.447 0.414 0.401 0.390 0.384 0.438 0.411 0.405 0.400 0.419 0.442 0.434 0.442 0.447 0.447 0.503 0.416 0.418 0.421 0.413 0.470 0.399 0.403 0.427

```

الجدول رقم (24) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Kimura 80 (2-Parameter))

```

=====
Distances (Kimura 80 (2-Parameter))
=====
echmouse 0.407
pearsier 0.394 0.215
htarsier 0.373 0.335 0.324
pig 0.380 0.353 0.330 0.288
bffox 0.435 0.381 0.372 0.346 0.351
sorangutan 0.414 0.361 0.338 0.326 0.337 0.205
chimpanzee 0.415 0.356 0.339 0.328 0.340 0.204 0.054
sheep 0.368 0.329 0.307 0.250 0.277 0.343 0.329 0.328
meggibbon 0.421 0.352 0.336 0.336 0.344 0.218 0.211 0.199 0.347
ghamster 0.345 0.409 0.405 0.389 0.403 0.440 0.430 0.424 0.395 0.453
monkey 0.425 0.381 0.370 0.331 0.345 0.267 0.253 0.242 0.344 0.255 0.433
cemaquae 0.421 0.377 0.353 0.333 0.354 0.263 0.250 0.236 0.333 0.246 0.428 0.074
aalephant 0.442 0.397 0.359 0.338 0.378 0.412 0.423 0.416 0.392 0.401 0.439 0.399 0.404
yrdolphin 0.414 0.393 0.363 0.312 0.321 0.389 0.370 0.365 0.278 0.375 0.411 0.367 0.362 0.404
bghostshar 0.464 0.488 0.471 0.469 0.463 0.516 0.491 0.483 0.453 0.493 0.501 0.501 0.498 0.505 0.472
dhumanin 0.426 0.372 0.363 0.339 0.347 0.188 0.119 0.111 0.347 0.203 0.441 0.255 0.255 0.419 0.380 0.499
neandertha 0.419 0.370 0.356 0.346 0.347 0.195 0.113 0.104 0.343 0.202 0.437 0.247 0.252 0.410 0.376 0.495 0.027
wgorilla 0.417 0.368 0.363 0.321 0.359 0.204 0.138 0.142 0.345 0.225 0.418 0.245 0.248 0.436 0.385 0.532 0.156 0.159
dcat 0.415 0.362 0.350 0.287 0.296 0.378 0.369 0.359 0.300 0.356 0.424 0.366 0.367 0.393 0.335 0.503 0.359 0.362 0.369
wehdghag 0.483 0.455 0.424 0.435 0.441 0.504 0.474 0.467 0.419 0.492 0.491 0.451 0.453 0.470 0.469 0.526 0.492 0.493 0.484 0.451
horse 0.408 0.342 0.319 0.265 0.281 0.318 0.326 0.322 0.251 0.329 0.412 0.337 0.326 0.351 0.316 0.481 0.323 0.321 0.338 0.282 0.456
whinoero 0.389 0.331 0.331 0.262 0.266 0.298 0.309 0.303 0.253 0.305 0.408 0.303 0.313 0.368 0.309 0.486 0.309 0.308 0.308 0.260 0.454 0.201
gpanda 0.426 0.371 0.361 0.314 0.302 0.397 0.408 0.402 0.300 0.391 0.431 0.390 0.407 0.376 0.368 0.478 0.402 0.405 0.407 0.276 0.453 0.284 0.289
dppig 0.439 0.406 0.392 0.382 0.373 0.431 0.405 0.398 0.393 0.411 0.432 0.429 0.437 0.439 0.410 0.412 0.416 0.404 0.457 0.391 0.395 0.420

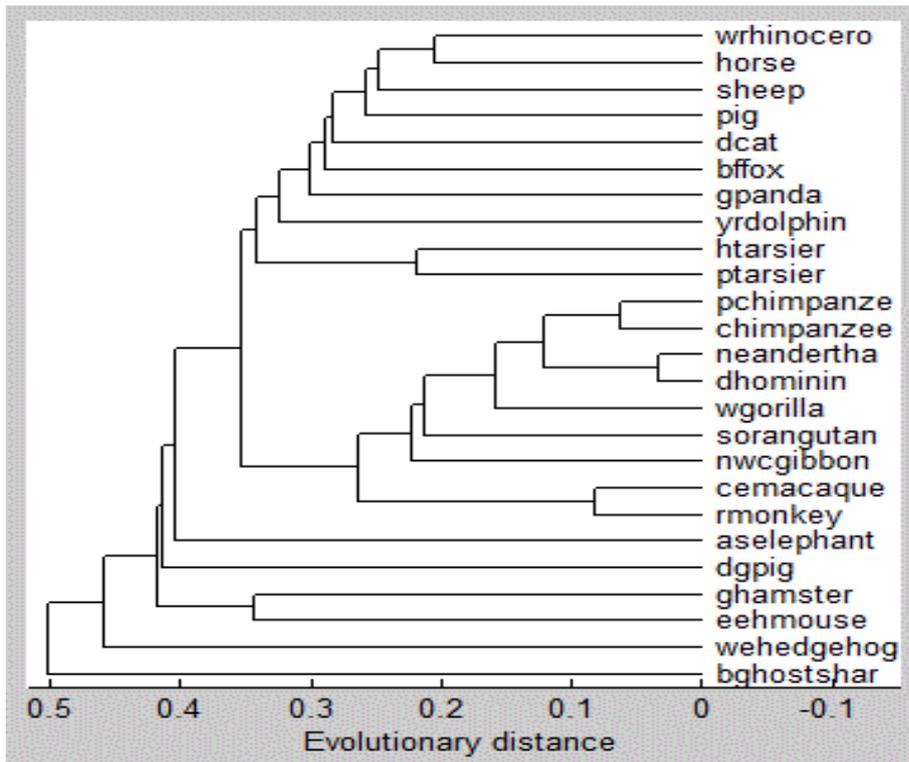
```

الجدول رقم (25) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (LogDet)

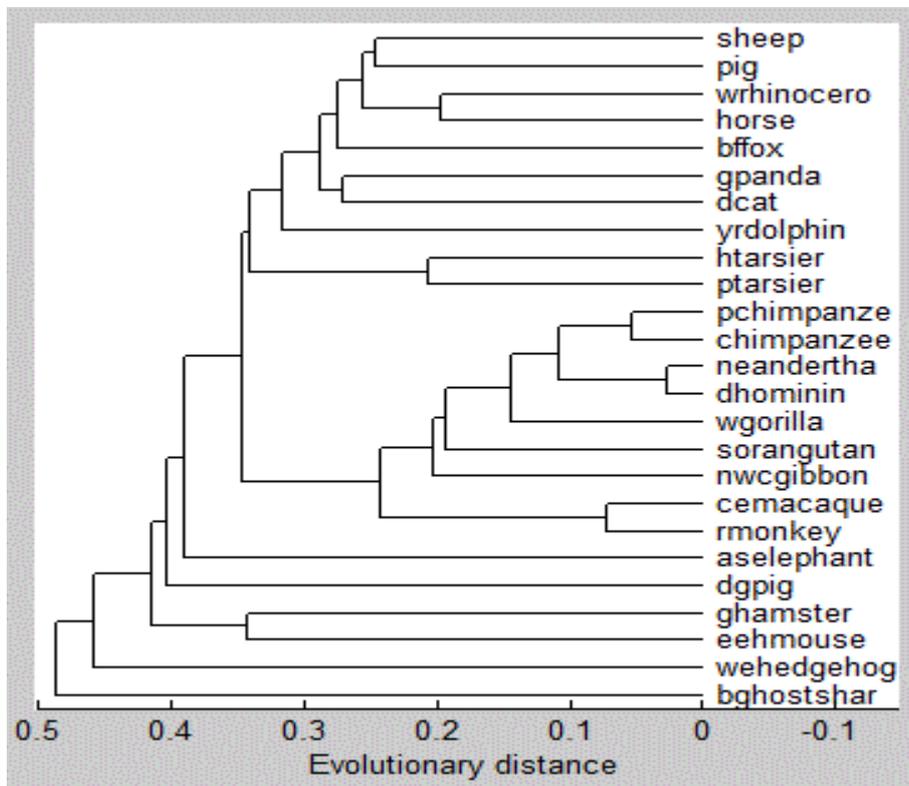
```

=====
Distances(LogDet)
=====
eelmouse
ptarsier 0.41
htarsier 0.39 0.22
pig 0.37 0.33 0.32
bfox 0.39 0.36 0.33 0.30
sorangutan 0.44 0.38 0.37 0.34 0.36
chimpanzee 0.41 0.36 0.33 0.33 0.35 0.22
pchimpanze 0.41 0.36 0.33 0.33 0.35 0.22 0.06
sheep 0.37 0.33 0.30 0.25 0.28 0.34 0.33 0.33
nwogibbon 0.42 0.35 0.33 0.34 0.36 0.24 0.22 0.21 0.35
ghanster 0.34 0.41 0.41 0.39 0.41 0.43 0.43 0.42 0.40 0.45
rmonkey 0.43 0.39 0.37 0.33 0.36 0.28 0.27 0.25 0.35 0.25 0.44
cenacague 0.43 0.38 0.35 0.34 0.37 0.28 0.26 0.25 0.33 0.26 0.43 0.08
aselephant 0.45 0.41 0.36 0.36 0.39 0.41 0.44 0.43 0.40 0.41 0.46 0.41 0.42
yrdolphin 0.41 0.39 0.36 0.31 0.33 0.39 0.37 0.36 0.28 0.37 0.41 0.37 0.36 0.41
bghostshar 0.47 0.50 0.48 0.48 0.48 0.52 0.50 0.49 0.46 0.50 0.52 0.51 0.52 0.48
dhumanin 0.42 0.37 0.36 0.34 0.36 0.20 0.13 0.12 0.35 0.22 0.44 0.27 0.27 0.43 0.38 0.51
neandertha 0.42 0.37 0.35 0.35 0.36 0.21 0.12 0.11 0.34 0.21 0.43 0.26 0.27 0.42 0.37 0.50 0.03
wgorilla 0.42 0.37 0.36 0.32 0.37 0.22 0.15 0.15 0.35 0.24 0.42 0.26 0.26 0.45 0.38 0.55 0.17 0.17
dcat 0.42 0.37 0.35 0.29 0.31 0.38 0.37 0.36 0.30 0.36 0.43 0.37 0.37 0.41 0.34 0.52 0.36 0.36 0.37
wehedgehog 0.48 0.46 0.42 0.43 0.44 0.47 0.46 0.46 0.41 0.46 0.51 0.44 0.48 0.46 0.54 0.47 0.48 0.47 0.45
horse 0.41 0.34 0.31 0.26 0.29 0.32 0.33 0.33 0.25 0.34 0.41 0.34 0.33 0.36 0.32 0.49 0.33 0.33 0.34 0.28 0.44
wrhinocero 0.39 0.33 0.32 0.26 0.27 0.30 0.31 0.30 0.25 0.31 0.41 0.31 0.32 0.37 0.31 0.49 0.31 0.31 0.26 0.44 0.21
gpanda 0.43 0.38 0.36 0.32 0.32 0.40 0.41 0.41 0.30 0.39 0.45 0.39 0.41 0.39 0.37 0.50 0.40 0.41 0.29 0.46 0.29 0.29
dgpig 0.45 0.41 0.39 0.39 0.39 0.43 0.41 0.40 0.40 0.41 0.44 0.44 0.44 0.46 0.44 0.51 0.40 0.41 0.42 0.41 0.47 0.40 0.40 0.44

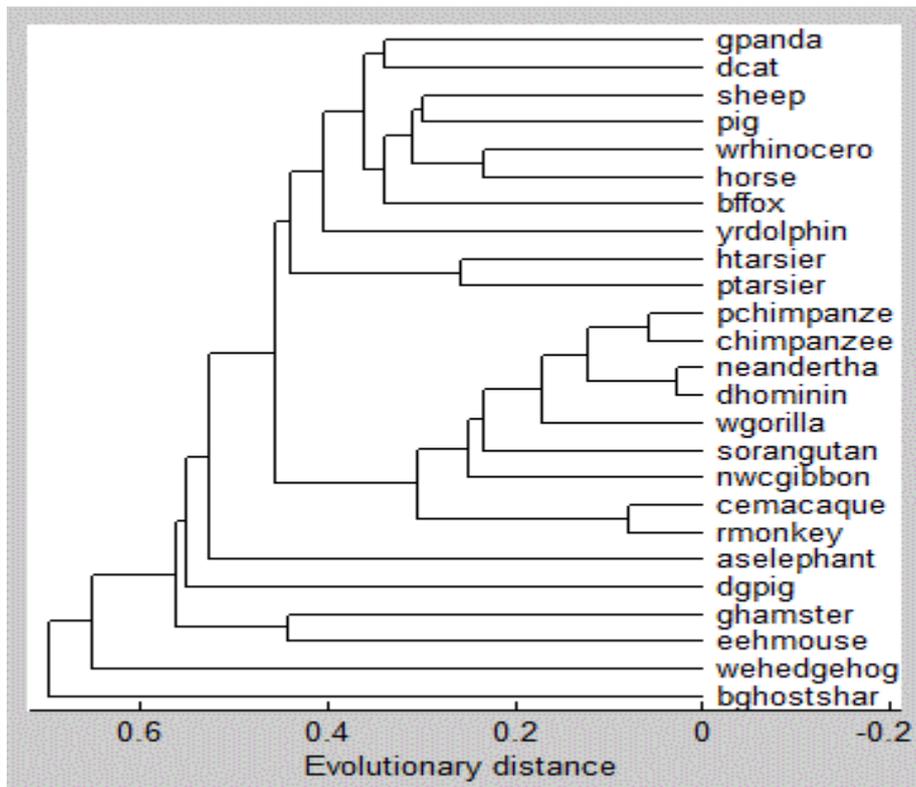
```



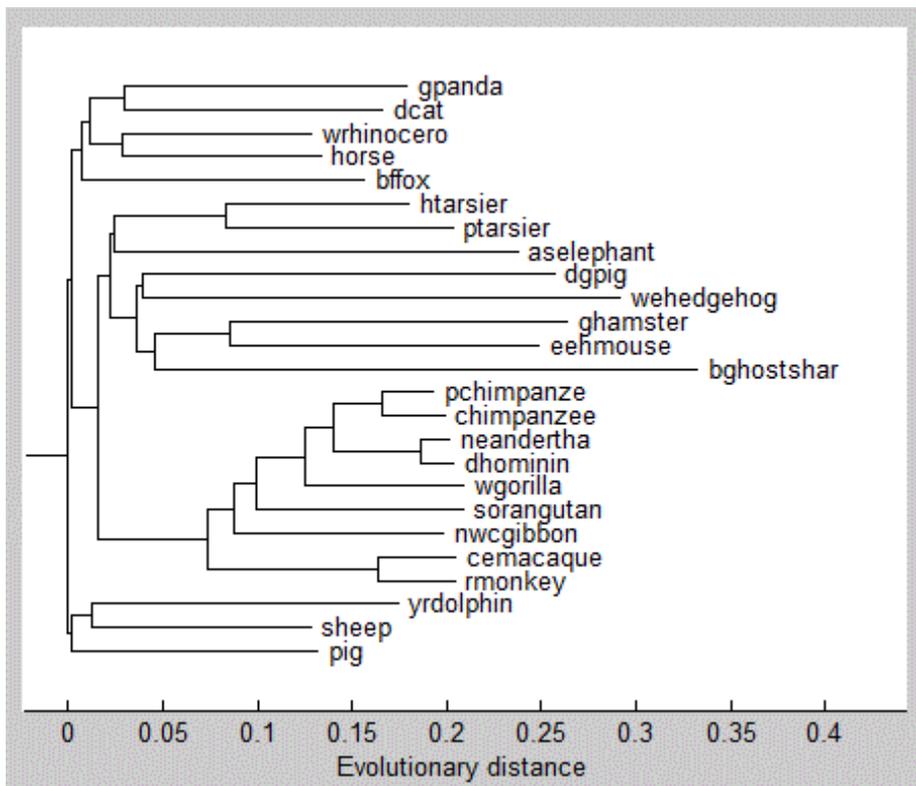
الشكل رقم (79) UPGMA Using LogDet Distance [NADHsubunit5 gene]



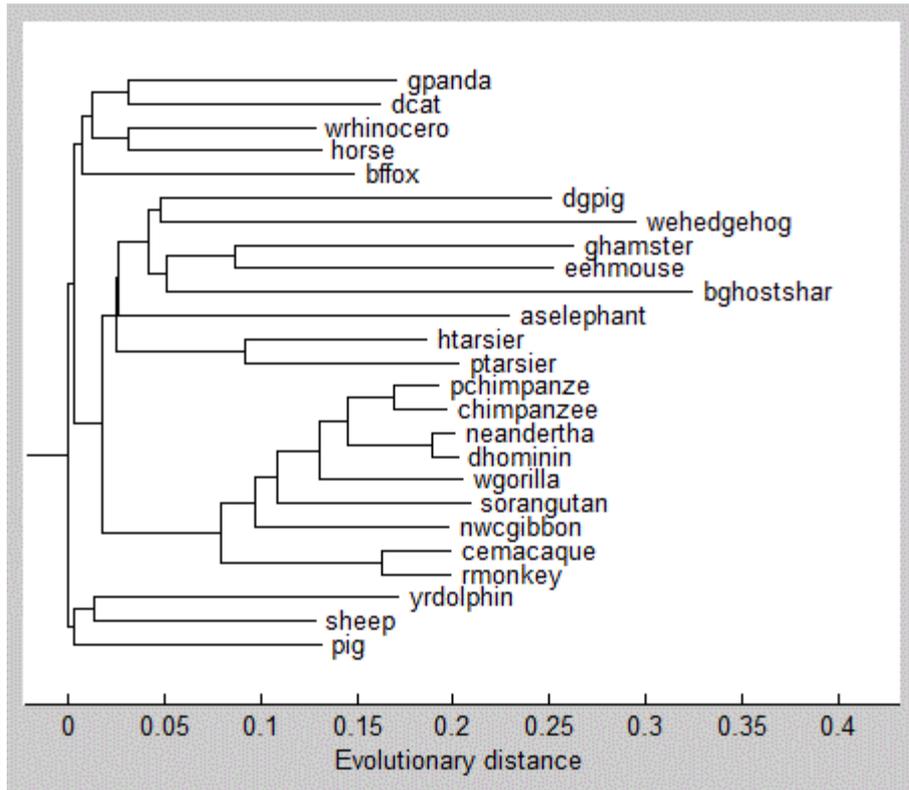
الشكل رقم (80) UPGMA Using JC69 Distance [NADHsubunit5 gene]



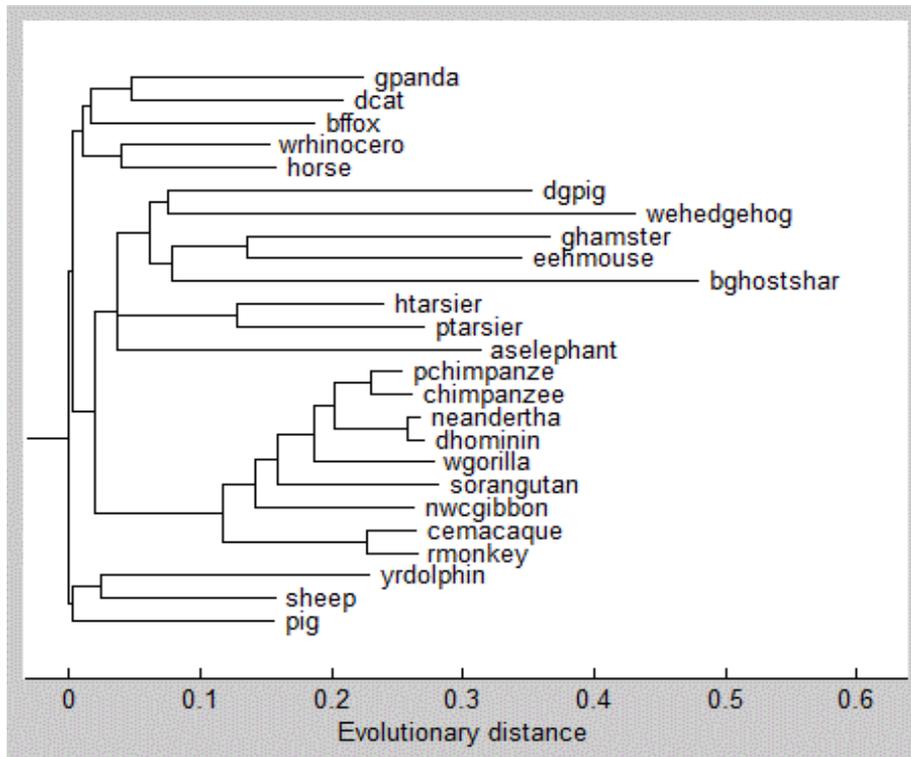
الشكل رقم (81) UPGMA Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit5 gene]



الشكل رقم (82) N-J Using LogDet Distanse [NADHsubunit5 gene]



الشكل رقم (83) N-J Using JC69 Distanse [NADHsubunit5 gene]



الشكل رقم (84) N-J Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit5 gene]

وكانت النتائج لمورثة الأنتزيم (NADHsubunit6) كالتالي:

الجدول رقم (26) نسب المحتوى النكليوتيدي ونسبة الـ GC للمورثة NADHsubunit6 للأنواع المدروسة

| Nucleotide Composition | | GC CONTENT | |
|------------------------|---|-------------------|--|
| eehmouse | A - 95 (0.21) C - 28 (0.06) G - 137 (0.31) T - 189 (0.42) | eehmouse - 0.37 | |
| ptarsier | A - 84 (0.19) C - 32 (0.07) G - 146 (0.33) T - 181 (0.41) | ptarsier - 0.40 | |
| htarsier | A - 92 (0.21) C - 28 (0.06) G - 137 (0.31) T - 186 (0.42) | htarsier - 0.37 | |
| pig | A - 95 (0.21) C - 32 (0.07) G - 131 (0.29) T - 200 (0.44) | pig - 0.36 | |
| bffox | A - 78 (0.17) C - 42 (0.09) G - 153 (0.33) T - 185 (0.40) | bffox - 0.43 | |
| sorangutan | A - 87 (0.19) C - 28 (0.06) G - 173 (0.38) T - 167 (0.37) | sorangutan - 0.44 | |
| chimpanzee | A - 94 (0.21) C - 33 (0.07) G - 164 (0.36) T - 164 (0.36) | chimpanzee - 0.43 | |
| nwcbbon | A - 80 (0.18) C - 34 (0.07) G - 175 (0.38) T - 166 (0.36) | | |
| ghamster | A - 118 (0.26) C - 33 (0.07) G - 127 (0.28) T - 177 (0.39) | | |
| rmonkey | A - 80 (0.17) C - 28 (0.06) G - 166 (0.36) T - 184 (0.40) | | |
| cemacaque | A - 79 (0.17) C - 32 (0.07) G - 168 (0.37) T - 179 (0.39) | | |
| aselephant | A - 85 (0.19) C - 34 (0.07) G - 147 (0.32) T - 192 (0.42) | | |
| yrdolphin | A - 82 (0.18) C - 35 (0.08) G - 152 (0.33) T - 189 (0.41) | | |
| bghostshar | A - 81 (0.18) C - 49 (0.11) G - 132 (0.29) T - 190 (0.42) | | |
| dhominin | A - 93 (0.20) | | |
| Dcat | A - 100 (0.22) C - 48 (0.10) G - 135 (0.29) T - 175 (0.38) | | |
| wehedgehog | A - 108 (0.23) C - 31 (0.07) G - 123 (0.27) T - 202 (0.44) | | |
| horse | A - 84 (0.18) C - 35 (0.08) G - 158 (0.34) T - 181 (0.40) | | |
| wrhinocero | A - 75 (0.16) C - 30 (0.07) G - 156 (0.34) T - 197 (0.43) | | |
| gpanda | A - 105 (0.23) C - 50 (0.11) G - 125 (0.27) T - 178 (0.39) | | |
| dgpig | A - 115 (0.25) C - 57 (0.12) G - 112 (0.24) T - 177 (0.38) | | |

pchimpanze
A - 96 (0.21)
C - 33 (0.07)
G - 163 (0.36)
T - 163 (0.36)

sheep
A - 99 (0.22)
C - 31 (0.07)
G - 134 (0.29)
T - 194 (0.42)

C - 30 (0.07)
G - 166 (0.36)
T - 166 (0.36)

neandertha
A - 93 (0.20)
C - 31 (0.07)
G - 166 (0.36)
T - 165 (0.36)

wgorilla
A - 81 (0.18)
C - 29 (0.06)
G - 176 (0.39)
T - 169 (0.37)

pchimpanze - 0.43
sheep - 0.36
nwcbbon - 0.46
ghamster - 0.35
rmonkey - 0.42
cemacaque - 0.44
aselephant - 0.40
yrdolphin - 0.41
bghostshar - 0.40
dhominin - 0.43
neandertha - 0.43
wgorilla - 0.45
dcat - 0.40
wehedgehog - 0.33
horse - 0.42
wrhinocero - 0.41
gpanda - 0.38
dgpig - 0.37

الجدول رقم (27) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Jukes & Cantor 69)

