

Аппаратное ускорение задачи выравнивания строк на языке NaSCL

Найданов Дмитрий, 345 группа
Руководитель: Медведев О.В.

Задача о выравнивании строк в биоинформатике

- Строки — цепочки ДНК, РНК или протеинов
- Выравнивается множество строк
- Необходимо для определения функциональных, структурных или других зависимостей между строками
- Например,

FTFTALILLAVAV

F--TAL-LLA-AV

Собственно задача курсовой

- Ускоряется MAFFT
- 80% времени выполнения занимает попарное выравнивание строк
- Используется несколько алгоритмов, но все они очень похожи и было решено реализовать алгоритм Смита-Вотермана

Обзор существующих разработок

- Ускорением алгоритмов выравнивания строк занимались и раньше
- Языки реализации — VHDL и Mitrion C
- Ни ссылок на исходный код, ни примеров из него, только общая идея

Прошивка для FPGA

- Написана на языке HaSCoL
- Использует возможности FPGA по распараллеливанию вычислений

	A	C	A	T	...	T
A	4	5	9	10	...	100
C	5	9	10	11	...	
C	9	10	14	15		
A	10	11	12			
...				
C	122					

Результаты

- Реализован прототип устройства и тестовая оболочка для него
- Изучены язык HaSCoL и инструменты для разработки аппаратуры