

ANÁLISE, IMPLEMENTAÇÃO E OTIMIZAÇÃO DE ALGORITMOS DE ALINHAMENTO EM BIOSSEQUÊNCIAS (APOIO CNPq)

Aluno: Kelvyn Batista Morales

Orientador: Prof. Dr. Geraldo Francisco Donegá Zafalon

Curso: Ciência da Computação

Campus: São José do Rio Preto

O volume de dados genômicos produzidos tem aumentado consideravelmente nos últimos anos, especialmente com o advento dos sequenciadores automáticos. Dessa forma, a necessidade de se desenvolver formas automatizadas para analisar esses dados também tem se destacado, com uma atenção especial para os aspectos computacionais. Assim, algoritmos de alinhamento de sequências assumiram um papel preponderante para os profissionais que trabalham com esses dados. No entanto, a utilização de algoritmos de alinhamento de sequências eficientes, ou seja, que apresentem um bom desempenho em termos de tempo de computação, sem degradar a significância biológica dos resultados finais, é fundamental. No caso dos algoritmos determinísticos, por se basearem no conceito de programação dinâmica, estes se destacam por apresentarem um custo computacional elevado. Com isso, a utilização de uma abordagem baseada no uso de *threads* é uma boa escolha, visto que a adoção desse tipo de estratégia tem o intuito de oferecer um grau de paralelismo aos algoritmos que a acopla. Dessa forma, desenvolveu-se no presente trabalho uma implementação da construção da matriz de percurso reverso em alinhamento de sequências por meio do uso de *threads*. Esta implementação foi realizada tanto para o alinhamento de sequências global (*Needleman-Wunsch*) quanto para o local (*Smith-Watterman*), ambos algoritmos determinísticos, ou seja, ao final de sua execução. Com esta abordagem desenvolvida obteve-se um ganho de tempo da ordem de 95% quando comparada com a abordagem sequencial.