```

=====
Distances (Jukes & Cantor 69)
=====
eehmouse 0.452
ptarsier 0.463 0.210
hearsier 0.415 0.494 0.459
pig 0.505 0.494 0.493 0.277
bfox 0.492 0.392 0.430 0.446 0.487
sorangutan 0.501 0.448 0.475 0.466 0.536 0.132
chimpanzee 0.497 0.456 0.471 0.462 0.531 0.129 0.048
pochimpanze 0.422 0.481 0.459 0.157 0.277 0.426 0.475 0.462
sheep 0.497 0.456 0.497 0.466 0.483 0.172 0.192 0.181 0.450
nwebbon 0.324 0.468 0.533 0.462 0.548 0.509 0.549 0.549 0.446 0.554
ghamster 0.479 0.439 0.446 0.423 0.496 0.254 0.242 0.269 0.426 0.239 0.539
monkey 0.518 0.439 0.434 0.446 0.513 0.230 0.242 0.245 0.450 0.236 0.562 0.076
cemacague 0.514 0.501 0.484 0.475 0.526 0.558 0.527 0.536 0.504 0.563 0.567 0.470
zelephant 0.458 0.477 0.488 0.336 0.408 0.466 0.483 0.496 0.322 0.536 0.586 0.500 0.483 0.483
yrdolphin 0.743 0.793 0.728 0.713 0.770 0.757 0.763 0.790 0.684 0.810 0.776 0.776 0.796 0.773 0.684
bghostshar 0.497 0.439 0.450 0.518 0.121 0.094 0.091 0.438 0.186 0.527 0.248 0.218 0.513 0.518 0.783
dhoimanin 0.488 0.431 0.459 0.450 0.522 0.119 0.101 0.104 0.442 0.189 0.536 0.254 0.224 0.527 0.518 0.763 0.020
neandertia 0.467 0.415 0.455 0.450 0.527 0.099 0.132 0.119 0.422 0.156 0.531 0.236 0.209 0.549 0.479 0.817 0.094 0.101
ygorilla 0.450 0.549 0.515 0.270 0.400 0.505 0.500 0.505 0.243 0.554 0.491 0.483 0.539 0.620 0.393 0.644 0.496 0.479 0.513
dat 0.489 0.514 0.516 0.365 0.409 0.546 0.559 0.509 0.337 0.598 0.506 0.536 0.549 0.602 0.463 0.793 0.537 0.546 0.559 0.394
vehedehog 0.438 0.503 0.484 0.255 0.339 0.411 0.434 0.462 0.290 0.426 0.530 0.442 0.434 0.458 0.343 0.690 0.415 0.422 0.430 0.367 0.436
horse 0.422 0.456 0.471 0.306 0.378 0.430 0.430 0.446 0.274 0.479 0.470 0.438 0.462 0.450 0.350 0.639 0.442 0.446 0.430 0.374 0.443 0.205
whinocero 0.471 0.499 0.497 0.274 0.382 0.479 0.505 0.518 0.249 0.527 0.483 0.500 0.517 0.600 0.396 0.713 0.500 0.496 0.487 0.234 0.405 0.329 0.353
gpaanda 0.475 0.516 0.475 0.466 0.552 0.549 0.531 0.558 0.458 0.549 0.513 0.491 0.530 0.517 0.525 0.810 0.522 0.518 0.536 0.521 0.554 0.504 0.512
dppig

```

الجدول رقم (28) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Kimura 80 (2-Parameter))

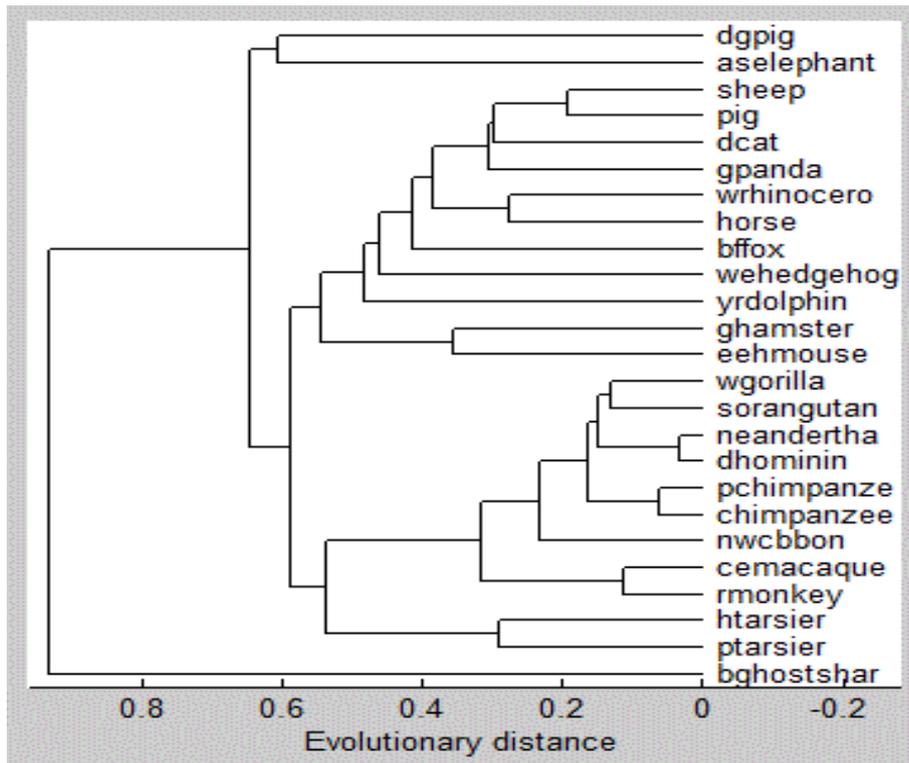
```

=====
Distances (Kimura 80 (2-Parameter))
=====
ehmouse
parsiier 0.385
harsier 0.396 0.191
pig 0.368 0.429 0.400
bffox 0.446 0.433 0.432 0.257
sorangutan 0.431 0.344 0.377 0.399 0.435
chimpanzee 0.440 0.392 0.416 0.417 0.480 0.124
pchimpanze 0.435 0.399 0.412 0.413 0.476 0.122 0.045
sheep 0.375 0.419 0.401 0.146 0.258 0.382 0.426 0.414
meebon 0.436 0.397 0.433 0.416 0.432 0.162 0.180 0.170 0.402
ghamster 0.291 0.407 0.464 0.417 0.494 0.456 0.492 0.492 0.403 0.495
rmonkey 0.424 0.383 0.390 0.382 0.448 0.240 0.226 0.254 0.385 0.222 0.488
cemaqaue 0.457 0.383 0.379 0.403 0.464 0.217 0.227 0.231 0.406 0.220 0.508 0.072
aalephant 0.455 0.440 0.425 0.430 0.479 0.503 0.474 0.482 0.460 0.506 0.513 0.422 0.426
yrdolphin 0.407 0.414 0.425 0.313 0.381 0.418 0.433 0.444 0.303 0.480 0.528 0.452 0.436 0.439
bghosthar 0.582 0.629 0.583 0.574 0.616 0.604 0.609 0.628 0.551 0.643 0.618 0.632 0.625 0.553
dhumain 0.435 0.385 0.394 0.403 0.464 0.114 0.088 0.086 0.393 0.175 0.472 0.233 0.204 0.461 0.464 0.623
neandertha 0.428 0.378 0.401 0.403 0.468 0.112 0.095 0.098 0.396 0.178 0.480 0.239 0.210 0.474 0.464 0.609 0.019
wgorilla 0.409 0.363 0.397 0.403 0.472 0.092 0.125 0.113 0.378 0.146 0.475 0.221 0.195 0.494 0.429 0.647 0.088 0.095
dcat 0.399 0.475 0.449 0.252 0.373 0.452 0.449 0.453 0.226 0.498 0.446 0.436 0.489 0.562 0.363 0.523 0.446 0.430 0.462
whedghog 0.431 0.443 0.446 0.333 0.374 0.488 0.501 0.509 0.309 0.535 0.455 0.484 0.496 0.539 0.426 0.627 0.479 0.487 0.500 0.362
horse 0.389 0.438 0.422 0.235 0.316 0.368 0.390 0.415 0.270 0.383 0.480 0.401 0.394 0.416 0.319 0.537 0.372 0.379 0.387 0.342 0.399
whinoero 0.375 0.396 0.410 0.281 0.351 0.385 0.386 0.400 0.254 0.430 0.425 0.396 0.418 0.409 0.324 0.518 0.397 0.400 0.386 0.349 0.406 0.192
gpanda 0.418 0.435 0.434 0.253 0.352 0.429 0.453 0.465 0.234 0.472 0.436 0.452 0.467 0.550 0.371 0.573 0.449 0.445 0.437 0.219 0.375 0.305 0.328
dppig 0.423 0.450 0.416 0.428 0.510 0.495 0.477 0.503 0.425 0.492 0.463 0.445 0.481 0.466 0.485 0.641 0.469 0.465 0.482 0.482 0.504 0.506 0.463 0.475

