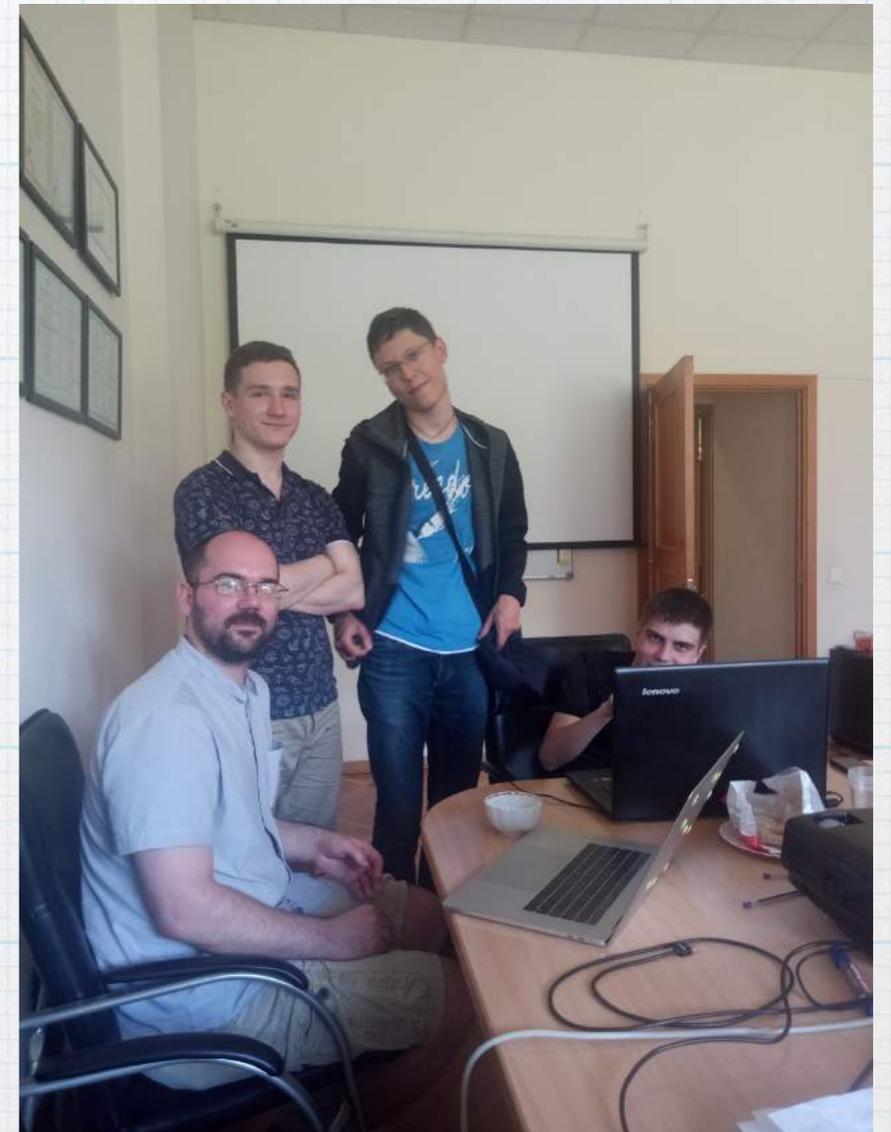


Перспективы развития альтернативных подходов к обработке данных в биоинформатике



Иван Короткий
vana0pub@gmail.com



SAINT PETERSBURG
STATE UNIVERSITY

MATHEMATICS AND MECHANICS
DEPARTMENT



Что будем в будущем с биоинформатикой?

* 10 лет?

