

Host Ergebnis

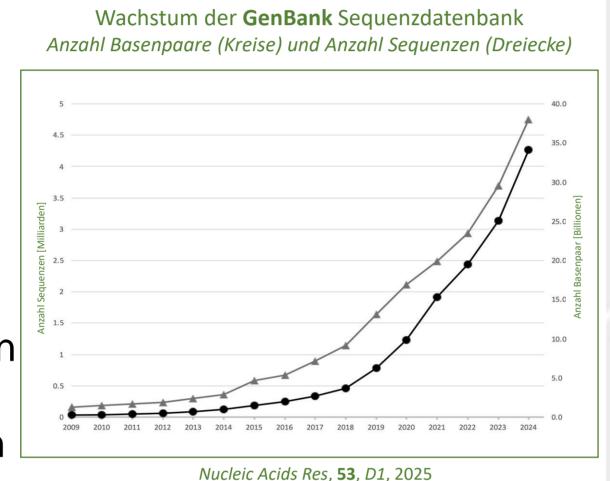
Energieeffiziente Analyse hochvolumiger Sequenzdaten mit rekonfigurierbaren Architekturen

SeqAn@FPGA - Energieoptimierte Genomsequenzierungsbibliothek für energieeffiziente programmierbare Mikroelektronik in Rechenzentren

Projektinformation

Motivation:

- exponentielles Datenwachstum durch Next-Gen Sequencing
- künftig wachsende Bedarfe mit personalisierter Medizin
- CO₂-Einsparung im Hochdurchsatzrechnen



Ziel des Vorhabens

 Implementierung von Schlüsselfunktionen der SegAn Software-Bibliothek für Analysen genomischer Sequenzen auf nutzerprogrammierbaren integrierten Schaltkreisen (Field Programmable Gate Array)