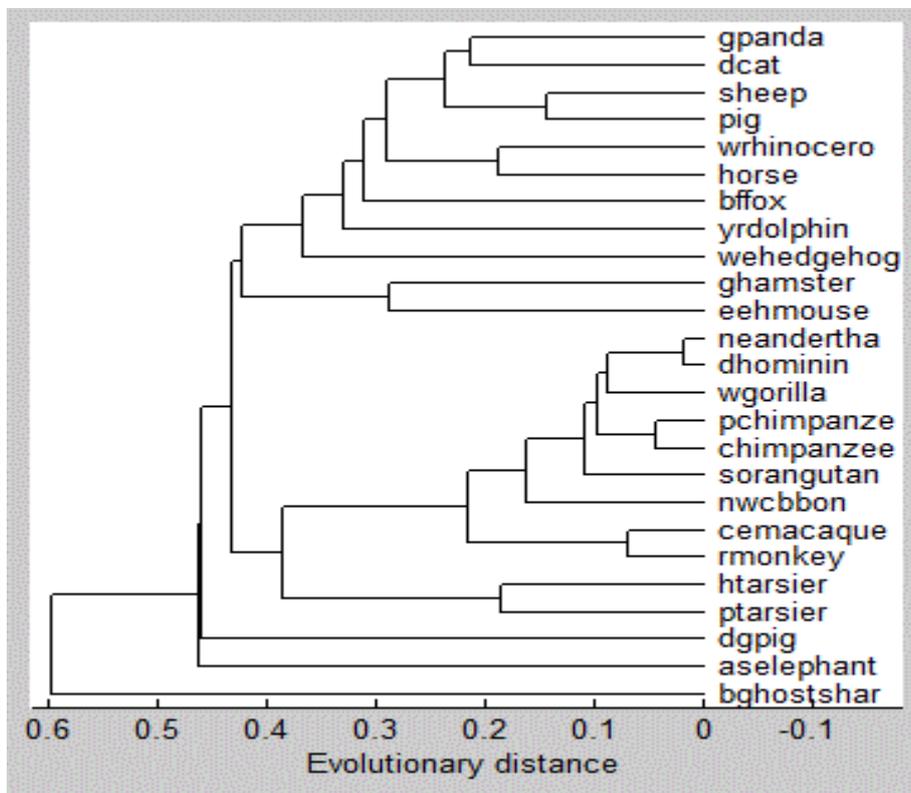
```

الجدول رقم (29) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (LogDet)

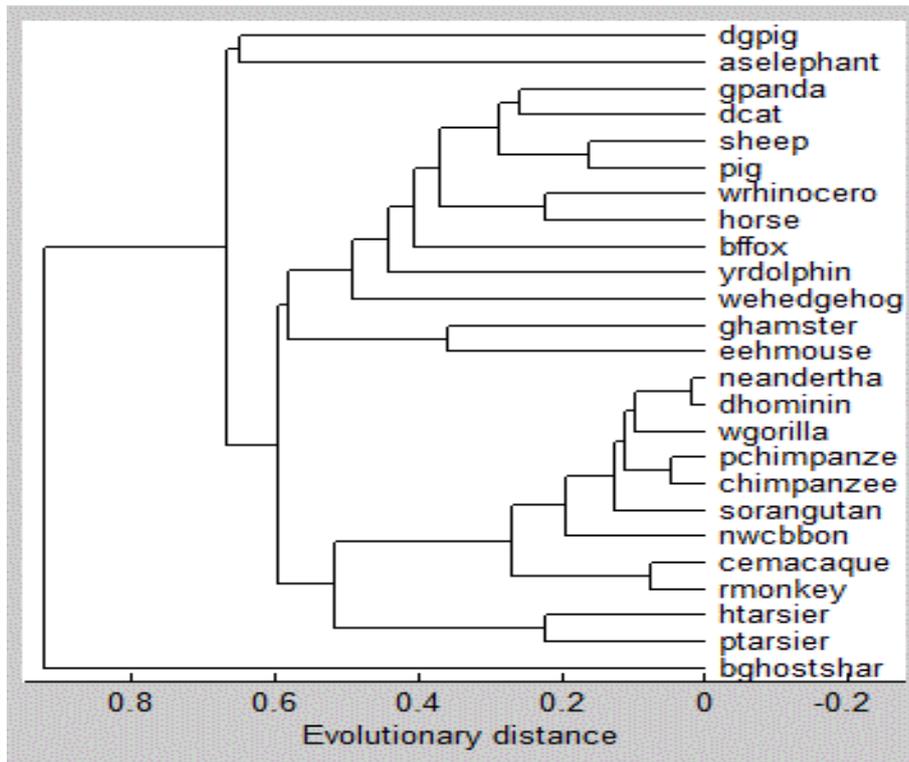
| | eebmouse | ptarsier | htarsier | pig | bffox | sorangutan | chimpanzee | pohimpanze | sheep | nwbbon | ghamster | rmonkey | cemacaque | aselephant | yrdolphin | bghostshar | dhominan | neandertha | wgorilla | deat | wahedgehog | horse | wrhinocero | gpanda | dppig |
|------------|----------|----------|----------|------|-------|------------|------------|------------|-------|--------|----------|---------|-----------|------------|-----------|------------|----------|------------|----------|------|------------|-------|------------|--------|-------|
| eebmouse | 0.51 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| ptarsier | 0.53 | 0.29 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| htarsier | 0.45 | 0.62 | 0.55 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| pig | 0.57 | 0.62 | 0.59 | 0.33 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| bffox | 0.56 | 0.48 | 0.49 | 0.52 | 0.58 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| sorangutan | 0.60 | 0.56 | 0.56 | 0.55 | 0.65 | 0.18 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| chimpanzee | 0.58 | 0.56 | 0.54 | 0.54 | 0.64 | 0.17 | 0.06 | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| pohimpanze | 0.46 | 0.61 | 0.54 | 0.19 | 0.32 | 0.49 | 0.56 | 0.54 | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| sheep | 0.56 | 0.55 | 0.57 | 0.53 | 0.58 | 0.22 | 0.25 | 0.22 | 0.51 | | | | | | | | | | | | | | | | |
| nwbbon | 0.36 | 0.54 | 0.61 | 0.51 | 0.61 | 0.58 | 0.65 | 0.64 | 0.49 | 0.62 | | | | | | | | | | | | | | | |
| ghamster | 0.56 | 0.56 | 0.52 | 0.50 | 0.63 | 0.34 | 0.31 | 0.35 | 0.49 | 0.31 | 0.63 | | | | | | | | | | | | | | |
| rmonkey | 0.62 | 0.59 | 0.53 | 0.54 | 0.67 | 0.32 | 0.33 | 0.33 | 0.54 | 0.32 | 0.67 | 0.11 | | | | | | | | | | | | | |
| cemacaque | 0.62 | 0.66 | 0.63 | 0.60 | 0.68 | 0.78 | 0.70 | 0.71 | 0.66 | 0.77 | 0.66 | 0.62 | 0.64 | | | | | | | | | | | | |
| aselephant | 0.54 | 0.61 | 0.60 | 0.44 | 0.54 | 0.59 | 0.63 | 0.63 | 0.43 | 0.70 | 0.71 | 0.65 | 0.64 | 0.64 | | | | | | | | | | | |
| yrdolphin | 0.94 | 0.97 | 0.86 | 0.91 | 0.97 | 0.90 | 0.94 | 0.97 | 0.83 | 1.04 | 0.93 | 1.02 | 1.02 | 1.10 | 0.85 | | | | | | | | | | |
| bghostshar | 0.57 | 0.55 | 0.51 | 0.52 | 0.63 | 0.17 | 0.15 | 0.15 | 0.51 | 0.25 | 0.61 | 0.32 | 0.29 | 0.67 | 0.67 | 0.96 | | | | | | | | | |
| dhominan | 0.56 | 0.54 | 0.52 | 0.52 | 0.64 | 0.16 | 0.16 | 0.16 | 0.51 | 0.26 | 0.62 | 0.33 | 0.30 | 0.69 | 0.67 | 0.93 | 0.03 | | | | | | | | |
| neandertha | 0.52 | 0.52 | 0.52 | 0.53 | 0.66 | 0.13 | 0.18 | 0.16 | 0.48 | 0.21 | 0.61 | 0.31 | 0.28 | 0.75 | 0.61 | 1.05 | 0.13 | 0.14 | | | | | | | |
| wgorilla | 0.51 | 0.65 | 0.62 | 0.32 | 0.48 | 0.59 | 0.61 | 0.61 | 0.28 | 0.67 | 0.57 | 0.56 | 0.67 | 0.82 | 0.46 | 0.75 | 0.59 | 0.57 | 0.61 | | | | | | |
| deat | 0.56 | 0.60 | 0.59 | 0.40 | 0.46 | 0.62 | 0.65 | 0.66 | 0.37 | 0.70 | 0.57 | 0.62 | 0.65 | 0.76 | 0.58 | 0.98 | 0.60 | 0.62 | 0.64 | 0.46 | | | | | |
| wahedgehog | 0.50 | 0.64 | 0.57 | 0.29 | 0.44 | 0.49 | 0.55 | 0.58 | 0.35 | 0.54 | 0.63 | 0.57 | 0.57 | 0.62 | 0.44 | 0.86 | 0.52 | 0.53 | 0.54 | 0.46 | 0.52 | | | | |
| horse | 0.48 | 0.54 | 0.56 | 0.36 | 0.48 | 0.55 | 0.57 | 0.59 | 0.33 | 0.62 | 0.55 | 0.56 | 0.62 | 0.60 | 0.47 | 0.82 | 0.58 | 0.58 | 0.56 | 0.48 | 0.53 | 0.28 | | | |
| wrhinocero | 0.52 | 0.58 | 0.59 | 0.32 | 0.44 | 0.57 | 0.61 | 0.63 | 0.30 | 0.63 | 0.57 | 0.60 | 0.64 | 0.78 | 0.50 | 0.84 | 0.59 | 0.60 | 0.57 | 0.30 | 0.48 | 0.39 | 0.42 | | |
| gpanda | 0.56 | 0.62 | 0.56 | 0.55 | 0.66 | 0.65 | 0.62 | 0.65 | 0.55 | 0.64 | 0.60 | 0.56 | 0.64 | 0.61 | 0.65 | 0.94 | 0.58 | 0.59 | 0.61 | 0.62 | 0.64 | 0.67 | 0.39 | 0.42 | |
| dppig | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.63 |



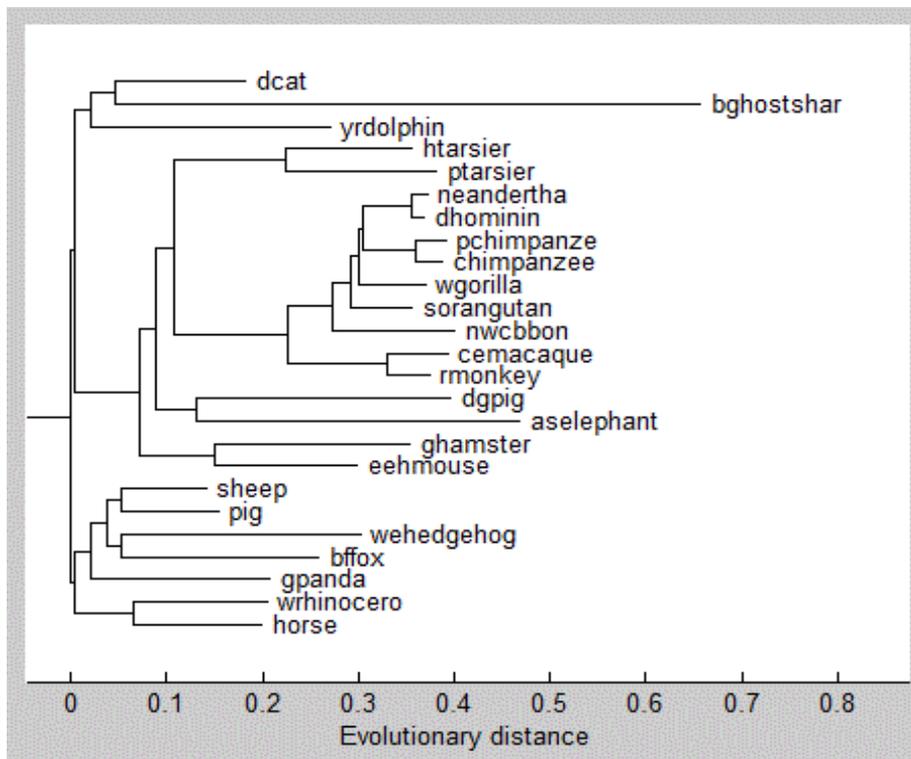
الشكل رقم (85) UPGMA Using LogDet Distance [NADHsubunit6 gene]



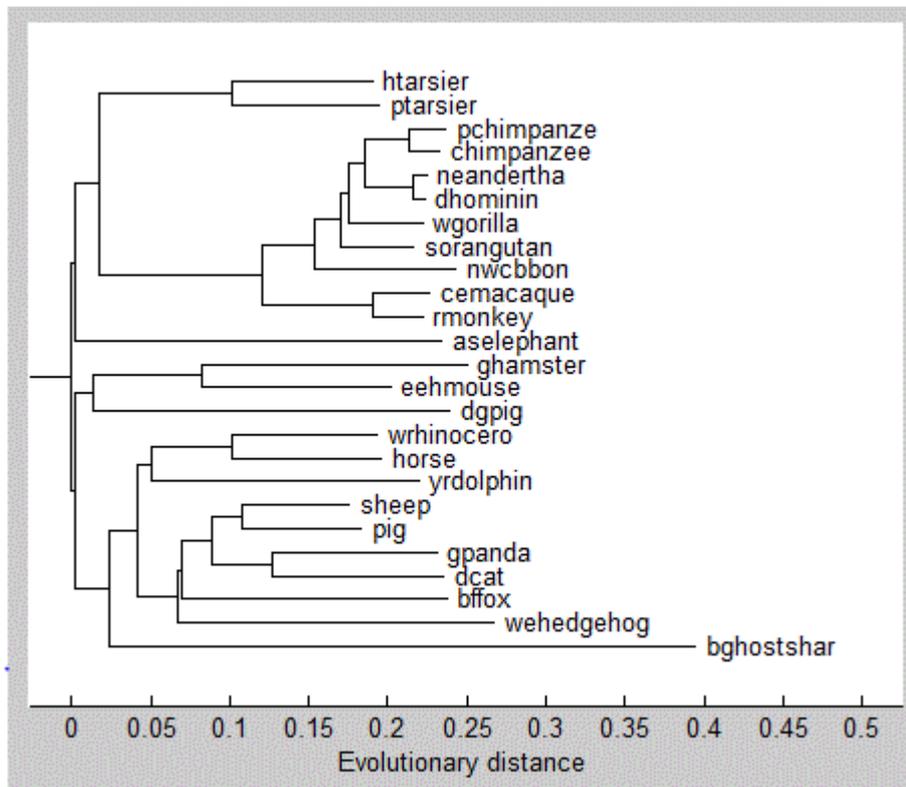
الشكل رقم (86) UPGMA Using JC69 Distance [NADHsubunit6 gene]



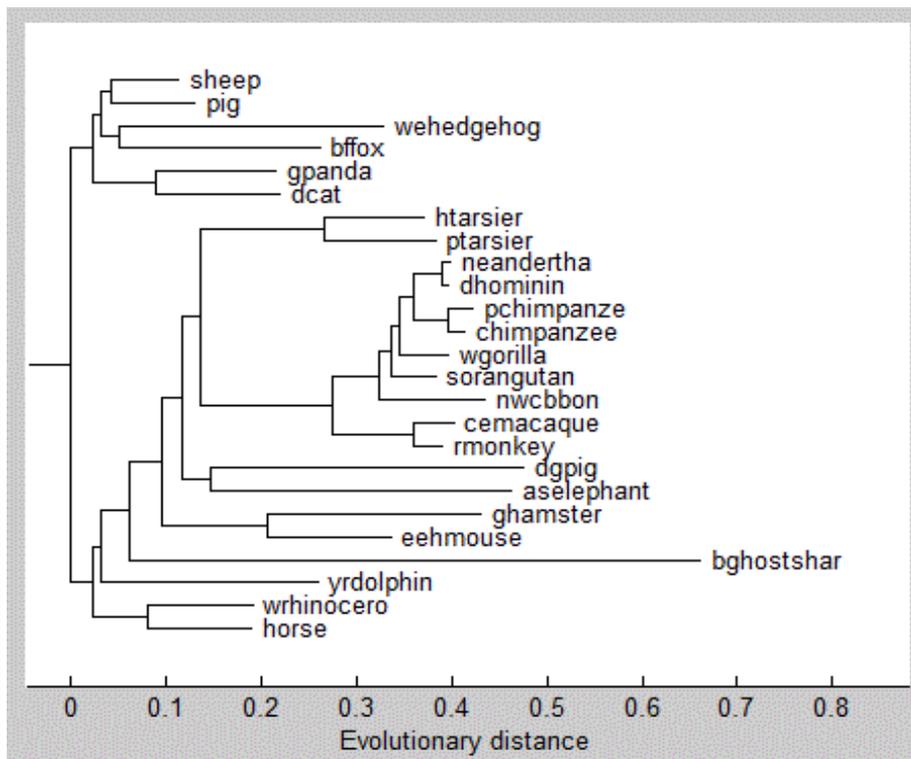
UPGMA Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit6 gene](87) الشكل رقم



N-J Using LogDet Distanse [NADHsubunit6 gene](88) الشكل رقم



الشكل رقم (89) N-J Using JC69 Distanse [NADHsubunit6 gene]



الشكل رقم (90) N-J Using Kimura80 Distanse [NADHsubunit6 gene]

ولتأكيد نتائج دراسة التسلسلات النكليوتيدية لرسم شجرة القرابة للأنواع السابقة (25 نوع) وللمورثة المدروسة (GH1) ولمورثات الأنزيم NADHsubunit1=>6 تمت دراسة مورثات للأنزيم COXsubunit1=>3 للأنواع السابقة بإستثناء كل مما يلي (لعدم وجود بيانات لها بالنسبة لمورثات الأنزيم COXsubunit1=>3):

[Homo sapiens (human)]

لكن تمّت إضافة نوع جديد (كائن برمائي) وهو:

[Xenopus (Silurana) tropicalis (western clawed frog)]

وكانت النتائج كالتالي:

الجدول رقم (30) نسب المحتوى النكليوتيدي ونسبة الـ GC للمورثة COXsubunit1 للأنواع المدروسة

=====
Nucleotide Composition
=====

| | | |
|----------------|----------------|----------------|
| wcfrog | chimpanzee | Yrdolphin |
| A - 407 (0.27) | A - 391 (0.27) | A - 442 (0.30) |
| C - 375 (0.25) | C - 434 (0.29) | C - 375 (0.25) |
| G - 261 (0.18) | G - 246 (0.17) | G - 230 (0.16) |
| T - 444 (0.30) | T - 401 (0.27) | T - 434 (0.29) |
| ptarsier | pchimpanze | bghostshar |
| A - 382 (0.26) | A - 395 (0.27) | A - 398 (0.27) |
| C - 382 (0.26) | C - 426 (0.29) | C - 401 (0.27) |
| G - 247 (0.17) | G - 243 (0.17) | G - 248 (0.17) |
| T - 461 (0.31) | T - 408 (0.28) | T - 443 (0.30) |
| htarsier | sheep | dhominin |
| A - 406 (0.28) | A - 431 (0.29) | A - 397 (0.27) |
| C - 389 (0.26) | C - 358 (0.24) | C - 441 (0.30) |
| G - 232 (0.16) | G - 240 (0.16) | G - 241 (0.16) |
| T - 445 (0.30) | T - 446 (0.30) | T - 393 (0.27) |
| pig | ghamster | neandertha |
| A - 431 (0.29) | A - 422 (0.29) | A - 396 (0.27) |
| C - 366 (0.25) | C - 323 (0.22) | C - 441 (0.30) |
| G - 245 (0.17) | G - 244 (0.17) | G - 239 (0.16) |
| T - 433 (0.29) | T - 486 (0.33) | T - 396 (0.27) |
| bffox | rmonkey | wgorilla |
| A - 407 (0.28) | A - 389 (0.26) | A - 398 (0.27) |
| C - 394 (0.27) | C - 425 (0.29) | C - 420 (0.29) |
| G - 263 (0.18) | G - 234 (0.16) | G - 234 (0.16) |
| T - 411 (0.28) | T - 421 (0.29) | T - 418 (0.28) |
| sorangutan | cemacaque | dcat |
| A - 392 (0.27) | A - 389 (0.26) | A - 394 (0.27) |
| C - 459 (0.31) | C - 408 (0.28) | C - 353 (0.24) |
| G - 236 (0.16) | G - 234 (0.16) | G - 268 (0.18) |
| T - 386 (0.26) | T - 438 (0.30) | T - 460 (0.31) |
| | aselephant | wehedgehog |
| | A - 403 (0.27) | A - 416 (0.28) |
| | C - 332 (0.22) | |

G - 242 (0.16)
T - 501 (0.34)

C - 309 (0.21)
G - 229 (0.16)
T - 521 (0.35)

Horse

A - 411 (0.28)
C - 400 (0.27)
G - 244 (0.17)
T - 420 (0.28)

wrhinocero

A - 408 (0.28)
C - 387 (0.26)
G - 257 (0.17)
T - 423 (0.29)

dgpig

A - 383 (0.26)
C - 331 (0.22)
G - 277 (0.19)
T - 481 (0.33)

gpanda

A - 399 (0.27)
C - 339 (0.23)
G - 266 (0.18)
T - 471 (0.32)

eehmouse

A - 439 (0.30)
C - 351 (0.24)
G - 234 (0.16)
T - 451 (0.31)

nwcgibbon

A - 393 (0.27)
C - 445 (0.30)
G - 246 (0.17)
T - 397 (0.27)

=====
GC CONTENT

=====
wcfrog - 0.43
ptarsier - 0.43
htarsier - 0.42
pig - 0.41
bffox - 0.45
sorangutan - 0.47
chimpanzee - 0.46
pchimpanze - 0.45
sheep - 0.41
ghamster - 0.38
rmonkey - 0.45
cemacaque - 0.44
aselephant - 0.39
yrdolphin - 0.41
bghostshar - 0.44
dhominin - 0.46
neandertha - 0.46
wgorilla - 0.44
dcat - 0.42
wehedgehog - 0.36
horse - 0.44
wrhinocero - 0.44
dgpig - 0.41
gpanda - 0.41
eehmouse - 0.40
nwcgibbon - 0.47

الجدول رقم (31) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Jukes & Cantor 69)