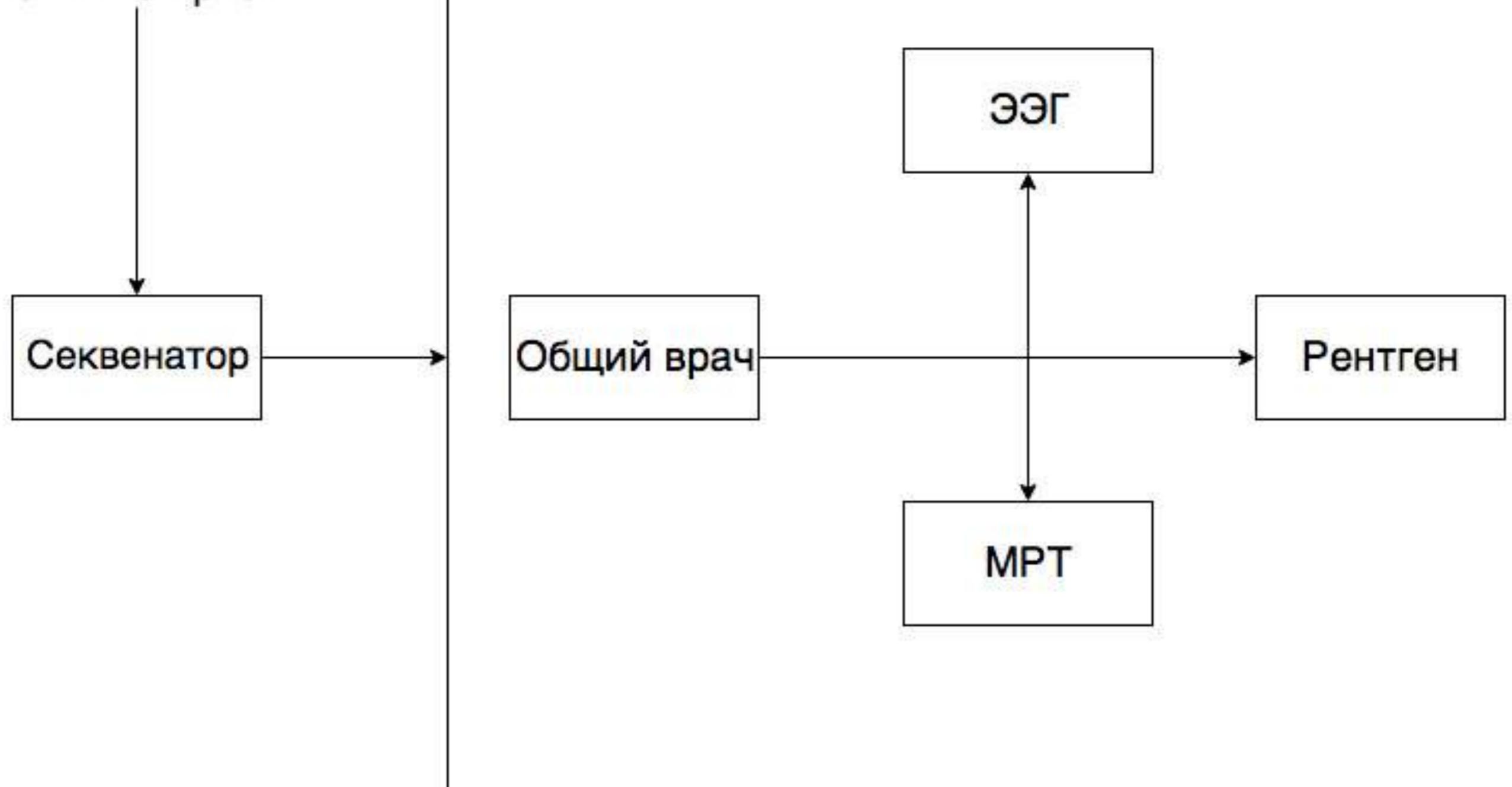
* 30 лет?

