



## **SEQÜENCIAMENTO DE CADEIAS DE DNA POR MEIO DE PROCESSAMENTO MACIÇAMENTE PARALELO VIRTUAL**

Luís Fernando Marques Rosa (Bolsista SAE/UNICAMP), Fabiano de O. Lucchese (Mestrando) e Prof. Dr. Marco Aurélio Amaral Henriques (Orientador), Faculdade de Engenharia Elétrica e de Computação - FEEC, UNICAMP

Este trabalho teve como objetivo o estudo de viabilidade e o desenvolvimento de uma ferramenta de montagem de fragmentos de DNA sobre a plataforma de processamento maciçamente paralelo virtual JoiN. Esta plataforma procura agregar o poder computacional ocioso de computadores conectados à Internet formando um grande computador paralelo virtual. O problema de montagem consiste em reconstruir uma cadeia de DNA a partir de um conjunto de fragmentos originários da quebra aleatória de cópias desta cadeia. Uma etapa fundamental neste processo é a comparação de todos os fragmentos 2 a 2 através do algoritmo de Smith-Waterman. As ferramentas seqüenciais minimizam o tempo de execução desta etapa selecionando previamente pares de fragmentos afins através de heurísticas que podem introduzir erros no resultado final. Nesse trabalho, explorou-se a capacidade de se paralelizar a execução do algoritmo, executando-o sobre todos os pares possíveis de fragmentos sem a utilização de heurísticas de redução do tamanho do problema. Os resultados mostram que a paralelização maciça do algoritmo de comparação é viável e pode trazer aumentos significativos de desempenho, além de possibilitar comparações com um número bem maior de fragmentos que o máximo permitido pelas técnicas seqüenciais.

Montagem de cadeias de DNA - Processamento paralelo - Sistema JoiN