```

=====
Distances (Jukes & Cantor 69)
=====
wcfrog      0.272
ptarsier    0.287 0.157
htarsier    0.261 0.243 0.220
pig         0.290 0.234 0.229 0.233
bffox      0.301 0.270 0.245 0.246 0.257
sorangutan 0.300 0.268 0.250 0.263 0.157
chimpanzee 0.298 0.262 0.242 0.254 0.256 0.166 0.040
pohimpanze 0.261 0.231 0.209 0.195 0.210 0.272 0.253 0.261
sheep       0.276 0.255 0.243 0.252 0.239 0.296 0.278 0.277 0.239
ghamster    0.277 0.254 0.255 0.244 0.271 0.194 0.214 0.211 0.260 0.266
rmonkey     0.286 0.264 0.254 0.255 0.292 0.214 0.225 0.220 0.260 0.272 0.070
cemacaque  0.299 0.242 0.257 0.245 0.278 0.301 0.293 0.294 0.230 0.272 0.280 0.297
aselaphant 0.291 0.257 0.231 0.223 0.248 0.283 0.256 0.259 0.208 0.251 0.265 0.281 0.267
yrdolphin  0.265 0.279 0.274 0.279 0.283 0.311 0.308 0.300 0.272 0.289 0.281 0.303 0.306 0.300
bghostshar 0.300 0.263 0.254 0.249 0.249 0.149 0.097 0.104 0.257 0.281 0.205 0.220 0.297 0.265 0.311
dhumanin    0.292 0.264 0.248 0.247 0.255 0.147 0.094 0.099 0.255 0.279 0.209 0.222 0.298 0.262 0.306 0.025
neandertha 0.278 0.264 0.248 0.244 0.258 0.171 0.110 0.103 0.257 0.276 0.214 0.235 0.283 0.277 0.286 0.116 0.115
vgorilla    0.279 0.252 0.250 0.242 0.232 0.264 0.233 0.257 0.234 0.242 0.280 0.275 0.271 0.257 0.286 0.267 0.261 0.263
dear        0.301 0.251 0.245 0.274 0.269 0.306 0.292 0.300 0.248 0.236 0.275 0.280 0.256 0.282 0.296 0.290 0.287 0.284 0.278
wehedehog   0.272 0.234 0.223 0.211 0.223 0.238 0.243 0.241 0.213 0.246 0.233 0.247 0.259 0.219 0.288 0.250 0.249 0.245 0.234 0.259
horse       0.276 0.243 0.244 0.226 0.223 0.273 0.252 0.249 0.217 0.243 0.261 0.259 0.261 0.233 0.305 0.247 0.244 0.250 0.223 0.260 0.175
whinozero   0.305 0.272 0.272 0.261 0.262 0.304 0.287 0.279 0.263 0.260 0.294 0.297 0.266 0.261 0.317 0.298 0.296 0.284 0.266 0.255 0.267 0.276
dgpig       0.267 0.253 0.254 0.241 0.254 0.287 0.283 0.291 0.226 0.240 0.281 0.284 0.242 0.248 0.309 0.291 0.285 0.284 0.225 0.265 0.235 0.246 0.277
gpanda      0.267 0.230 0.229 0.251 0.228 0.275 0.266 0.266 0.234 0.196 0.271 0.274 0.266 0.239 0.255 0.268 0.266 0.268 0.248 0.240 0.229 0.247 0.267 0.248
selmouse    0.296 0.276 0.262 0.242 0.252 0.166 0.173 0.173 0.257 0.281 0.208 0.222 0.287 0.278 0.312 0.173 0.167 0.177 0.268 0.315 0.255 0.257 0.297 0.270 0.271
nwegibbon

```

الجدول رقم (32) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة
Distances (Kimura 80 (2-Parameter))

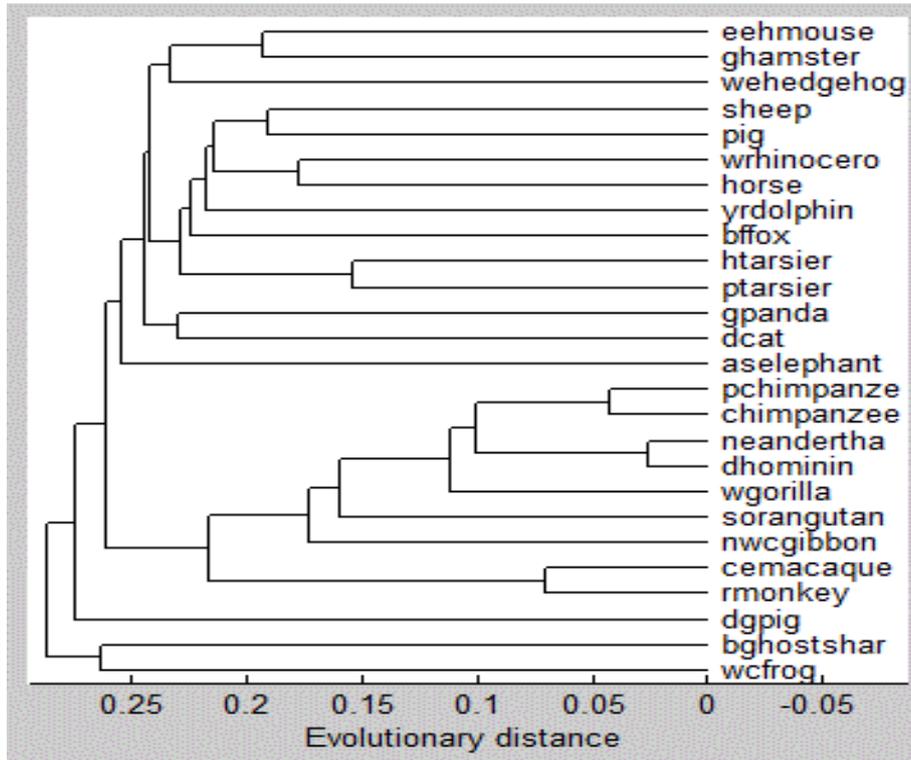
| | wcfrog | ptarsier | htarsier | pig | bffox | sorangutan | chimpanzee | pchimpanze | sheep | ghamster | rmonkey | cenacaque | aslephant | yrdolphin | bghostrhar | dhumanin | neandertha | wgorilla | deat | wehedehog | horse | wrhinoero | dpig | gpanda | selmouse | nwegibbon | |
|------------|--------|----------|----------|-------|-------|------------|------------|------------|-------|----------|---------|-----------|-----------|-----------|------------|----------|------------|----------|-------|-----------|-------|-----------|-------|--------|----------|-----------|--|
| wcfrog | 0.271 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| ptarsier | 0.288 | 0.159 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| htarsier | 0.260 | 0.243 | 0.219 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| pig | 0.291 | 0.233 | 0.227 | 0.233 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| bffox | 0.300 | 0.271 | 0.244 | 0.245 | 0.257 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| sorangutan | 0.299 | 0.269 | 0.249 | 0.263 | 0.160 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| chimpanzee | 0.297 | 0.262 | 0.240 | 0.253 | 0.169 | 0.040 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| pchimpanze | 0.261 | 0.230 | 0.208 | 0.194 | 0.209 | 0.272 | 0.252 | 0.260 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| sheep | 0.277 | 0.253 | 0.242 | 0.251 | 0.239 | 0.296 | 0.277 | 0.276 | 0.238 | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| ghamster | 0.274 | 0.252 | 0.254 | 0.242 | 0.271 | 0.196 | 0.217 | 0.213 | 0.260 | 0.266 | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| rmonkey | 0.283 | 0.264 | 0.253 | 0.254 | 0.293 | 0.218 | 0.229 | 0.223 | 0.260 | 0.272 | 0.070 | | | | | | | | | | | | | | | | |
| cenacaque | 0.300 | 0.241 | 0.257 | 0.244 | 0.279 | 0.301 | 0.294 | 0.295 | 0.230 | 0.271 | 0.278 | 0.296 | | | | | | | | | | | | | | | |
| aslephant | 0.292 | 0.255 | 0.229 | 0.222 | 0.247 | 0.282 | 0.254 | 0.257 | 0.208 | 0.251 | 0.264 | 0.281 | 0.267 | | | | | | | | | | | | | | |
| yrdolphin | 0.267 | 0.278 | 0.272 | 0.278 | 0.281 | 0.310 | 0.307 | 0.298 | 0.271 | 0.288 | 0.278 | 0.301 | 0.306 | 0.300 | | | | | | | | | | | | | |
| bghostrhar | 0.299 | 0.264 | 0.253 | 0.248 | 0.248 | 0.151 | 0.099 | 0.106 | 0.256 | 0.281 | 0.208 | 0.224 | 0.298 | 0.264 | 0.310 | | | | | | | | | | | | |
| dhumanin | 0.290 | 0.265 | 0.247 | 0.246 | 0.254 | 0.148 | 0.095 | 0.101 | 0.254 | 0.278 | 0.212 | 0.225 | 0.299 | 0.260 | 0.305 | 0.025 | | | | | | | | | | | |
| neandertha | 0.275 | 0.264 | 0.247 | 0.242 | 0.257 | 0.174 | 0.111 | 0.104 | 0.256 | 0.275 | 0.217 | 0.239 | 0.283 | 0.275 | 0.284 | 0.118 | 0.117 | | | | | | | | | | |
| wgorilla | 0.280 | 0.253 | 0.250 | 0.244 | 0.233 | 0.265 | 0.252 | 0.256 | 0.235 | 0.242 | 0.280 | 0.275 | 0.273 | 0.258 | 0.287 | 0.268 | 0.261 | 0.263 | | | | | | | | | |
| deat | 0.301 | 0.250 | 0.244 | 0.275 | 0.288 | 0.306 | 0.291 | 0.300 | 0.246 | 0.235 | 0.273 | 0.278 | 0.257 | 0.281 | 0.295 | 0.290 | 0.286 | 0.283 | 0.279 | | | | | | | | |
| wehedehog | 0.273 | 0.234 | 0.222 | 0.210 | 0.223 | 0.236 | 0.241 | 0.239 | 0.212 | 0.245 | 0.231 | 0.246 | 0.260 | 0.218 | 0.287 | 0.249 | 0.248 | 0.243 | 0.236 | 0.258 | | | | | | | |
| horse | 0.276 | 0.244 | 0.244 | 0.226 | 0.224 | 0.273 | 0.251 | 0.248 | 0.217 | 0.242 | 0.260 | 0.258 | 0.261 | 0.233 | 0.304 | 0.246 | 0.243 | 0.248 | 0.225 | 0.260 | 0.178 | | | | | | |
| wrhinoero | 0.306 | 0.272 | 0.272 | 0.261 | 0.263 | 0.306 | 0.287 | 0.279 | 0.264 | 0.260 | 0.294 | 0.297 | 0.266 | 0.260 | 0.317 | 0.299 | 0.297 | 0.285 | 0.268 | 0.255 | 0.267 | 0.277 | | | | | |
| dpig | 0.267 | 0.253 | 0.254 | 0.241 | 0.255 | 0.288 | 0.283 | 0.291 | 0.228 | 0.240 | 0.281 | 0.284 | 0.242 | 0.248 | 0.308 | 0.291 | 0.285 | 0.284 | 0.228 | 0.266 | 0.237 | 0.248 | 0.280 | | | | |
| gpanda | 0.265 | 0.229 | 0.227 | 0.250 | 0.228 | 0.273 | 0.264 | 0.264 | 0.232 | 0.195 | 0.269 | 0.272 | 0.265 | 0.237 | 0.253 | 0.266 | 0.264 | 0.265 | 0.249 | 0.238 | 0.228 | 0.246 | 0.266 | 0.247 | | | |
| selmouse | 0.297 | 0.277 | 0.261 | 0.241 | 0.253 | 0.168 | 0.177 | 0.177 | 0.257 | 0.282 | 0.211 | 0.226 | 0.288 | 0.279 | 0.313 | 0.176 | 0.169 | 0.180 | 0.269 | 0.315 | 0.256 | 0.258 | 0.297 | 0.270 | 0.270 | | |
| nwegibbon | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

الجدول رقم (33) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (LogDet)

