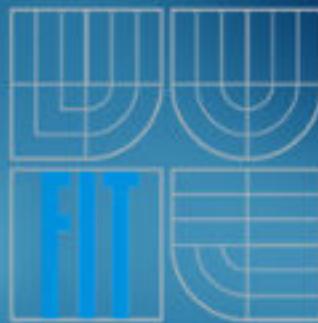


# Akcelerace algoritmů pro hledání triplexů v DNA sekvencích



Fakulta informačních  
technologií, VUT v Brně

## CUDA technologie

Technologie CUDA dovoluje využití grafické karty pro masivně paralelní výpočty. Analýza DNA může znamenat zpracování sekvencí o délce až 100-vek miliónů nukleotidů.

Nvidia CUDA představuje vhodný prostředek pro paralelizaci výpočtu na běžně dostupném hardware.



## důvody

Triplexy mohou způsobovat dosud neléčitelná onemocnění. Zkoumání sekvencí, na kterých mohou vznikat, může vést k nalezení léků či jiných způsobů prevence. Sekvenční algoritmy uvažující všechny známé informace o triplexech zkoumají genomy v řádech desítek minut. Každé zrychlení v této oblasti je velkým přínosem.



## DNA triplex

Triplexy jsou specifické formy DNA vznikající napojením třetího nukleotidového vlákna k dvoušroubovici pomocí Hoogsteenových vazeb.

Vznikají za specifických podmínek v buňkách a výrazným způsobem ovlivňují průběh základních, životně důležitých, biologických procesů.



## akcelerace

Tato práce urychluje vyhledávání více než 50× v porovnání se sekvenční verzí algoritmu spuštěného na nejnovějších CPU. Algoritmus uvažuje většinu známých vlastností DNA triplexů. **Analýzu lidského genomu je možné provést v řádech sekund.**

Michał Weiser, pod vedením:  
Ing. Tomáše Martínka, Ph.D.