

# PROGRAMA INTERUNIVERSITARIO DE DOCTORADO EN TECNOLOGÍAS DE LA INFORMACIÓN



MENCIÓN HACIA  
LA EXCELENCIA

## MASTER EN COMPUTACIÓN DE ALTAS PRESTACIONES

# CONFERENCIA

## Uso de HPC para Aceleración de Estudios de Asociación del Genoma

Jorge González Domínguez. Johannes Gutenberg Universität Mainz

**Lugar:** Aula Máster HPC. Edificio “Área Científica” (UDC).

**Data:** lunes, 27 de octubre de 2014

**Hora:** 18:00

La cantidad de datos con los que trabajan médicos, biólogos o farmacéuticos creció enormemente en los últimos años. Sin embargo, la ausencia de herramientas bioinformáticas capaces analizar tal cantidad de datos en un tiempo razonable puede llegar a ser un obstáculo a la hora de avanzar en nuevos descubrimientos científicos o terapias médicas. Por ello, recientemente se ha empezado a utilizar la Computación de Altas Prestaciones para acelerar dichos análisis.

Uno de los problemas bioinformáticos que más se pueden beneficiar de las arquitecturas paralelas son los "Estudios de Asociación del Genoma" (GWAS, por sus siglas en inglés). En ellos se realizan análisis estadísticos de la correlación que puede existir entre variaciones genéticas y ciertas enfermedades como el cáncer o el desorden bipolar. En esta charla se presentarán herramientas que, explotando la capacidad de cálculo de diferentes arquitecturas paralelas (GPUs, clusters, FPGAs), permiten acelerar dichos estudios. Todas estas herramientas fueron desarrolladas en una colaboración entre las universidades alemanas Johannes Gutenberg (Mainz) y Christian Albrechts (Kiel). Se presentarán, además, resultados experimentales con conjuntos de datos de distintos tamaños de forma que se compare la eficiencia de cada aproximación. Así, por ejemplo, el análisis que puede llevarse a cabo en menos de 6 horas usando 24 GPUs NVIDIA Titan, necesitaría más de un año si la ejecución fuese secuencial en una CPU de última generación.