```

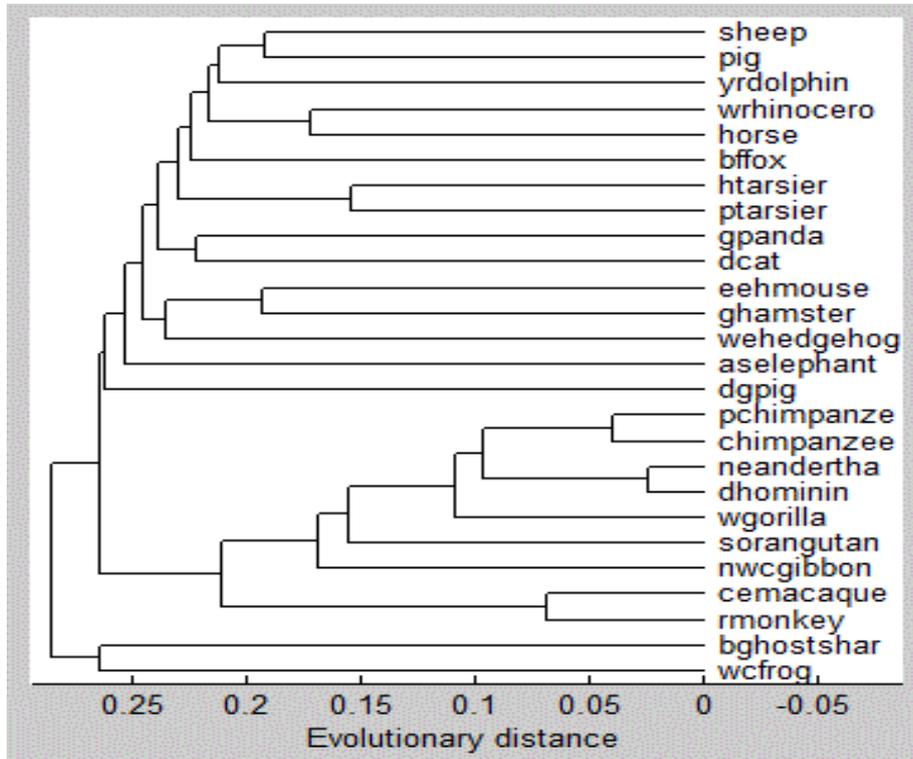
=====
Distances (LogDet)
=====
wofrog          0.27
ptarsier        0.29  0.15
htarsier        0.26  0.24  0.22
bffox          0.29  0.23  0.22  0.23
sorangutan     0.30  0.26  0.24  0.24  0.25
chimpanzee     0.30  0.26  0.24  0.25  0.26  0.16
puchimpanze   0.30  0.26  0.24  0.25  0.25  0.17  0.04
sheep          0.26  0.23  0.20  0.19  0.21  0.27  0.25  0.26
ghamster       0.28  0.25  0.24  0.25  0.24  0.28  0.27  0.27  0.24
rmonkey        0.27  0.25  0.25  0.24  0.27  0.19  0.22  0.21  0.26  0.26
cemaque        0.29  0.26  0.25  0.25  0.29  0.21  0.23  0.22  0.26  0.27  0.07
aselephant     0.30  0.24  0.25  0.24  0.27  0.29  0.29  0.23  0.27  0.27  0.29
yrdolphin     0.29  0.25  0.22  0.22  0.24  0.27  0.25  0.25  0.21  0.25  0.26  0.28  0.26
bghostshar    0.26  0.28  0.27  0.28  0.28  0.31  0.31  0.30  0.27  0.28  0.28  0.30  0.30  0.30
dhumanin       0.30  0.26  0.25  0.24  0.25  0.15  0.10  0.11  0.25  0.27  0.21  0.22  0.29  0.26  0.31
neandertha     0.29  0.26  0.24  0.24  0.25  0.15  0.10  0.10  0.25  0.27  0.21  0.22  0.29  0.25  0.30  0.03
wgorilla       0.27  0.26  0.24  0.24  0.26  0.17  0.11  0.10  0.25  0.27  0.22  0.24  0.28  0.27  0.28  0.12  0.12
dcat           0.28  0.25  0.25  0.24  0.23  0.26  0.25  0.25  0.24  0.24  0.28  0.28  0.27  0.26  0.29  0.26  0.26  0.26
wehedgehog     0.30  0.24  0.24  0.27  0.26  0.29  0.28  0.29  0.24  0.23  0.26  0.27  0.26  0.28  0.29  0.28  0.27  0.27  0.28  0.28
horse          0.27  0.23  0.22  0.21  0.22  0.23  0.24  0.24  0.21  0.24  0.23  0.24  0.25  0.21  0.28  0.25  0.25  0.24  0.23  0.25  0.25
whinoero       0.28  0.24  0.24  0.23  0.22  0.27  0.25  0.25  0.21  0.24  0.26  0.26  0.26  0.23  0.30  0.24  0.24  0.25  0.22  0.25  0.18  0.18
dgpig          0.31  0.27  0.27  0.26  0.26  0.30  0.28  0.27  0.26  0.26  0.29  0.30  0.27  0.26  0.32  0.29  0.29  0.28  0.27  0.26  0.26  0.28  0.28
gpanda         0.27  0.25  0.25  0.24  0.25  0.28  0.28  0.29  0.23  0.24  0.28  0.28  0.24  0.25  0.31  0.29  0.29  0.28  0.28  0.23  0.27  0.23  0.25  0.28
eshmouse       0.26  0.23  0.22  0.25  0.22  0.26  0.26  0.26  0.23  0.19  0.26  0.27  0.26  0.23  0.25  0.26  0.26  0.26  0.26  0.25  0.23  0.22  0.24  0.26  0.24  0.24
nwegibbon     0.29  0.27  0.25  0.24  0.25  0.17  0.18  0.18  0.25  0.27  0.21  0.22  0.28  0.27  0.31  0.18  0.17  0.18  0.26  0.30  0.25  0.26  0.29  0.26  0.26  0.26  0.26

```

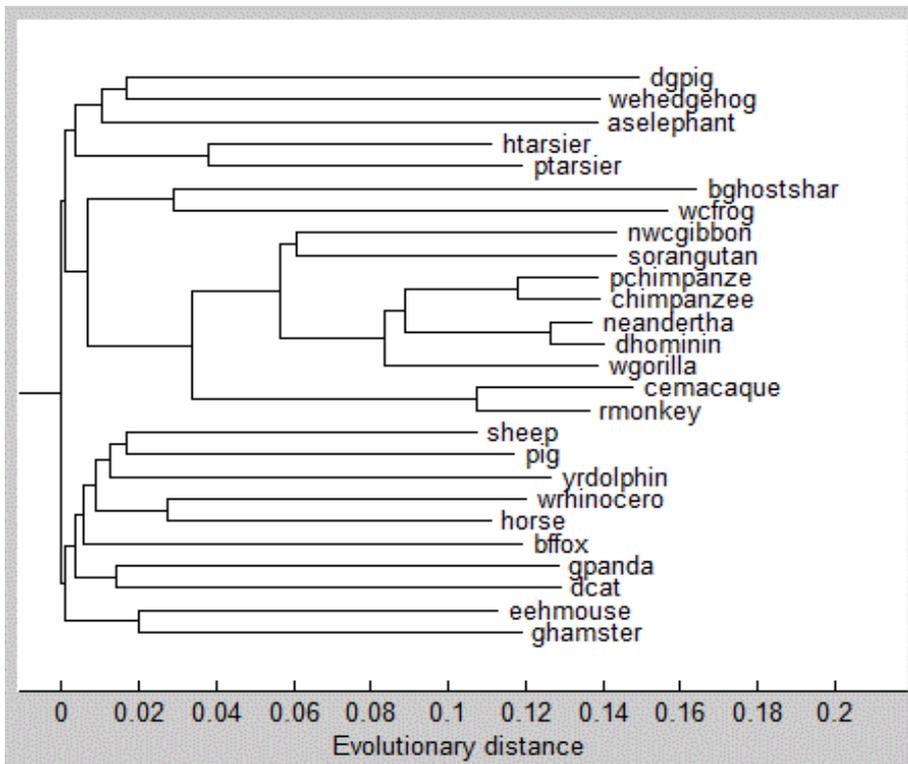
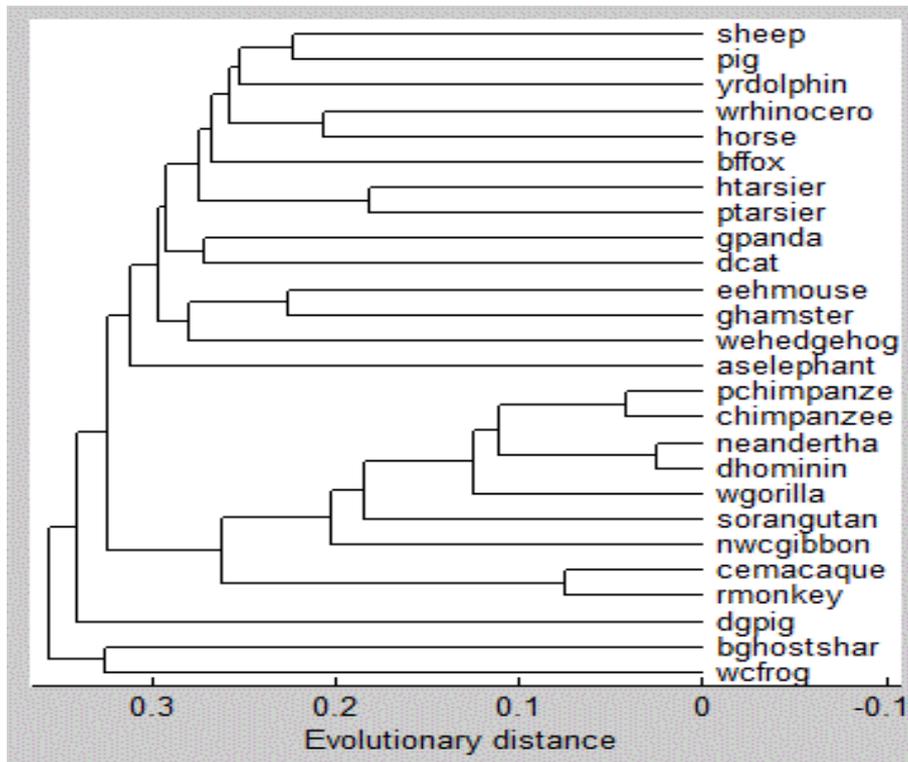


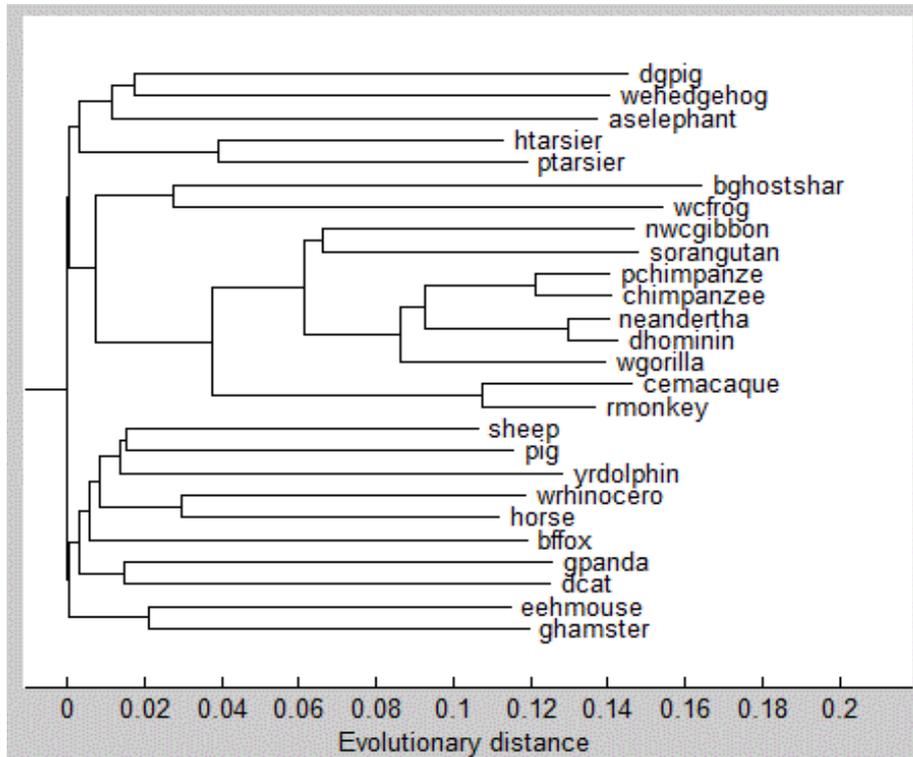
الشكل رقم (91) UPGMA Using LogDet Distanse [COXsubunit1 gene]

الملفت للنظر هو فروق الاختلافات في البرمائيات التي تعتبر وسيطة بين الأسماك والفقاريات الأخرى على اليابسة، فالمقارنات الجزئية وشجرة القرابة تظهر مسافات متساوية بين الأسماك وبينها مقارنة مع الثدييات، وهذه مشاهدة قاتلة للتصور التطوري بدرجات القرابة الجزئية.

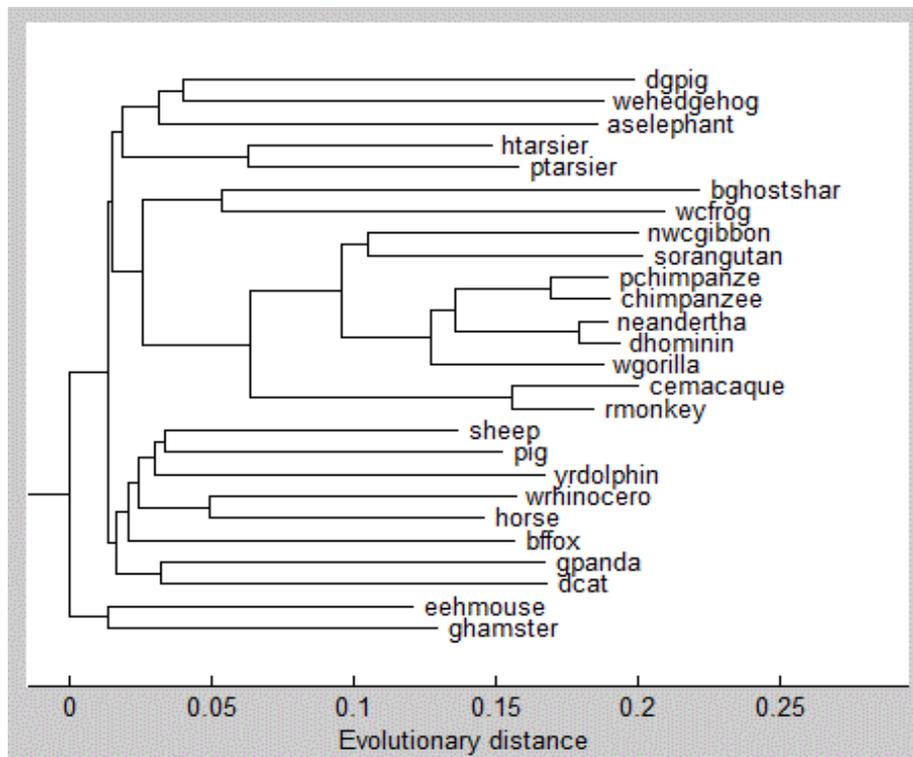


الشكل رقم (92) UPGMA Using JC69 Distanse [COXsubunit1 gene]





الشكل رقم (95) N-J Using JC69 Distanse [COXsubunit1 gene]



الشكل رقم (96) N-J Using Kimura80 Distanse [COXsubunit1 gene]

وكانت النتائج لمورثة الانزيم (COXsubunit2) كالتالي:
الجدول رقم (34) نسب المحتوى النكليوتيدي ونسبة الـGC للمورثة COXsubunit2 للأنواع المدروسة

| | | |
|------------------------|----------------|-------------------|
| ===== | Ghamster | Wrhinocero |
| Nucleotide Composition | A - 203 (0.33) | A - 212 (0.35) |
| ===== | C - 128 (0.21) | C - 157 (0.26) |
| wcfrog | G - 90 (0.15) | G - 84 (0.14) |
| A - 196 (0.32) | T - 193 (0.31) | T - 161 (0.26) |
| C - 174 (0.28) | | |
| G - 93 (0.15) | rmonkey | dgpig |
| T - 155 (0.25) | A - 194 (0.32) | A - 208 (0.34) |
| | C - 173 (0.28) | C - 144 (0.23) |
| ptarsier | G - 86 (0.14) | G - 84 (0.14) |
| A - 208 (0.34) | T - 161 (0.26) | T - 178 (0.29) |
| C - 159 (0.26) | | |
| G - 78 (0.13) | cemacaque | gpanda |
| T - 169 (0.28) | A - 195 (0.32) | A - 213 (0.35) |
| | C - 183 (0.30) | C - 121 (0.20) |
| htarsier | G - 85 (0.14) | G - 93 (0.15) |
| A - 202 (0.33) | T - 151 (0.25) | T - 187 (0.30) |
| C - 151 (0.25) | | |
| G - 79 (0.13) | aselephant | eehmouse |
| T - 182 (0.30) | A - 202 (0.33) | A - 210 (0.34) |
| | C - 137 (0.22) | C - 154 (0.25) |
| pig | G - 86 (0.14) | G - 81 (0.13) |
| A - 219 (0.35) | T - 190 (0.31) | T - 169 (0.28) |
| C - 152 (0.25) | | |
| G - 82 (0.13) | dhominin | nwcgibbon |
| T - 165 (0.27) | A - 178 (0.29) | A - 184 (0.30) |
| | C - 193 (0.31) | C - 201 (0.33) |
| bffox | G - 87 (0.14) | G - 82 (0.13) |
| A - 199 (0.32) | T - 156 (0.25) | T - 147 (0.24) |
| C - 165 (0.27) | | |
| G - 93 (0.15) | neandertha | ===== |
| T - 157 (0.26) | A - 175 (0.29) | GC CONTENT |
| sorangutan | C - 193 (0.31) | ===== |
| A - 178 (0.29) | G - 90 (0.15) | wcfrog - 0.43 |
| C - 206 (0.34) | T - 156 (0.25) | ptarsier - 0.39 |
| G - 88 (0.14) | | htarsier - 0.37 |
| T - 142 (0.23) | wgorilla | pig - 0.38 |
| | A - 179 (0.29) | bffox - 0.42 |
| chimpanzee | C - 192 (0.31) | sorangutan - 0.48 |
| A - 181 (0.29) | G - 88 (0.14) | chimpanzee - 0.44 |
| C - 188 (0.31) | T - 155 (0.25) | pchimpanze - 0.45 |
| G - 85 (0.14) | | sheep - 0.37 |
| T - 160 (0.26) | Dcat | ghamster - 0.36 |
| pchimpanze | A - 201 (0.33) | rmonkey - 0.42 |
| A - 180 (0.29) | C - 150 (0.24) | cemacaque - 0.44 |
| C - 189 (0.31) | G - 88 (0.14) | aselephant - 0.36 |
| | | dhominin - 0.46 |

G - 85 (0.14)
T - 160 (0.26)
Sheep
A - 217 (0.35)
C - 148 (0.24)
G - 81 (0.13)
T - 168 (0.27)

T - 175 (0.29)
wehedgehog
A - 193 (0.31)
C - 133 (0.22)
G - 81 (0.13)
T - 207 (0.34)
horse
A - 202 (0.33)
C - 168 (0.27)
G - 87 (0.14)
T - 157 (0.26)

neandertha - 0.46
wgorilla - 0.46
dcat - 0.39
wehedgehog - 0.35
horse - 0.42
wrhinocero - 0.39
dgpig - 0.37
gpanda - 0.35
eehmouse - 0.38
nwcgibbon - 0.46

الجدول رقم (35) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Jukes & Cantor 69)

| | wefrog | ptarsier | htarsier | pig | bffox | sorangutan | chimpanzee | pchimpanze | sheep | ghamster | rmonkey | cenacaque | aelephant | dominin | neandertha | wgorilla | deat | wehedgehog | horse | wrhincero | dppig | gpanda | ehmouse | mcgibbon | |
|------------|--------|----------|----------|-------|-------|------------|------------|------------|-------|----------|---------|-----------|-----------|---------|------------|----------|-------|------------|-------|-----------|-------|--------|---------|----------|--|
| wefrog | 0.343 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| ptarsier | 0.348 | 0.179 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| htarsier | 0.330 | 0.240 | 0.242 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| pig | 0.330 | 0.267 | 0.286 | 0.240 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| bffox | 0.416 | 0.348 | 0.372 | 0.374 | 0.356 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| sorangutan | 0.413 | 0.351 | 0.361 | 0.383 | 0.366 | 0.155 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| chimpanzee | 0.419 | 0.351 | 0.359 | 0.385 | 0.374 | 0.147 | 0.027 | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| pchimpanze | 0.325 | 0.238 | 0.238 | 0.218 | 0.220 | 0.364 | 0.353 | 0.366 | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| sheep | 0.343 | 0.238 | 0.231 | 0.253 | 0.291 | 0.419 | 0.385 | 0.388 | 0.235 | | | | | | | | | | | | | | | | |
| ghamster | 0.419 | 0.377 | 0.340 | 0.391 | 0.391 | 0.231 | 0.213 | 0.200 | 0.366 | 0.413 | | | | | | | | | | | | | | | |
| rmonkey | 0.419 | 0.374 | 0.346 | 0.388 | 0.391 | 0.218 | 0.213 | 0.205 | 0.369 | 0.424 | 0.056 | | | | | | | | | | | | | | |
| cenacaque | 0.382 | 0.305 | 0.303 | 0.327 | 0.346 | 0.457 | 0.460 | 0.439 | 0.310 | 0.272 | 0.463 | 0.463 | | | | | | | | | | | | | |
| aelephant | 0.422 | 0.353 | 0.374 | 0.374 | 0.364 | 0.137 | 0.101 | 0.092 | 0.374 | 0.385 | 0.224 | 0.203 | 0.445 | | | | | | | | | | | | |
| dominin | 0.427 | 0.361 | 0.372 | 0.369 | 0.361 | 0.145 | 0.095 | 0.090 | 0.366 | 0.388 | 0.215 | 0.207 | 0.439 | 0.021 | | | | | | | | | | | |
| neandertha | 0.439 | 0.340 | 0.410 | 0.374 | 0.385 | 0.139 | 0.126 | 0.112 | 0.356 | 0.416 | 0.213 | 0.222 | 0.442 | 0.139 | 0.139 | | | | | | | | | | |
| wgorilla | 0.348 | 0.258 | 0.229 | 0.220 | 0.222 | 0.366 | 0.372 | 0.374 | 0.235 | 0.269 | 0.377 | 0.374 | 0.313 | 0.377 | 0.380 | 0.377 | | | | | | | | | |
| deat | 0.399 | 0.348 | 0.338 | 0.346 | 0.374 | 0.526 | 0.484 | 0.490 | 0.346 | 0.333 | 0.472 | 0.484 | 0.364 | 0.522 | 0.516 | 0.509 | 0.318 | | | | | | | | |
| wehedgehog | 0.325 | 0.251 | 0.247 | 0.220 | 0.220 | 0.308 | 0.353 | 0.364 | 0.192 | 0.274 | 0.338 | 0.346 | 0.343 | 0.351 | 0.348 | 0.338 | 0.226 | 0.333 | | | | | | | |
| horse | 0.291 | 0.235 | 0.203 | 0.179 | 0.207 | 0.340 | 0.333 | 0.333 | 0.188 | 0.240 | 0.372 | 0.356 | 0.310 | 0.361 | 0.351 | 0.343 | 0.200 | 0.348 | 0.173 | | | | | | |
| wrhincero | 0.356 | 0.240 | 0.247 | 0.256 | 0.240 | 0.374 | 0.369 | 0.377 | 0.265 | 0.277 | 0.394 | 0.399 | 0.353 | 0.383 | 0.385 | 0.394 | 0.260 | 0.380 | 0.247 | 0.256 | | | | | |
| dppig | 0.343 | 0.281 | 0.258 | 0.256 | 0.256 | 0.419 | 0.422 | 0.405 | 0.211 | 0.258 | 0.454 | 0.430 | 0.328 | 0.422 | 0.430 | 0.407 | 0.247 | 0.343 | 0.251 | 0.224 | 0.269 | | | | |
| gpanda | 0.328 | 0.209 | 0.215 | 0.240 | 0.263 | 0.356 | 0.372 | 0.359 | 0.238 | 0.220 | 0.396 | 0.405 | 0.281 | 0.372 | 0.372 | 0.369 | 0.251 | 0.340 | 0.251 | 0.220 | 0.267 | 0.244 | | | |
| ehmouse | 0.391 | 0.351 | 0.353 | 0.351 | 0.348 | 0.137 | 0.163 | 0.157 | 0.340 | 0.402 | 0.205 | 0.222 | 0.422 | 0.163 | 0.167 | 0.374 | 0.503 | 0.305 | 0.348 | 0.361 | 0.407 | 0.353 | | | |
| mcgibbon | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

الجدول رقم (36) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Kimura 80 (2-Parameter))

```

=====
Distances (Kimura 80 (2-Parameter))
=====
wcfrog
ptarsier 0.341
htarsier 0.347 0.185
pig 0.331 0.241 0.241
bfox 0.329 0.269 0.288 0.240
sorangutan 0.418 0.350 0.378 0.375 0.359
chimpanzee 0.413 0.353 0.365 0.385 0.370 0.159
pchimpanze 0.419 0.353 0.362 0.388 0.379 0.151 0.027
sheep 0.324 0.239 0.239 0.218 0.222 0.366 0.355 0.370
ghamster 0.343 0.240 0.233 0.253 0.293 0.423 0.389 0.391 0.237
zmonkey 0.420 0.384 0.344 0.397 0.397 0.237 0.218 0.204 0.372 0.418
cemaque 0.420 0.381 0.350 0.394 0.397 0.222 0.218 0.208 0.374 0.431 0.056
aselephant 0.386 0.313 0.310 0.333 0.355 0.463 0.470 0.446 0.315 0.277 0.471 0.471
dhumanin 0.422 0.355 0.379 0.376 0.368 0.140 0.103 0.094 0.378 0.388 0.229 0.206 0.454
neandertia 0.428 0.364 0.376 0.370 0.365 0.148 0.097 0.092 0.370 0.391 0.220 0.210 0.447 0.021
ngorilla 0.442 0.342 0.419 0.376 0.392 0.143 0.129 0.115 0.358 0.422 0.217 0.227 0.447 0.143
doat 0.347 0.261 0.229 0.221 0.223 0.371 0.380 0.382 0.237 0.271 0.385 0.382 0.320 0.384 0.387 0.383
vehedgehog 0.401 0.348 0.339 0.345 0.374 0.541 0.494 0.500 0.345 0.334 0.481 0.495 0.368 0.529 0.521 0.319
horse 0.325 0.256 0.250 0.221 0.222 0.311 0.362 0.375 0.194 0.277 0.347 0.356 0.351 0.359 0.356 0.345 0.229 0.333
vrhinocero 0.289 0.238 0.203 0.180 0.210 0.344 0.337 0.337 0.189 0.241 0.382 0.364 0.318 0.368 0.357 0.348 0.202 0.351 0.175
dgpig 0.355 0.240 0.247 0.256 0.240 0.377 0.372 0.381 0.267 0.278 0.398 0.404 0.362 0.387 0.390 0.398 0.261 0.380 0.246 0.257
gpanda 0.343 0.284 0.259 0.259 0.259 0.423 0.426 0.408 0.213 0.259 0.462 0.436 0.333 0.426 0.436 0.411 0.252 0.343 0.252 0.228 0.271
eehmouse 0.326 0.209 0.216 0.238 0.263 0.357 0.372 0.359 0.260 0.222 0.397 0.406 0.285 0.373 0.370 0.252 0.341 0.251 0.220 0.267 0.245
nwgibbon 0.392 0.355 0.358 0.352 0.353 0.139 0.166 0.160 0.342 0.407 0.208 0.227 0.427 0.166 0.166 0.171 0.381 0.518 0.309 0.353 0.364 0.412 0.353

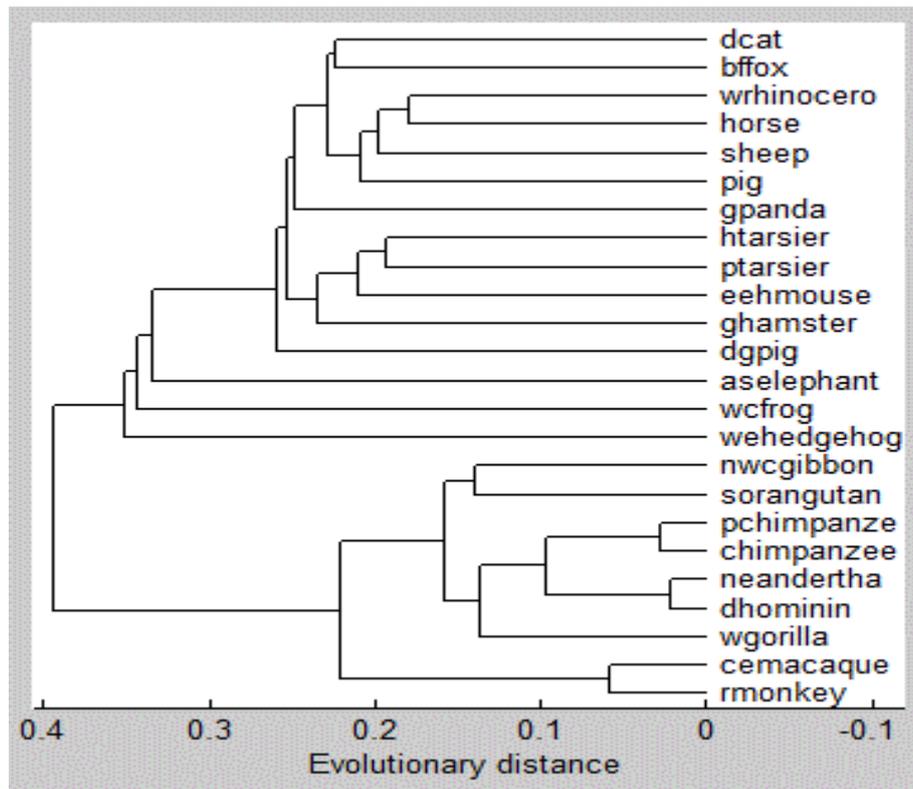
```

الجدول رقم (37) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (LogDet)

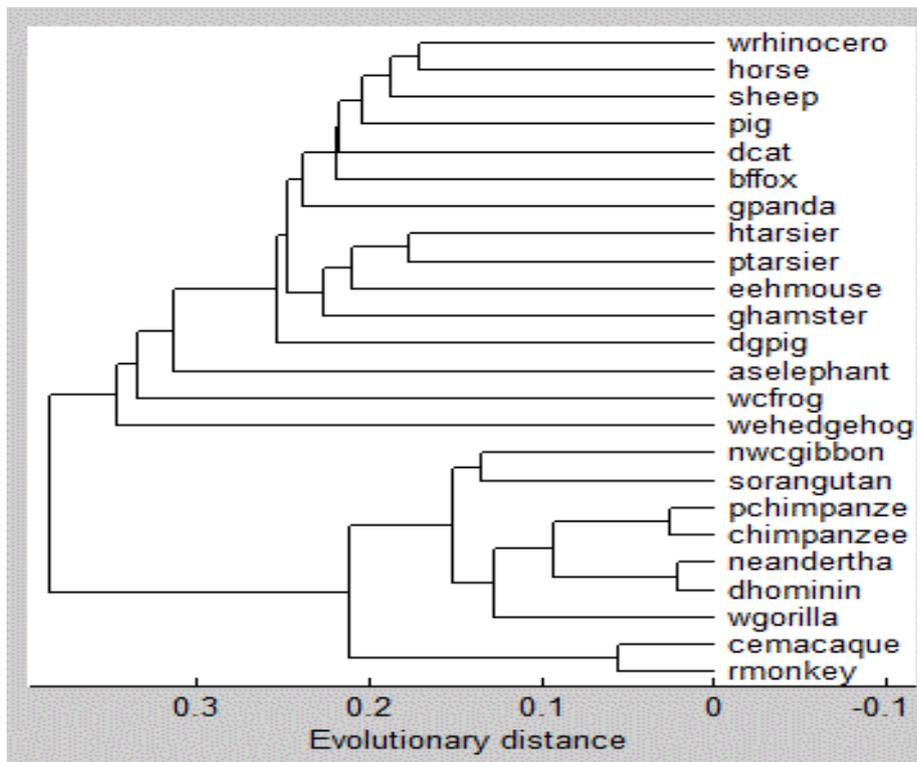
```

