



ISSN: 2526-3250

## Otimização de software para análise filogenética ExaML utilizando arquitetura CUDA

Autor(es):

- Marcelo Gomes Martins
- Timoteo Alberto Peters Lange

Nível de Ensino: Ensino Superior

Área do Conhecimento: Pesquisa - Ciências Exatas e da Terra

Resumo:

Uma das técnicas para identificação de características e ancestrais comuns de organismos é a geração de um gráfico conhecido como árvore filogenética, entretanto sua criação necessita de muito processamento computacional. O principal problema computacional na construção de uma árvore filogenética está no grande número de possíveis topologias: número que cresce de forma exponencial a medida em que aumentam os números de espécies envolvidas no problema. Considerando a alta demanda por recursos computacionais, este trabalho apresenta uma alternativa para diminuição do tempo de processamento da aplicação Exascale Maximum Likelihood - ExaML (software para pesquisa de árvores filogenéticas por inferência baseada em máxima verossimilhança) utilizando a arquitetura CUDA. A arquitetura CUDA permite a execução de programas escritos em linguagem C utilizando o poder de processamento das placas de vídeos atuais, porém a utilização dessa tecnologia está condicionada a características de paralelização das funções da aplicação. Para tanto faz-se necessária a análise do código fonte aplicando critérios de profiling para definição dos pontos que podem receber a maior atenção no processo de paralelização, aumentando o desempenho da aplicação. Ao longo do trabalho, explora-se características do processamento de alto desempenho, bioinformática, tecnologias de OpenMPI, compiladores e clusters. Também espera-se demonstrar os principais aspectos envolvidos no processo de otimização de uma aplicação científica de alto desempenho.

Disponível em <https://moexp.osorio.ifrs.edu.br/uploads/anai/2017/Anais MoExp 2017.1254.pdf>

Anais da Mostra de Ensino, Extensão e Pesquisa do Campus Osório - MoExp.  
<https://moexp.osorio.ifrs.edu.br/anais>