

Auteurs

LIOTTIER Julien
MONTORIO Lucas

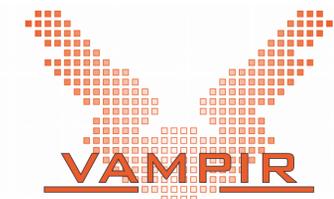
Encadrants

TRAHAY François
CORRE Guillaume

Partenaires



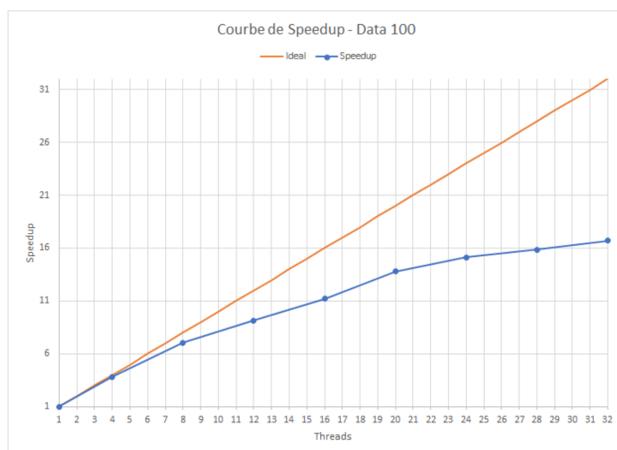
Technologies phares



Un outil de *pattern-matching* au service de la biologie

Bowtie2 et le Généthon

- Principe du *pattern-matching*: repérer des séquences génomiques dans un *génome de référence*
- Différentes étapes: création de séquences simulées, indexation du génome par *Bowtie2*, exécution
- **Notre objectif**: analyser l'améliorabilité de *Bowtie2* en termes de performances



Analyses temporelles

Courbes de *speedup* et *multithreading*

- Analyse des temps d'exécution et *speedups*, comparaison avec les courbes idéales
- De nombreuses variables: *taille des séquences*, *nombre de séquences*, *nombre de threads*
- Une analyse complète sur deux technologies de *multithreading*: *pthread* et *Intel TBB*

Analyses de performances

Profiling, *traces* et étude du code

- **Profiling** de *Bowtie2* à l'aide de différentes technologies (GPROF, Linux Perf) pour le repérage des fonctions inefficaces
- Inclusion de *Vampirtrace* à la compilation pour la création de traces d'exécution
- Analyse de la qualité des traces, filtrage pour localiser les ralentissements
- Analyse du code de *Bowtie2*, en particulier pour la gestion des **sections critiques** (passage de verrous)

