



Technology for quality

SUPERCOMPUTACIÓN DE SOBREMESA

*Naudit High Performance
Computing and Networking*

Parque tecnológico de Madrid
Einstein, 13
28049 Madrid

info@naudit.es

Aceleración hardware de algoritmos en bioinformática

Descripción

Gran parte de las aplicaciones usadas en biología molecular realizan tareas basadas en la alineación de secuencias (*sequence alignment*), que consiste en la búsqueda de similitudes entre un par de secuencias (*pairwise sequence alignment*) o múltiples secuencias (*multiple sequence alignment*), sobre un gran volumen de datos. Realizar esta repetitiva tarea requiere de grandes ordenadores para obtener resultados en un tiempo razonable.

NAUDIT ofrece soluciones de *supercomputación de sobremesa* basadas en tarjetas gráficas de propósito general, GPUs. El uso de GPUs permite acelerar los algoritmos de alineación de secuencias (*Smith-Waterman*, por ejemplo), y por ende las aplicaciones que los emplean, obteniendo rendimientos superiores con un coste reducido.

GPUs

Las tarjetas gráficas actuales (como las que se usan en las consolas de videojuegos) tienen capacidad de ejecución paralela de miles de hilos, lo que permite la comparación en paralelo de miles de secuencias. Su coste es bajo, gracias a la economía de escala de su fabricación en masa para los usuarios domésticos. La posibilidad de instalar una o varias tarjetas en equipos estándar, permite disponer de una gran potencia de cálculo sin necesidad de acudir a equipos potentes o clusters de ordenadores.

Soluciones

NAUDIT provee diferentes soluciones que permiten aprovechar el potencial de las GPUs en el ámbito de la biología molecular: aceleración de algoritmos, librerías optimizadas, equipos a medida incluyendo hardware y software, etc. También ofrece la posibilidad de emplear equipos remotos, que la propia NAUDIT provee, con el consiguiente ahorro de equipamiento. En cualquier caso, se ofrece consultoría postventa.