

RESUMO

NETO SEGUNDO, Edgar Jose Garcia *Hardware paralelo reconfigurável para identificação de alinhamentos de sequências de DNA*. 2012. 114f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Eletrônica) – Faculdade de Engenharia, Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2012.

Amostras de DNA são encontradas em fragmentos, obtidos em vestígios de uma cena de crime, ou coletados de amostras de cabelo ou sangue, para testes genéticos ou de paternidade. Para identificar se esse fragmento pertence ou não a uma sequência de DNA, é necessário compará-los com uma sequência determinada, que pode estar armazenada em um banco de dados para, por exemplo, apontar um suspeito. Para tal, é preciso uma ferramenta eficiente para realizar o alinhamento da sequência de DNA encontrada com a armazenada no banco de dados. O alinhamento de sequências de DNA, em inglês *DNA matching*, é o campo da bioinformática que tenta entender a relação entre as sequências genéticas e suas relações funcionais e parentais. Essa tarefa é frequentemente realizada através de *softwares* que varrem *clusters* de base de dados, demandando alto poder computacional, o que encarece o custo de um projeto de alinhamento de sequências de DNA. Esta dissertação apresenta uma arquitetura de *hardware* paralela, para o algoritmo BLAST, que permite o alinhamento de um par de sequências de DNA. O algoritmo BLAST é um método heurístico e atualmente é o mais rápido. A estratégia do BLAST é dividir as sequências originais em subsequências menores de tamanho w . Após realizar as comparações nessas pequenas subsequências, as etapas do BLAST analisam apenas as subsequências que forem idênticas. Com isso, o algoritmo diminui o número de testes e combinações necessárias para realizar o alinhamento. Para cada sequência idêntica há três etapas, a serem realizadas pelo algoritmo: sementeira, extensão e avaliação. A solução proposta se inspira nas características do algoritmo para implementar um *hardware* totalmente paralelo e com *pipeline* entre as etapas básicas do BLAST. A arquitetura de *hardware* proposta foi implementada em FPGA e os resultados obtidos mostram a comparação entre área ocupada, número de ciclos e máxima frequência de operação permitida, em função dos parâmetros de alinhamento. O resultado é uma arquitetura de *hardware* em lógica reconfigurável, escalável, eficiente e de baixo custo, capaz de alinhar pares de sequências utilizando o algoritmo BLAST.

Palavras-chave: Alinhamento de DNA. Bioinformática. Hardware. Arquiteturas Paralelas. Heurística.