=====
Distances(LogDet)
=====
wefrog
ptarsier 0.34
htarsier 0.35 0.19
pig 0.33 0.24 0.24
bfox 0.34 0.27 0.29 0.24
sorangutan 0.43 0.34 0.37 0.37 0.36
chimpanzee 0.42 0.35 0.36 0.38 0.37 0.16
pohimpanze 0.42 0.35 0.36 0.39 0.38 0.15 0.03
sheep 0.33 0.24 0.24 0.22 0.23 0.36 0.35 0.37
ghamster 0.35 0.25 0.24 0.25 0.29 0.40 0.38 0.38 0.24
rmonkey 0.43 0.40 0.35 0.41 0.41 0.24 0.22 0.20 0.38 0.42
cemacaque 0.43 0.40 0.36 0.40 0.41 0.23 0.22 0.21 0.39 0.43 0.06
aselephant 0.39 0.33 0.32 0.34 0.36 0.45 0.47 0.44 0.33 0.29 0.48 0.48
dhoiminin 0.43 0.35 0.38 0.37 0.37 0.14 0.11 0.10 0.38 0.38 0.23 0.21 0.45
neandertha 0.43 0.36 0.37 0.36 0.37 0.15 0.10 0.09 0.37 0.38 0.22 0.21 0.44 0.02
wgorilla 0.45 0.34 0.42 0.37 0.40 0.15 0.13 0.12 0.36 0.41 0.22 0.23 0.44 0.15 0.15
deat 0.36 0.27 0.23 0.23 0.22 0.37 0.38 0.24 0.28 0.40 0.39 0.34 0.39 0.39 0.38
wehedgehog 0.40 0.34 0.34 0.34 0.37 0.52 0.48 0.49 0.34 0.34 0.48 0.49 0.38 0.52 0.51 0.32
horse 0.34 0.26 0.25 0.22 0.23 0.31 0.37 0.38 0.20 0.28 0.36 0.37 0.36 0.37 0.36 0.35 0.23 0.33
whinocero 0.30 0.25 0.21 0.18 0.22 0.34 0.34 0.34 0.19 0.24 0.40 0.38 0.33 0.37 0.36 0.35 0.21 0.35 0.18
dipig 0.36 0.24 0.25 0.26 0.24 0.37 0.37 0.38 0.27 0.28 0.41 0.41 0.37 0.39 0.39 0.40 0.27 0.38 0.24 0.26
gpanda 0.35 0.29 0.26 0.26 0.26 0.40 0.42 0.40 0.22 0.27 0.47 0.44 0.35 0.42 0.43 0.40 0.26 0.35 0.25 0.24 0.28
eebmouse 0.33 0.21 0.21 0.23 0.27 0.35 0.37 0.36 0.26 0.22 0.41 0.42 0.29 0.37 0.37 0.37 0.25 0.34 0.25 0.22 0.27 0.25
nwcgibbon 0.40 0.35 0.35 0.35 0.36 0.14 0.17 0.16 0.34 0.39 0.21 0.23 0.41 0.17 0.17 0.17 0.38 0.51 0.31 0.36 0.40 0.35

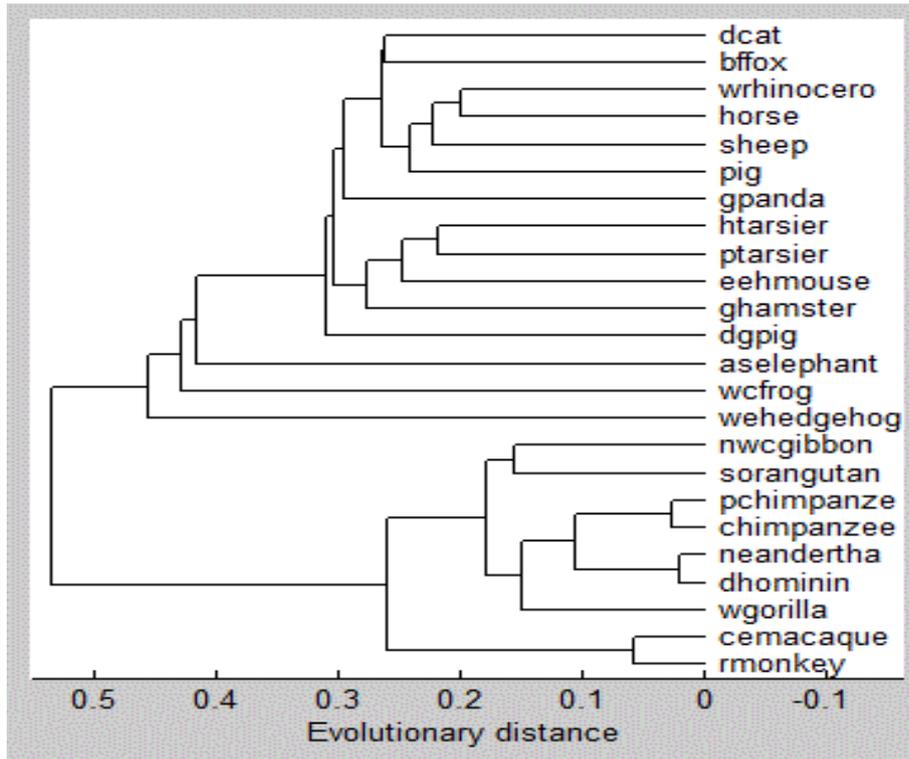
```



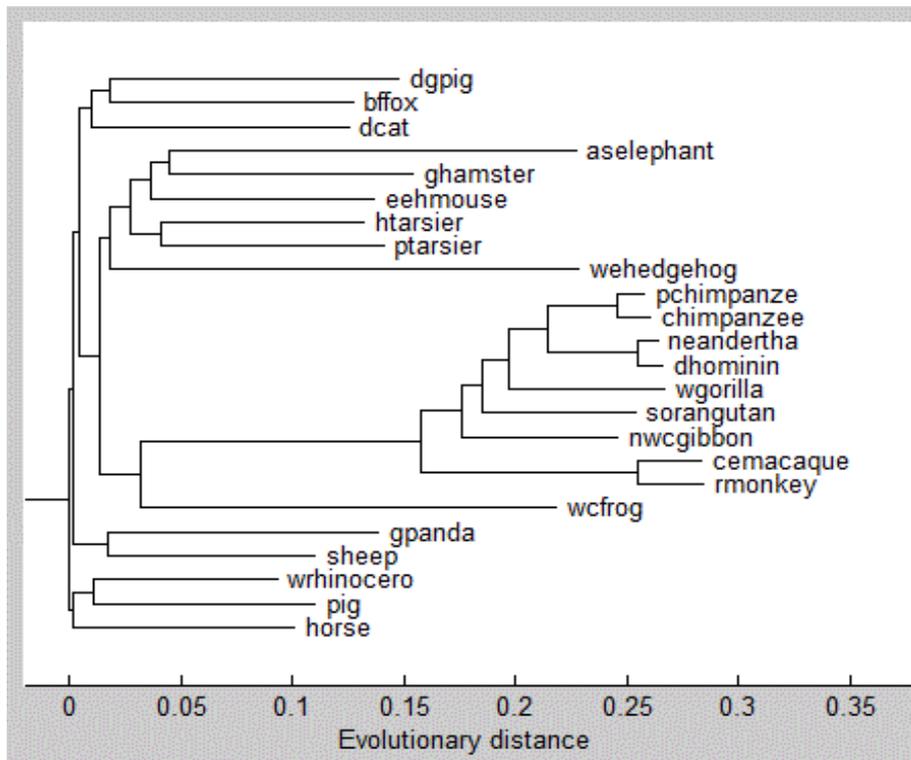
الشكل رقم (97) UPGMA Using LogDet Distanse [COXsubunit2 gene]



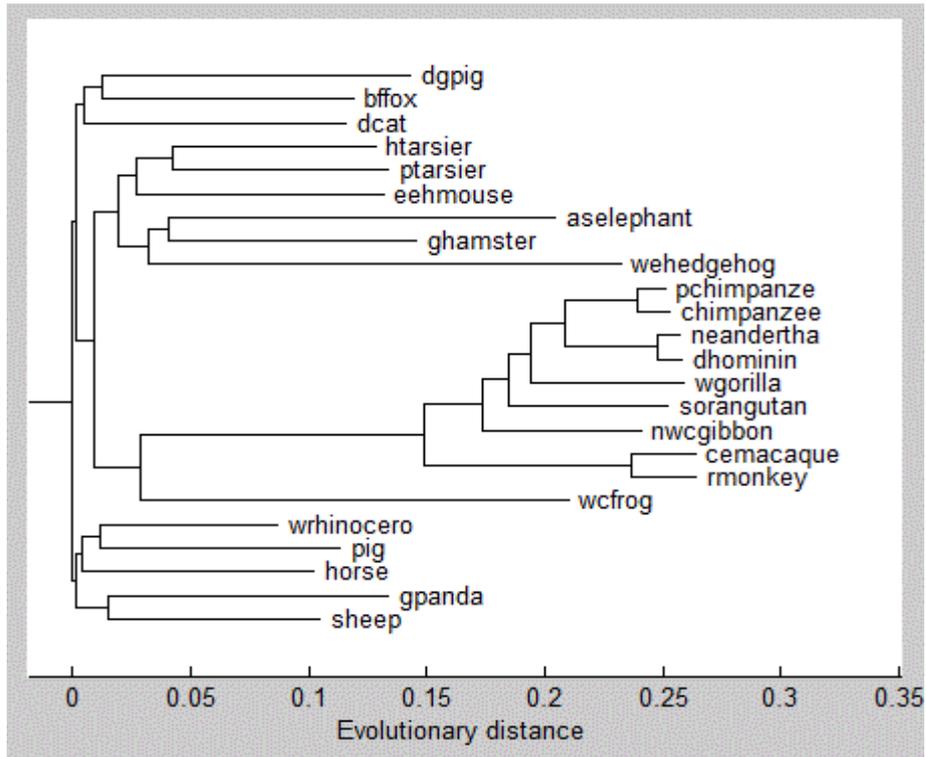
الشكل رقم (98) UPGMA Using JC69 Distanse [COXsubunit2 gene]



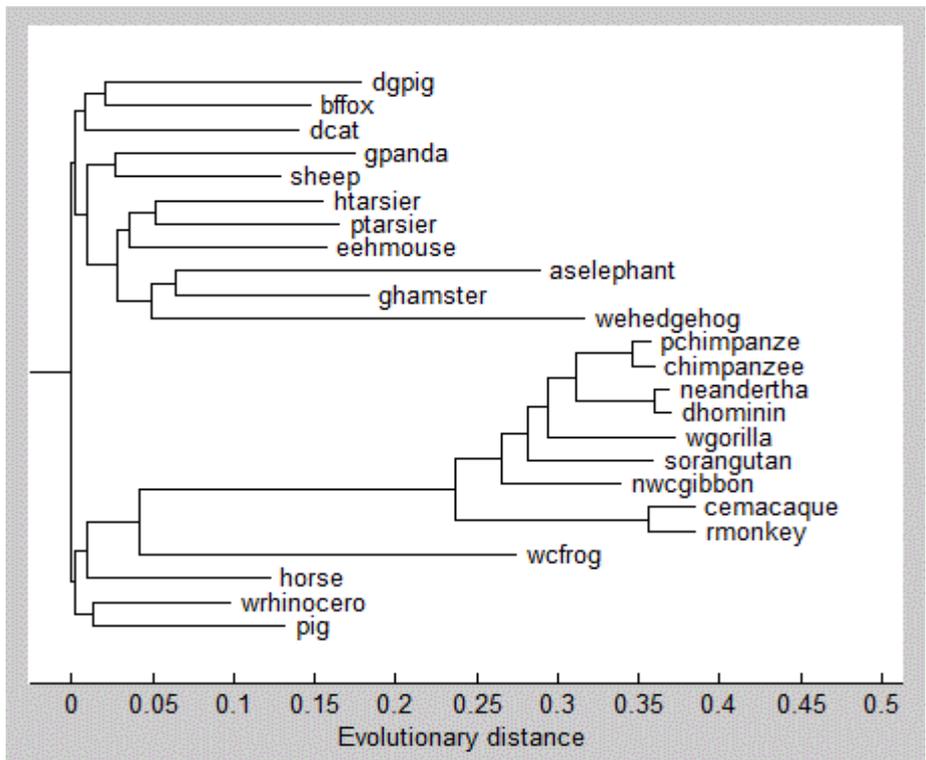
الشكل رقم (99) UPGMA Using Kimura80 Distanse [COXsubunit2 gene]



الشكل رقم (100) N-J Using LogDet Distanse [COXsubunit2 gene]



الشكل رقم (101) N-J Using JC69 Distanse [COXsubunit2 gene]



الشكل رقم (102) N-J Using Kimura80 Distanse [COXsubunit2 gene]

وكانت النتائج لمورثة الأنزيم (COXsubunit3) كالتالي:
الجدول رقم (38) نسب المحتوى النكليوتيدي ونسبة الـ GC للمورثة COXsubunit3 للأنواع المدروسة

| | | |
|------------------------|----------------|-------------------|
| ===== | Rmonkey | Wrhinocero |
| Nucleotide Composition | A - 200 (0.28) | A - 194 (0.27) |
| ===== | C - 229 (0.32) | C - 201 (0.28) |
| wcfrog | G - 92 (0.13) | G - 110 (0.15) |
| A - 189 (0.26) | T - 193 (0.27) | T - 209 (0.29) |
| C - 210 (0.29) | | |
| G - 113 (0.16) | cemacaque | dgpig |
| T - 202 (0.28) | A - 200 (0.28) | A - 203 (0.28) |
| | C - 223 (0.31) | C - 165 (0.23) |
| ptarsier | G - 93 (0.13) | G - 115 (0.16) |
| A - 194 (0.27) | T - 198 (0.28) | T - 231 (0.32) |
| C - 188 (0.26) | | |
| G - 102 (0.14) | aselephant | gpanda |
| T - 230 (0.32) | A - 197 (0.27) | A - 192 (0.27) |
| | C - 182 (0.25) | C - 171 (0.24) |
| htarsier | G - 102 (0.14) | G - 113 (0.16) |
| A - 196 (0.27) | T - 236 (0.33) | T - 238 (0.33) |
| C - 186 (0.26) | | |
| G - 98 (0.14) | yrdolphin | eehmouse |
| T - 234 (0.33) | A - 209 (0.29) | A - 209 (0.29) |
| | C - 202 (0.28) | C - 178 (0.25) |
| pig | G - 98 (0.14) | G - 101 (0.14) |
| A - 205 (0.29) | T - 207 (0.29) | T - 226 (0.32) |
| C - 201 (0.28) | | |
| G - 109 (0.15) | bghostshar | nwcgibbon |
| T - 199 (0.28) | A - 191 (0.27) | A - 193 (0.27) |
| | C - 212 (0.30) | C - 228 (0.32) |
| bffox | G - 112 (0.16) | G - 102 (0.14) |
| A - 194 (0.27) | T - 201 (0.28) | T - 191 (0.27) |
| C - 205 (0.29) | | |
| G - 112 (0.16) | dhominin | ===== |
| T - 203 (0.28) | A - 192 (0.27) | GC CONTENT |
| | C - 225 (0.32) | ===== |
| sorangutan | G - 102 (0.14) | wcfrog - 0.45 |
| A - 190 (0.27) | T - 195 (0.27) | ptarsier - 0.41 |
| C - 239 (0.33) | | htarsier - 0.40 |
| G - 105 (0.15) | neandertha | pig - 0.43 |
| T - 180 (0.25) | A - 188 (0.26) | bffox - 0.44 |
| | C - 223 (0.31) | sorangutan - 0.48 |
| chimpanzee | G - 105 (0.15) | chimpanzee - 0.44 |
| A - 196 (0.27) | T - 195 (0.27) | pchimpanze - 0.44 |
| C - 215 (0.30) | wgorilla | sheep - 0.45 |
| G - 97 (0.14) | A - 193 (0.27) | ghamster - 0.38 |
| T - 206 (0.29) | C - 221 (0.31) | rmonkey - 0.45 |
| | G - 101 (0.14) | cemacaque - 0.44 |
| pchimpanze | T - 199 (0.28) | aselephant - 0.40 |
| A - 199 (0.28) | | yrdolphin - 0.42 |
| C - 218 (0.31) | dcat | bghostshar - 0.45 |
| G - 95 (0.13) | A - 197 (0.28) | dhominin - 0.46 |
| T - 202 (0.28) | C - 197 (0.28) | neandertha - 0.46 |
| sheep | G - 112 (0.16) | wgorilla - 0.45 |
| A - 182 (0.25) | T - 208 (0.29) | dcat - 0.43 |
| C - 209 (0.29) | | wehedgehog - 0.35 |
| G - 111 (0.16) | wehedgehog | horse - 0.45 |
| T - 212 (0.30) | A - 202 (0.28) | wrhinocero - 0.44 |
| | C - 152 (0.21) | dgpig - 0.39 |
| ghamster | G - 100 (0.14) | gpanda - 0.40 |
| A - 196 (0.27) | T - 260 (0.36) | eehmouse - 0.39 |
| C - 167 (0.23) | horse | nwcgibbon - 0.46 |
| G - 106 (0.15) | A - 195 (0.27) | |
| T - 245 (0.34) | C - 211 (0.30) | |
| | G - 107 (0.15) | |
| | T - 201 (0.28) | |

الجدول رقم (39) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Jukes & Cantor 69)

| | wefrog | ptarsier | hearsier | pig | bffox | sorangutan | chimpanzee | pchimpanze | sheep | ghamster | rmonkey | cenacaque | aselephant | yrdolphin | bghostshar | dhumanin | neandertsa | wgorilla | deat | wenedgshog | horse | wrhinoero | digpig | gpanda | eahmouse | mcgribbon | |
|------------|--------|----------|----------|-------|-------|------------|------------|------------|-------|----------|---------|-----------|------------|-----------|------------|----------|------------|----------|-------|------------|-------|-----------|--------|--------|----------|-----------|--|
| wefrog | 0.340 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| ptarsier | 0.326 | 0.164 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| hearsier | 0.324 | 0.264 | 0.254 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| pig | 0.342 | 0.295 | 0.274 | 0.256 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| bffox | 0.342 | 0.297 | 0.284 | 0.268 | 0.274 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| sorangutan | 0.342 | 0.264 | 0.239 | 0.260 | 0.293 | 0.172 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| chimpanzee | 0.337 | 0.272 | 0.250 | 0.248 | 0.276 | 0.150 | 0.034 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| pchimpanze | 0.340 | 0.274 | 0.254 | 0.231 | 0.260 | 0.289 | 0.270 | 0.262 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| sheep | 0.364 | 0.297 | 0.286 | 0.316 | 0.289 | 0.331 | 0.297 | 0.301 | 0.320 | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| ghamster | 0.342 | 0.309 | 0.309 | 0.301 | 0.225 | 0.229 | 0.212 | 0.311 | 0.346 | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| rmonkey | 0.335 | 0.309 | 0.307 | 0.311 | 0.291 | 0.237 | 0.222 | 0.212 | 0.333 | 0.337 | 0.072 | | | | | | | | | | | | | | | | |
| cenacaque | 0.348 | 0.280 | 0.318 | 0.297 | 0.318 | 0.326 | 0.293 | 0.295 | 0.309 | 0.303 | 0.331 | 0.324 | | | | | | | | | | | | | | | |
| aselephant | 0.318 | 0.270 | 0.254 | 0.233 | 0.272 | 0.297 | 0.291 | 0.282 | 0.227 | 0.329 | 0.293 | 0.305 | 0.304 | | | | | | | | | | | | | | |
| yrdolphin | 0.322 | 0.378 | 0.344 | 0.303 | 0.342 | 0.362 | 0.364 | 0.320 | 0.390 | 0.383 | 0.337 | 0.334 | 0.317 | | | | | | | | | | | | | | |
| bghostshar | 0.355 | 0.264 | 0.268 | 0.282 | 0.282 | 0.164 | 0.108 | 0.113 | 0.274 | 0.307 | 0.224 | 0.231 | 0.282 | 0.272 | 0.353 | | | | | | | | | | | | |
| dhumanin | 0.353 | 0.268 | 0.268 | 0.290 | 0.280 | 0.166 | 0.106 | 0.104 | 0.284 | 0.305 | 0.223 | 0.227 | 0.286 | 0.280 | 0.362 | 0.029 | | | | | | | | | | | |
| neandertsa | 0.337 | 0.286 | 0.270 | 0.260 | 0.274 | 0.157 | 0.138 | 0.120 | 0.274 | 0.278 | 0.241 | 0.233 | 0.262 | 0.272 | 0.340 | 0.128 | 0.127 | | | | | | | | | | |
| wgorilla | 0.311 | 0.258 | 0.216 | 0.248 | 0.272 | 0.280 | 0.276 | 0.264 | 0.264 | 0.291 | 0.301 | 0.297 | 0.307 | 0.258 | 0.340 | 0.291 | 0.278 | 0.274 | | | | | | | | | |
| deat | 0.355 | 0.320 | 0.314 | 0.322 | 0.362 | 0.373 | 0.335 | 0.348 | 0.322 | 0.282 | 0.378 | 0.387 | 0.314 | 0.318 | 0.366 | 0.344 | 0.364 | 0.331 | 0.324 | | | | | | | | |
| wenedgshog | 0.307 | 0.270 | 0.229 | 0.220 | 0.258 | 0.276 | 0.268 | 0.264 | 0.248 | 0.270 | 0.293 | 0.280 | 0.291 | 0.231 | 0.342 | 0.268 | 0.276 | 0.252 | 0.218 | 0.316 | | | | | | | |
| horse | 0.326 | 0.280 | 0.239 | 0.227 | 0.248 | 0.258 | 0.282 | 0.274 | 0.246 | 0.286 | 0.295 | 0.280 | 0.284 | 0.227 | 0.303 | 0.262 | 0.264 | 0.243 | 0.209 | 0.342 | 0.187 | | | | | | |
| wrhinoero | 0.362 | 0.314 | 0.301 | 0.276 | 0.293 | 0.316 | 0.299 | 0.295 | 0.326 | 0.309 | 0.340 | 0.335 | 0.311 | 0.305 | 0.406 | 0.320 | 0.320 | 0.284 | 0.318 | 0.351 | 0.291 | 0.293 | | | | | |
| digpig | 0.346 | 0.289 | 0.260 | 0.264 | 0.286 | 0.322 | 0.295 | 0.297 | 0.293 | 0.262 | 0.335 | 0.331 | 0.289 | 0.272 | 0.383 | 0.291 | 0.294 | 0.278 | 0.252 | 0.333 | 0.231 | 0.256 | 0.280 | | | | |
| gpanda | 0.326 | 0.248 | 0.254 | 0.282 | 0.276 | 0.278 | 0.266 | 0.266 | 0.289 | 0.216 | 0.316 | 0.314 | 0.303 | 0.293 | 0.380 | 0.291 | 0.292 | 0.268 | 0.256 | 0.295 | 0.276 | 0.282 | 0.305 | 0.268 | | | |
| eahmouse | 0.316 | 0.311 | 0.276 | 0.282 | 0.286 | 0.174 | 0.178 | 0.176 | 0.278 | 0.307 | 0.220 | 0.237 | 0.301 | 0.282 | 0.340 | 0.183 | 0.184 | 0.148 | 0.276 | 0.366 | 0.276 | 0.280 | 0.305 | 0.320 | 0.289 | | |
| mcgribbon | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

الجدول رقم (40) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة Distances (Kimura 80 (2-Parameter))

