

Algoritmos de alineación de ADN y su aceleración Hardware

Daniel Pacheco Bautista¹, Manuel González Pérez², Silvia Reyes Jiménez³, Jesús Arellano Pimentel⁴.

**1,2Universidad Popular Autónoma del Estado de Puebla
daniel.pacheco01@upaep.edu.mx, manuel.gonzález@upaep.mx**

**3,4 Universidad del Istmo
chivisza9@sandunga.edu.mx, jjap@sandunga.unistmo.edu.mx**

Resumen

En este artículo se presenta un estudio de los principales programas de alineación de lecturas cortas de ácido desoxirribonucleico (ADN), producidas por las máquinas de secuenciación masiva de última generación, también conocidas como máquinas de secuenciación NGS. Se identifica que los dos principales algoritmos que soportan a dichos programas son las tablas Hash y los índices de FM, estas últimas basadas en la transformada de Burrows- Wheeler. Cada algoritmo es revisado minuciosamente, contrastando sus ventajas y desventajas. Finalmente se establecen directivas para la aceleración de los algoritmos mediante hardware especializado.

Palabras clave: ADN, Secuenciación, Mapeo, Alineación, FPGA.