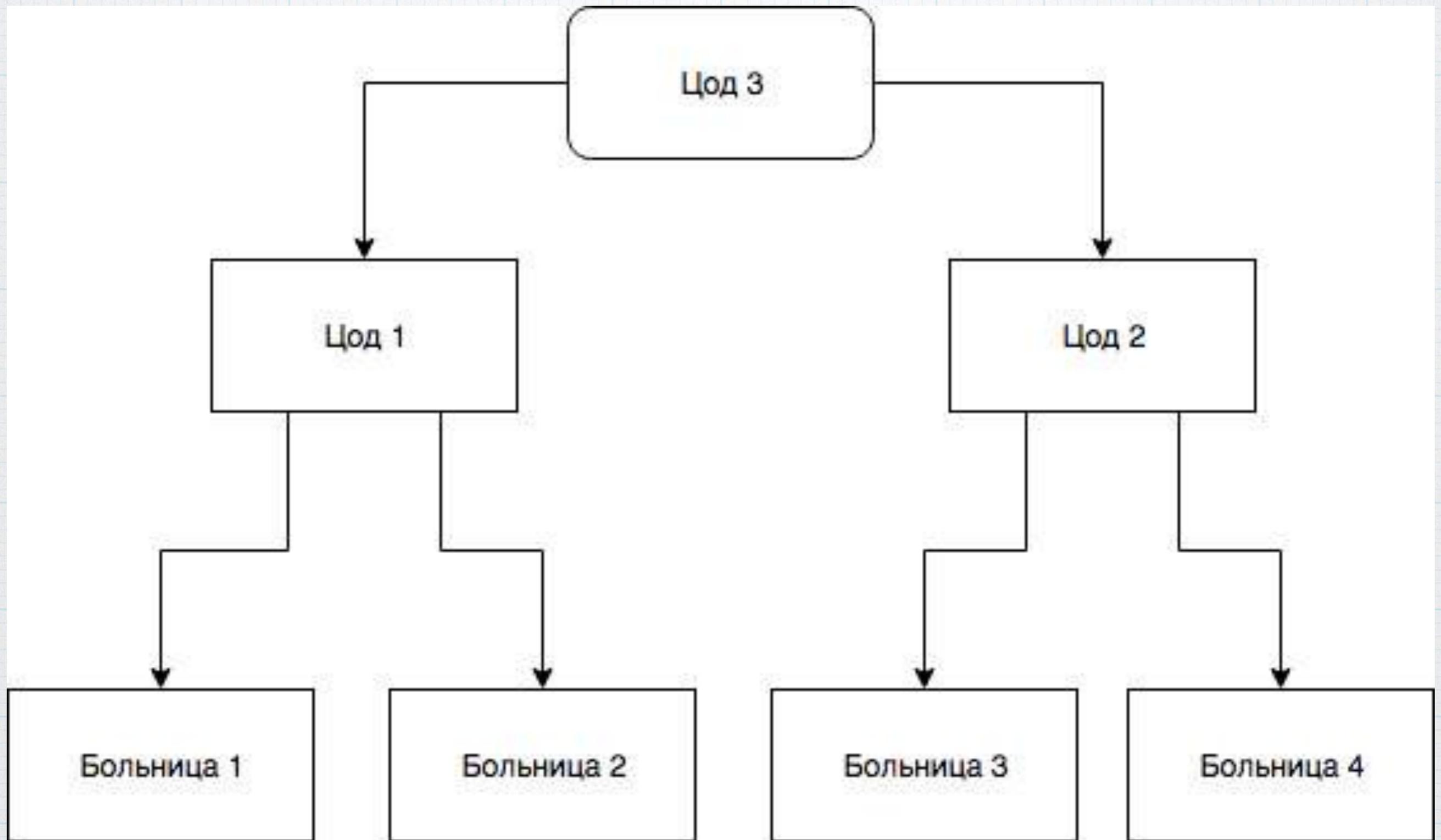
* 50 лет?

Обычная больница



Хотим на прием





Актуально просто изучить предметную область

- * Чтобы проверить оптимальность конфигурации надо провести эксперимент
- * Даже провести эксперимент - уже проблема и это не так тривиально
- * Опыт не дает гарантий, что будет эффективно
- * Лучший способ это сделать - изучать какую-то проблему вместе с основной работой.

Введение 1

- * Геном - последовательность нуклеотидов размером 3 Гб за одно его считывание
- * В каждом считывании есть ошибки
- * Вопрос о избыточности информации в геноме не решен т.е. им занимаюся до сих пор (см проект ENCODE)

Ведение 2

- * Формат BAM/SAM - стандарт, но при его разработке не задумывались о масштабировании
- * Есть региональные базы данных созданные группами стран (ENSEMBL, GENBANK, ENTREZ)
- * Основные задачи - выровнять строку на данные из этой базы. Это сложно из-за ошибок секвенатора
- * Алгоритмы есть, но ими очень часто не пользуются т.к. методы на основе математической статистики практичнее, хоть и менее точные



Наши направления работы

- * Декомпозиция BAM/SAM до состояния загрузки в реляционную БД
- * Протокол уровня одной больницы с которым можно экспериментировать
- * Загрузка в базу данных - очень медленная операция, скорость чтения из неоптимизированной базы эквивалентна с чтением из файлов

Наши направления работы

- * Полная замена файлов базами данных возможна, но это стоить памяти (!!на данный момент!!)
- * Однако замена перспективна из-за перехода на оптимизатор SQL запросов
- * Частичная замена методом выделения промежуточных таблиц с частичными характеристиками более интересна

Возможности, на которые стоим взглянуть

- * Применение кластерных решений в процессе обработки учитывая, что данные статичные
- * Интеграция с HDFS