```

=====
Distances (Kimura 80 (2-Parameter))
=====
wcfrog
ptarsier 0.341
htarsier 0.327 0.168
pig 0.324 0.267 0.257
bffox 0.343 0.296 0.275 0.257
sorungutan 0.343 0.300 0.288 0.270 0.276
chimpanzee 0.342 0.267 0.240 0.261 0.295 0.177
pchimpanze 0.338 0.276 0.253 0.249 0.278 0.152 0.035
sheep 0.340 0.278 0.258 0.233 0.261 0.291 0.272 0.264
ghamster 0.367 0.298 0.287 0.318 0.288 0.334 0.298 0.303 0.321
rmonkey 0.344 0.315 0.316 0.303 0.302 0.229 0.234 0.216 0.314 0.350
cenaqaque 0.337 0.315 0.314 0.315 0.291 0.242 0.226 0.216 0.338 0.341 0.073
asslephant 0.350 0.284 0.327 0.304 0.322 0.331 0.295 0.297 0.317 0.304 0.334 0.327
yrdolphin 0.319 0.273 0.255 0.234 0.272 0.298 0.292 0.284 0.229 0.329 0.294 0.307 0.307
bghosshar 0.323 0.381 0.346 0.303 0.343 0.363 0.365 0.365 0.322 0.393 0.385 0.359 0.319 0.319
dhumanin 0.357 0.267 0.272 0.285 0.284 0.168 0.111 0.117 0.276 0.309 0.228 0.236 0.285 0.273 0.353
neandertha 0.333 0.269 0.270 0.291 0.280 0.169 0.108 0.106 0.285 0.304 0.225 0.230 0.287 0.279 0.360 0.029
vgorilla 0.338 0.292 0.274 0.261 0.275 0.160 0.142 0.123 0.276 0.278 0.246 0.238 0.263 0.273 0.339 0.132 0.130
dcat 0.312 0.260 0.217 0.252 0.274 0.283 0.280 0.267 0.266 0.291 0.304 0.300 0.313 0.260 0.339 0.295 0.280 0.277
weideghog 0.339 0.321 0.316 0.325 0.367 0.378 0.338 0.352 0.326 0.282 0.380 0.391 0.315 0.319 0.368 0.348 0.368 0.334 0.327
horse 0.307 0.272 0.230 0.222 0.259 0.278 0.270 0.266 0.250 0.271 0.295 0.282 0.293 0.231 0.342 0.270 0.276 0.253 0.221 0.319
vrhinocero 0.325 0.285 0.241 0.228 0.249 0.238 0.283 0.275 0.247 0.287 0.299 0.283 0.289 0.228 0.302 0.262 0.263 0.242 0.211 0.344 0.188
dppig 0.365 0.315 0.302 0.278 0.294 0.321 0.303 0.299 0.330 0.310 0.346 0.342 0.313 0.309 0.410 0.326 0.323 0.287 0.322 0.353 0.294 0.294
gpanda 0.349 0.292 0.262 0.267 0.288 0.327 0.298 0.300 0.298 0.262 0.340 0.335 0.291 0.275 0.385 0.293 0.296 0.281 0.257 0.335 0.233 0.233 0.259 0.283
eelmouse 0.327 0.250 0.255 0.284 0.276 0.279 0.266 0.267 0.289 0.216 0.317 0.315 0.304 0.293 0.380 0.292 0.292 0.269 0.256 0.297 0.277 0.283 0.306 0.269
nwgibbon 0.316 0.316 0.280 0.284 0.289 0.178 0.182 0.181 0.281 0.309 0.224 0.243 0.304 0.283 0.339 0.189 0.189 0.151 0.278 0.281 0.309 0.325 0.291

```

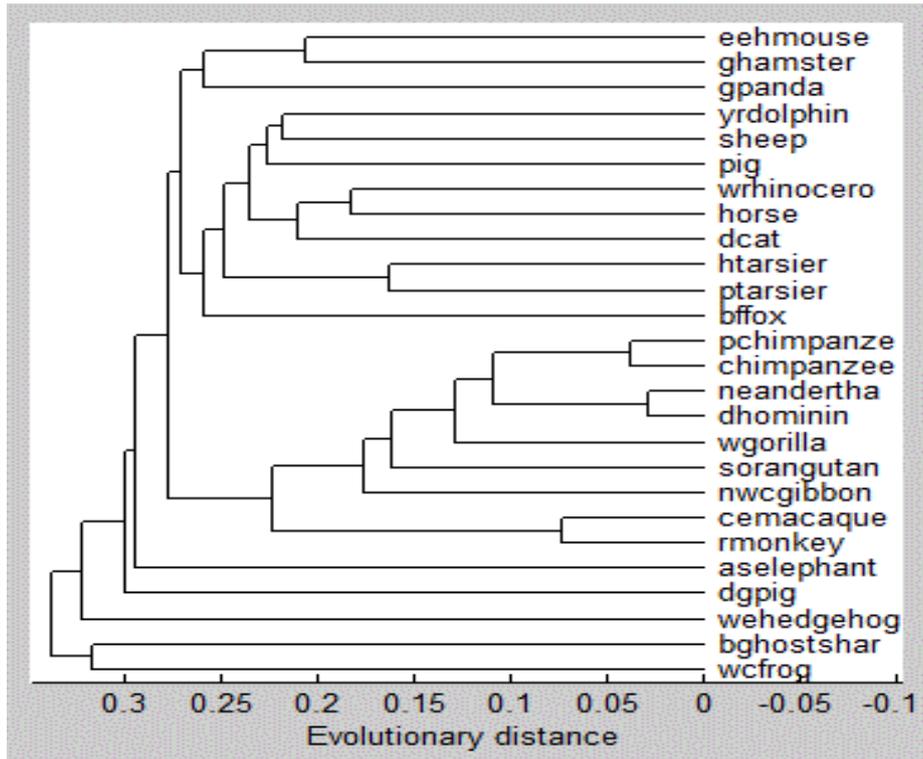
الجدول رقم (41) مصفوفة قيم المسافات الوراثية (dissimilarity) بين الأنواع المدروسة حسب مصفوفة

Distances (LogDet)

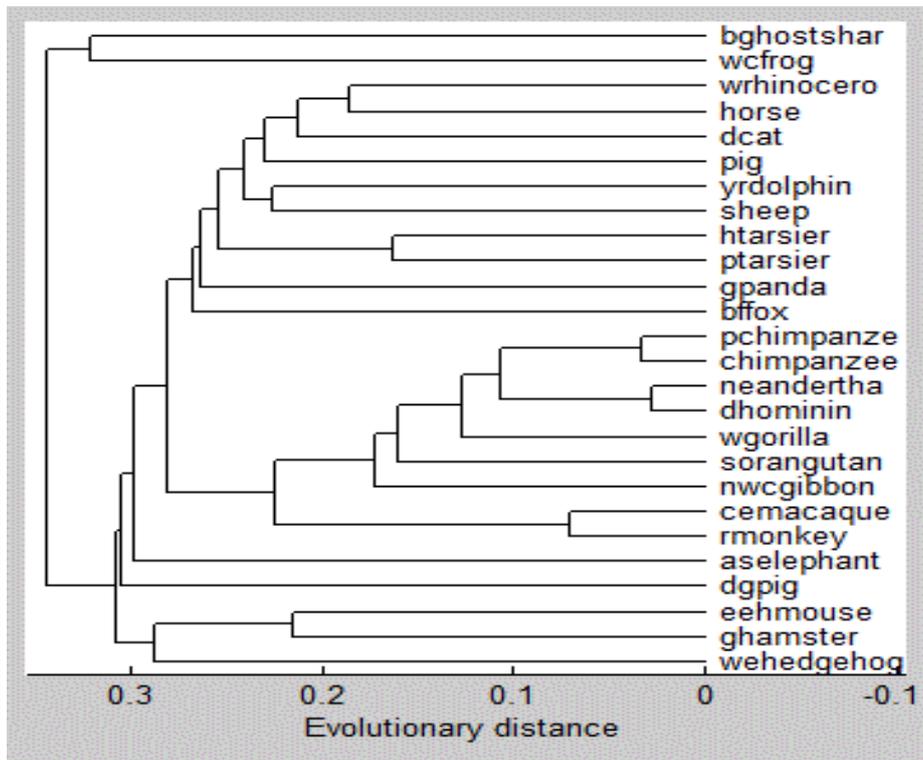
```

=====
Distances (LogDet)
=====
wefrog      0.33
pearsier   0.32 0.16
htarsier   0.32 0.26 0.25
pig        0.34 0.29 0.26 0.25
bfox       0.34 0.28 0.27 0.26 0.27
sorangutan 0.33 0.26 0.23 0.26 0.29 0.17
chimpanzee 0.33 0.26 0.24 0.27 0.15 0.04
p chimpanze 0.33 0.27 0.25 0.23 0.25 0.28 0.27 0.26
sheep      0.35 0.29 0.28 0.31 0.28 0.31 0.28 0.29 0.31
ghamster   0.34 0.30 0.30 0.29 0.22 0.23 0.21 0.31 0.33
rmonkey    0.33 0.30 0.30 0.31 0.28 0.23 0.22 0.21 0.33 0.32 0.07
cemacaque  0.34 0.28 0.33 0.30 0.31 0.29 0.29 0.31 0.30 0.32 0.31
aselephant 0.31 0.27 0.25 0.23 0.26 0.28 0.27 0.22 0.32 0.28 0.30 0.30
yrdolphin  0.32 0.37 0.33 0.30 0.34 0.36 0.36 0.31 0.38 0.38 0.35 0.33 0.31
bghostshar 0.35 0.26 0.26 0.28 0.28 0.17 0.11 0.12 0.27 0.29 0.22 0.23 0.27 0.27 0.35
dhoiminin  0.35 0.26 0.26 0.29 0.28 0.17 0.11 0.11 0.28 0.29 0.22 0.22 0.28 0.27 0.36 0.03
neandertha 0.33 0.28 0.26 0.26 0.27 0.16 0.14 0.12 0.27 0.26 0.24 0.23 0.26 0.26 0.33 0.13 0.13
wgorilla   0.31 0.25 0.21 0.25 0.27 0.27 0.27 0.26 0.26 0.28 0.29 0.29 0.31 0.25 0.33 0.29 0.28 0.27
deat       0.34 0.31 0.31 0.31 0.35 0.34 0.32 0.33 0.31 0.28 0.35 0.36 0.31 0.30 0.35 0.33 0.35 0.31 0.32
w hedgehog 0.30 0.26 0.22 0.22 0.25 0.27 0.26 0.26 0.24 0.26 0.28 0.27 0.29 0.22 0.33 0.26 0.27 0.25 0.21 0.30
horse      0.32 0.28 0.23 0.22 0.24 0.25 0.28 0.27 0.24 0.27 0.29 0.27 0.28 0.22 0.30 0.26 0.26 0.24 0.21 0.33 0.18
whinoceero 0.35 0.31 0.30 0.27 0.29 0.30 0.30 0.29 0.32 0.30 0.33 0.33 0.31 0.30 0.40 0.32 0.32 0.28 0.32 0.35 0.28 0.29
dgpig      0.34 0.29 0.26 0.26 0.28 0.31 0.29 0.29 0.29 0.26 0.32 0.32 0.29 0.27 0.38 0.29 0.29 0.27 0.25 0.33 0.23 0.25 0.28
ganda      0.32 0.24 0.24 0.27 0.26 0.26 0.25 0.25 0.28 0.21 0.30 0.30 0.30 0.28 0.37 0.28 0.28 0.26 0.25 0.29 0.26 0.27 0.30 0.26
ehmouse    0.31 0.30 0.27 0.28 0.28 0.17 0.18 0.18 0.28 0.29 0.22 0.24 0.29 0.27 0.34 0.19 0.19 0.15 0.27 0.35 0.27 0.27 0.30 0.31 0.28
nvcgibbon

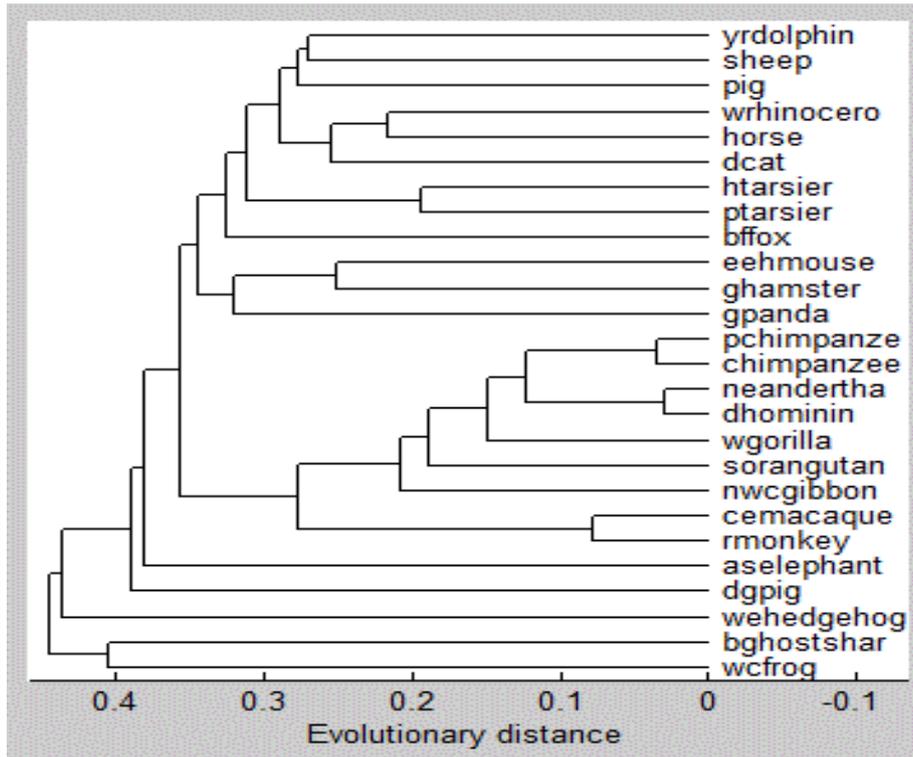
```



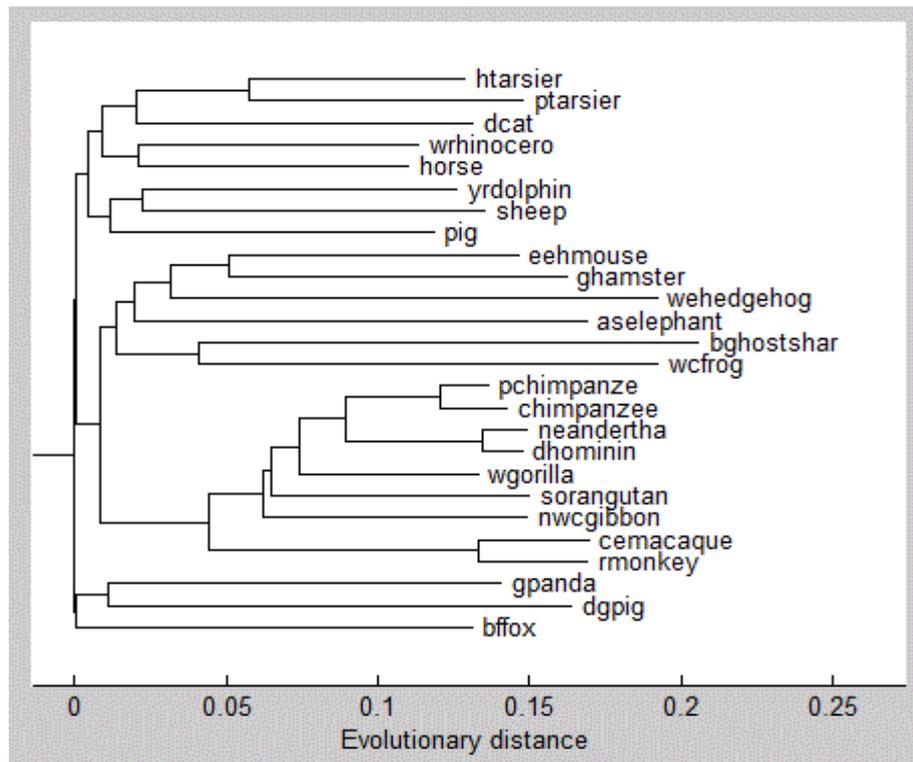
الشكل رقم (103) UPGMA Using LogDet Distance [COXsubunit3 gene]



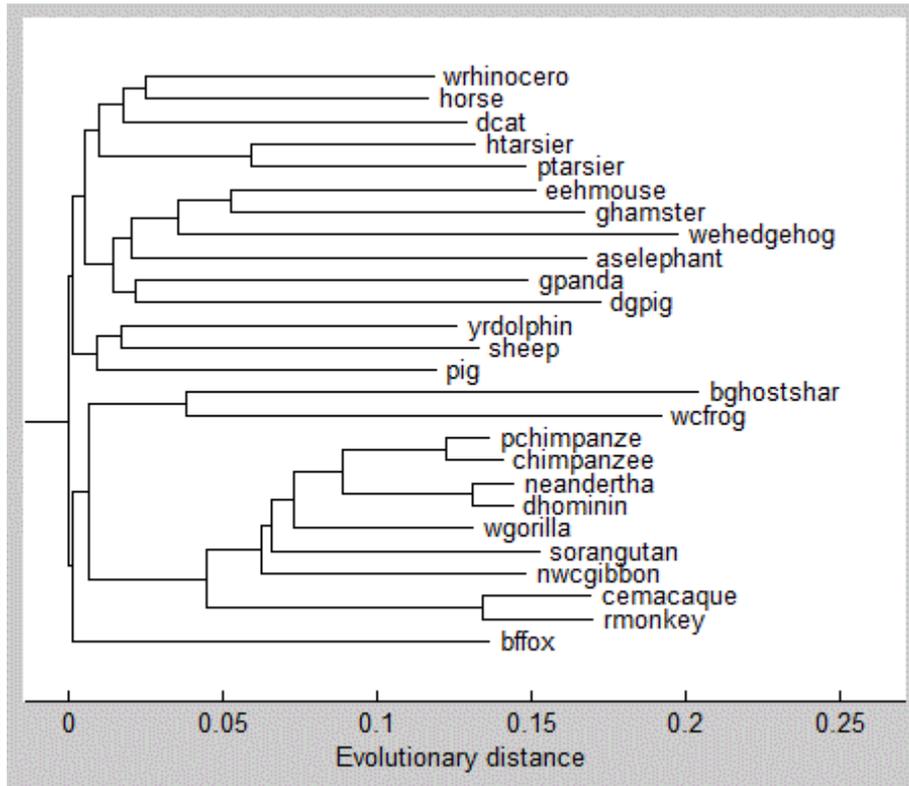
الشكل رقم (104) UPGMA Using JC69 Distance [COXsubunit3 gene]



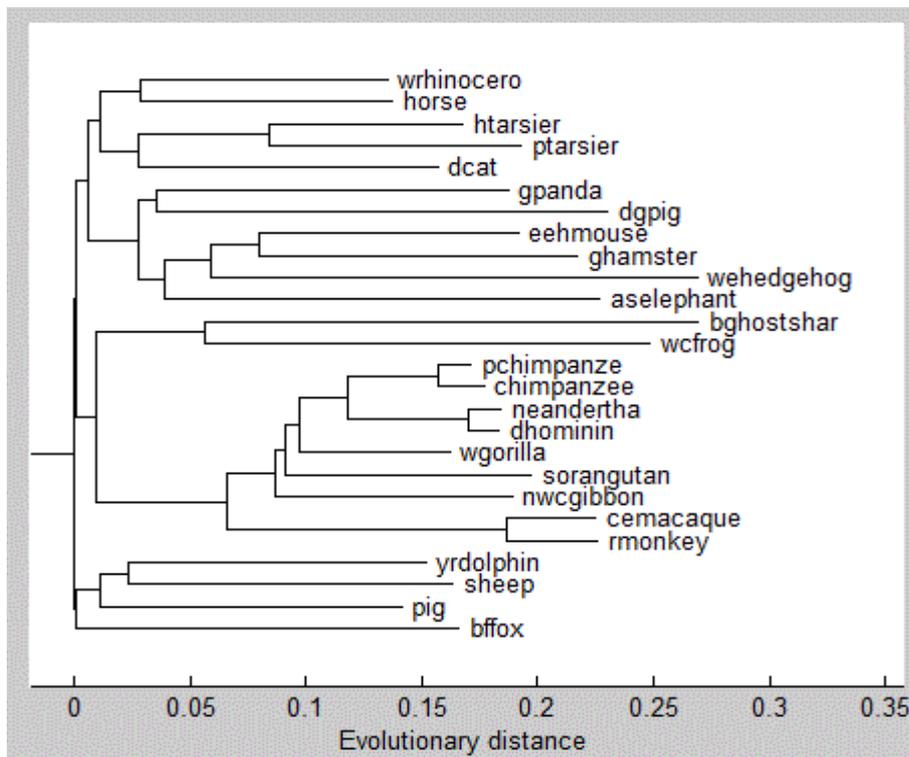
UPGMA Using Kimura80 Distanse [COXsubunit3 gene](الشكل رقم 105)



N-J Using LogDet Distanse [COXsubunit3 gene](الشكل رقم 106)



الشكل رقم (107) N-J Using JC69 Distanse [COXsubunit3 gene]



الشكل رقم (108) N-J Using Kimura80 Distanse [COXsubunit3 gene]

تلخيص النتائج

1. تم تصميم البرنامج BIMAT ومعايرته.
2. دراسة المورثات الخاصة بهذا البحث أظهرت علاقات غير منطقية وغير متجانسة وتناقضات فادحة بين دلالات التشابه المورفولوجي والجزئي كدعائم للأشجار الفيلوجينية بين الأنواع السابقة، وبالتالي التقييم الإحصائي الذي إعمدته فرضية التطور لرسم شجرة القرابة لا يدعم تنبؤاتها.
3. الاختلافات في التسلسل النكليوتيدي لا تكشف عن أي نوع من التقدم التطوري مع مرور الوقت. وأن الأمر لا يعدو كونه مجرد متواليات لقواعد نيتروجينية، فالإنسان لا يمكن فهمه أو قولبته بدراسة متوالياته النيتروجينية.
4. نظرية داروين غير ملائمة لتفسير أصل الأنواع.

المقترحات

1. متابعة البحث بدراسة مورثات أخرى تخدم توجه البحث.
2. توسيع قواعد البيانات لبنوك المعلوماتية الحيوية كونها تحتوي على ثغرات كثيرة وهذا ما سيضعف أي بحث ويبعده عن الكمال.
3. الإعتماد على برنامج MATLAB في مقررات البرمجة بشكل عام و مقرر النمذجة والمحاكاة.
4. الإعتماد على برنامج BIMAT، خصوصاً أنه قابل للتطوير.

المراجع

References

1. Altschul, S., M. Boguski, W. Gish and J. Wootton. "Issues in Searching Molecular Sequence Databases." *Nature Genetics* 6(1994): 119–29.
2. Apostolico, A. and R. Giancarlo. "Sequence Alignment in Molecular Biology." *Journal of Computational Biology* (5)(1998): 173–96.
3. Arnold, A. J. and K. Fristrup. 1982. The theory of evolution by natural selection: a hierarchical expansion. *Paleobiology* 8: 113-129.
4. Amadio JP, Walsh CA (September 2006)" [Brain evolution and uniqueness in the human genome](#) ."Cell 5–1033 :(6) 126 [doi/10.1016/j.cell.2006.09.007](#) .PMID.16990130
5. Arnold, A. J. 1982. Hierarchical structure in evolutionary theory: applications in the Foraminiferida. Ph.D. Dissertation. Dept. of Geology. Harvard University.
6. Baxevanis, A. and B. Ouellette. *Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins*. New York: John Wiley & Sons, 2001.
7. Britten, R.J. 2002. Divergence between samples of chimpanzee and human DNA sequences is 5%, counting indels. *Proc. Natl. Acad. Sci.*99: 13633–13635.
8. Bruno WJ, Socci ND, Halpern AL. 2000. Weighted neighbor joining: a likelihood-based approach to distance-based phylogeny reconstruction. *Mol Biol Evol.* 17:189–197.
9. Baldi P., Brunak S. (1998), *Bioinformatics (Adaptive Computation and Machine Learning)*, MIT Press.
10. Bulmer, M., 1991. Use of the method of generalized least squares in reconstructing phylogenies from sequence data. *Mol. Biol. Evol.* 8, 868–883.
11. Bramble and Lieberman, "Endurance running." For a list of hundreds of phenotypic traits in humans that differ from the great apes, see A. Varki and T.K. Altheide, "Comparing the human and chimpanzee genomes: Searching for needles in a haystack," *Genome Research* 15 (2005): 1746–1758.
12. Brinkman LSF, Leipe DD: *Phylogenetic Analysis. Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins*. Volume 43. 2nd edition. 2002:323–358.
13. Chen, F.C. and Li, W.H. 2001. Genomic divergences between humans and other hominoids and the effective population size of

- the common ancestor of humans and chimpanzees. *Am. J. Hum. Genet.* 68: 444–456.
14. Charles Darwin, *The Origin of Species*, 1859, p. 313-314.
 15. Collard and Aiello, "From forelimbs to two legs," 339–40. See also Brian G. Richmond and David S. Strait, "Evidence that humans evolved from a knucklewalking ancestor," *Nature*, 404 (March 23, 2000): 382–85.
 16. Cai JJ, Smith DK, Xia X, et al. 2005. MBEToolbox: a MATLAB toolbox for sequence data analysis in molecular biology and evolution. *BMC Bioinformatics*, 6:64.
 17. D. Eppstein. Fast hierarchical clustering and other applications of dynamic closest pairs. *J. Exp. Algorithmics*, 5:1 {23, 2000.
 18. Delson, "One skull does not a species make," 445–46. 140. Leslie Aiello quoted in Leakey and Lewin, *Origins Reconsidered: In Search of What Makes Us Human*, 196. See also Wood and Collard, "The Human Genus," 65–71.
 19. Daniel E. Lieberman, "Another face in our family tree," *Nature*, March 22, 2001.
 20. Fitch MW: On the problem of discovering the most parsimonious tree. *American Naturalist* 1977, 111:223–257.
 21. Fitch MW, Margoliash E: Construction of phylogenetic trees. *Science* 1967, 155:279–284.
 22. Francisco J. Ayala, "The Mechanisms of Evolution," *Scientific American*, vol. 239, September 1978, p. 64.
 23. Felsenstein, J., 1989. PHYLIP—Phylogeny Inference Package (version 3.2). *Cladistics* 5, 164–166.
 24. Fitch, W.M., Margoliash, E., 1967. Construction of phylogenetic trees. *Science* 155, 279–284.
 25. Felsenstein J. 1981. Evolutionary trees from DNA sequences:
 - a. a maximum likelihood approach. *J Mol Evol.* 17:368–376.
 26. Gusfield D. (1997), *Algorithms on strings, trees and sequences*, Cambridge University Press.
 27. Gingeras, T.R. and Roperts, R.J. (1980) Steps towards computer analysis of nucleotide sequences. *Science*, 209, 1322-1328.
 28. Gibas, C. and P. Jambeck. *Developing Bioinformatics Computer Skills*. Sebastopol, CA: O'Reilly & Associates, 2001.
 29. George Gaylord Simpson, *The Meaning of Evolution: A Study of the History of Life and of Its Significance for Man*, revised edition (New Haven: Yale University Press, 1967), 345.
 30. Harun Yahya, *Darwinism Refuted*, pp.207-222
 31. Hochstein, L.I. and Dalton, B.P. (1973). "Studies of a halophilic NADH dehydrogenase. I. Purification and properties of the

- enzyme . "Biochim. Biophys. Acta .228–216 :302
[PMID.4144655](#)
32. Idury R. M., Waterman M. S. (1995), A new algorithm for DNA Sequence Assembly, *J. Comput. Biol.*, vol. 2, pp. 291–306.
 33. Jagota, A. *Data Analysis and Classification for Bioinformatics*. Santa Cruz, CA: Arun Jagota, 2000.
 34. Jamie Shreeve, “Oldest Skeleton of Human Ancestor Found,” *National Geographic* (October 1, 2009), accessed March 4, 2012,
 35. J. Evans, L. Sheneman, and J. A. Foster. Relaxed neighbor joining: A fast distancebased phylogenetic tree construction method. *Journal of Molecular Evolution*, 62(6):785–792, 2006.
 36. Jonathan Marks, *What It Means to be 98% Chimpanzee: Apes, People, and their Genes* (University of California Press, 2003), xv.
 37. K. Howe, A. Bateman, and R. Durbin. QuickTree: Building huge neighbour-joining trees of protein sequences. *Bioinformatics*, 18(11):1546–1547, 2002.
 38. Khalimonchuk O, Rödel G (December 2005). "Biogenesis of cytochrome c oxidase . " *Mitochondrion* .88–363 : (6) 5
[doi/10.1016:j.mito.2005.08.002](https://doi.org/10.1016/j.mito.2005.08.002) . [PMID16199211](#)
 39. Leslie C. Aiello and Mark Collard, “Our newest oldest ancestor?,” *Nature*, 410 (March 29, 2001): 526–27.
 40. Li W. H. (1997), *Molecular Evolution*, Sinauer Associates.
 41. MATLAB Central: <http://www.mathworks.com/matlabcentral/>
 42. Michael S. Waterman. *Introduction to Computational Biology: Maps, Sequences, and Genomes*. CRC Press, 1995.
 43. Miller, quoted in John G. West, *Darwin Day in America: How Our Politics and Culture Have Been Dehumanized in the Name of Science* (Wilmington, DE: ISI Books, 2007), 226.
 44. Mahmood S, Ahmad W, Hassan JM: Autosomal recessive primary microcephaly (MCPH): clinical manifestations, genetic heterogeneity and mutation continuum. *Orphanet JRare Dis* 2011, 6:39.
 45. Mount WD: *Maximum Parsimony Method for Phylogenetic Prediction*. Cold Spring Harbor Protocols; 2008.
 46. National Center for Biotechnology Information (NCBI): <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
 47. N. Saitou and M. Nei. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol*, 4:406–425, 1987.
 48. Pollard KS, Salama SR, King B, et al) October 2006" .([Forces shaping the fastest evolving regions in the human genome](#) ." *PLoS Genet* : (10) 2 .e168 .[doi/10.1371:journal.pgen.0020168](https://doi.org/10.1371/journal.pgen.0020168) .
[PMID.17040131](#)

49. Pevzner, P. Computational Molecular Biology. Cambridge, MA: MIT Press, 2001.
50. PDB, protein data bank, <http://www.rcsb.org/pdb/>
51. PHYLIP, a package of programs for inferring phylogenies, <http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html>
52. Ragan, M.A.: Phylogenetic inference based on matrix representation of trees. *Mol. Phylogen. Evol.* 1 (1992) 53–58
53. Ratledge, C. and B. Kristiansen, Eds. Basic Biotechnology. New York: Cambridge University Press, 2001.
54. Richard Leakey and Roger Lewin, *Origins Reconsidered: In Search of What Makes Us Human*, (New York: Anchor Books, 1993), 195.
55. Saitou N, Nei M: The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol* 1987, 4:406–425.
56. Saitou N, Imanishi T: Relative efficiencies of the fitch-margoliash, maximum-parsimony, maximum-likelihood, minimum-evolution, and neighbor-joining methods of phylogenetic tree construction in obtaining the correct tree. *Mol Biol Evol* 1989, 6:514–525.
57. S. Akella, J. Davis, and P. Waddell. Accelerating phylogenetics computing on the desktop: experiments with executing UPGMA in programmable logic. In *Engineering in Medicine and Biology Society (IEMBS)*, volume 4, pages 2864–2868, 2004.
58. Sellers, P.H. (1980) The theory and computation of evolutionary distances: pattern recognition. *J. Algorithms*, 1, 359–373.
59. Smith, T.F. and Waterman, M.S. (1981a) Comparison of biosequences. *Adv. Appl. Math.*, 2, 482–489.
60. Smith, T.F. and Waterman, M.S. (1981b) Identification of common molecular subsequences. *J. Mol. Biol.*, 147, 195–197.
61. Wikipedia, the free encyclopedia: <http://wikipedia.org/>
62. Terrance W. Deacon, “Problems of Ontogeny and Phylogeny in Brain-Size Evolution,” *International Journal of Primatology*, 11 (1990): 237–82. See also Terrence W. Deacon, “What makes the human brain different?,” *Annual Review of Anthropology*, 26 (1997): 337–57; Stephen Molnar, *Human Variation: Races, Types, and Ethnic Groups*, 5th ed. (Upper Saddle River: Prentice Hall, 2002), 189 (“The size of the brain is but one of the factors related to human intelligence”).
63. Yang, Z. (2000) *Phylogenetic Analysis by Maximum Likelihood (PAML) 3.0*, University College London, London.
64. TreeView, visualization of trees, www.stanford.edu/~alok/TreeView

65. Rzhetsky A., Morozov P. (2001) Markov chain Monte Carlo computation of confidence intervals for substitution-rate variation in proteins. *Pac symp Biocomput*, 6:203-214.
66. Venet D., (2003) MatARRAY: a Matlab toolbox for microarray data. *Bioinformatics*, 19:659-660.
67. Christopher Manes, *Green Rage: Radical Environmentalism and the Unmaking of Civilization* (Boston: Francis S. Collins, *The Language of God: A Scientist Presents Evidence for Belief* (New York: Free Press, 2006), 135–136. For a rebuttal of some of Collins’s scientific arguments, see chapter four of this book by Casey Luskin. Also see Jonathan Wells, “Darwin of the Gaps,” in Richards, *God and Evolution*, 117–128.
68. Kenneth R. Miller, *Finding Darwin’s God: A Scientist’s Search for Common Ground Between God and Evolution* (New York: HarperCollins, 1999), 272.
69. Michael S. Y. Lee , " Molecular Phylogenies Become Functional , *Trends in Ecology and Evolution*", Vol. 14(5): 177-178
70. John R. Durant, "The Myth of Human Evolution", *New Universities Quarterly* 35
71. G. Glazko, et. al., “Eighty percent of proteins are different between humans and chimpanzees,” *Gene* 346(2005): 215–219; J. Cohen, “Relative differences: The myth of 1%,” *Science* 316 a. (2007): 1836.
72. Terrance W. Deacon, “Problems of Ontogeny and Phylogeny in Brain-Size Evolution,” *International Journal of Primatology*, 11 (1990): 237–82. See also Terrence W. Deacon, “What makes the human brain different?,” *Annual Review of Anthropology*, 26 (1997): 337–57; Stephen Molnar, *Human Variation: Races, Types, and Ethnic Groups*, 5th ed. (Upper Saddle River: Prentice Hall, 2002), 189 (“The size of the brain is but one of the factors related to human intelligence”).
73. Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S: MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mol Biol Evol* 2011, 28:2731–2739.
74. Voet, Donald .(2010) *Biochemistry* .New York: J. Wiley & Sons . [ISBN.4-57095-470-0](https://doi.org/10.1002/9781118164617)



Aleppo University
Faculty of Technological Engineering
Department of Biotechnology

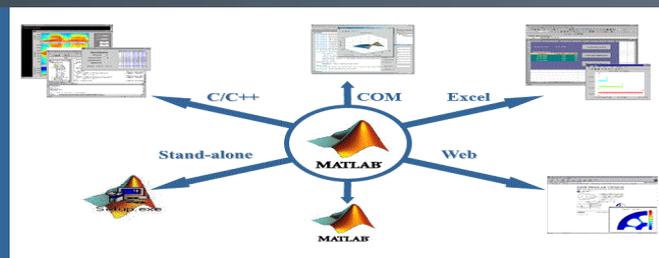
Statistical Evaluation Of Evolution Theory By Clustering Method Using MATLAB Program

A Graduation Project Submitted In the Fulfillment of Requirements for the Degree of B.Sc. in Biotechnology Engineering

By
Khaled Ahmad Almuhammad

Supervised By
Dr. Haitham Sayed
Dr. Ahmad Sh. Shaaban

MATLAB®



NCBI Resources How To

National Center for Biotechnology Information

All Databases ▾

Search