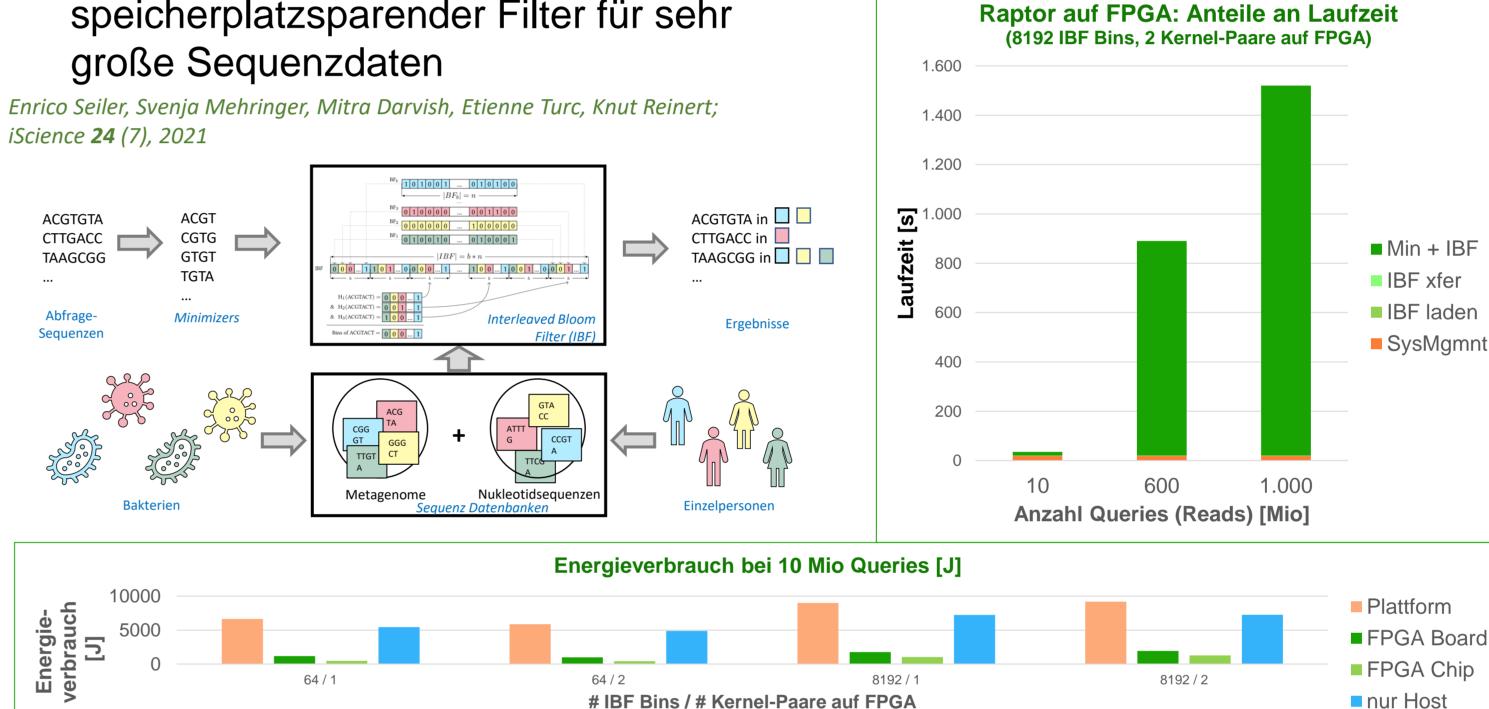
Technologie & Anwendungsfelder

- Zielplattformen: Rekonfigurierbare Architekturen mit Field-Programmable Gate Arrays (FPGA)
- Hochdurchsatzanalyse biologischer Sequenzdaten
- Workflows für personalisierte Medizin
- SeqAn für Patientenversorgung & Forschung

Ergebnisse und Erkenntnisse

Raptor mit IBF auf FPGA

Raptor: ein schneller und speicherplatzsparender Filter für sehr große Sequenzdaten



Host Queries

IBF Bins / # Kernel-Paare auf FPGA **IBF** Energiereduktion Energiereduktion **Kernel auf Device: Server Plattform:** Bins FPGA- vs. nur-CPU-Plattform FPGA vs. CPU 64 7,7 x6,2 x5,3 x8192 2,4 x

FPGA: Intel Agilex 7 auf BittWare IA-840 CPU: 2x AMD EPYC 9654 (Genoa) auf Lenovo ThinkSystem SD665 V3

Mapping

Innovation & Ausblick

- hohes Energieeinsparpotenzial mit FPGA
- SYCL-Implementierung in SeqAn erlaubt transparenten Zugriff auf FPGAs
- SegAn ermöglicht sehr hohe Breitenwirksamkeit
- Herausforderung HLS-Ökosystem
- alternative Datenfluss-Architekturen



Energieverbrauch

vom Host typisch

→ Host-less

Infrastrukturen

80%!

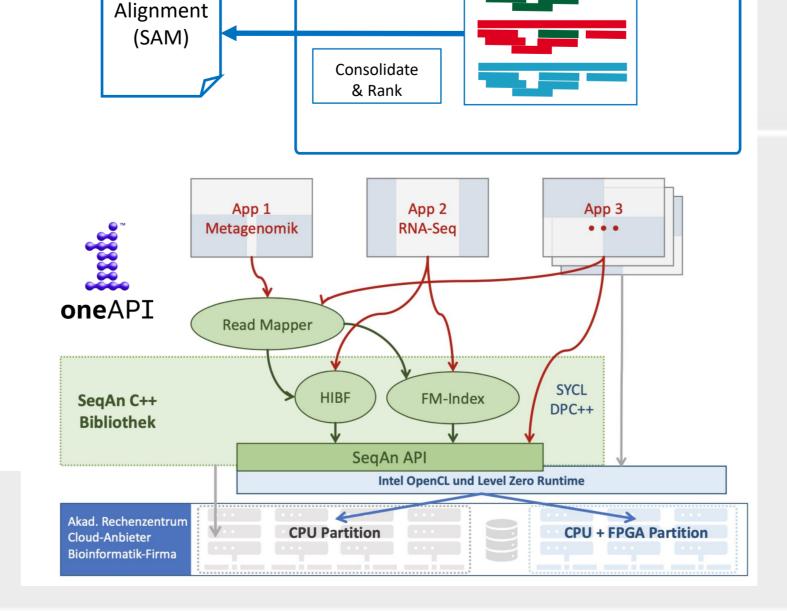
Kontakt

- Prof. Dr. Knut Reinert Freie Universität Berlin Knut.Reinert@fu-berlin.de
- **Dr. Thomas Steinke** Zuse-Institut Berlin steinke@zib.de

Projektziele und Methodik

- signifikante Energiereduktion für Analysen von Genomsequenzen
- Demonstrator: Read Mapper mit DREAM-Index
- Implementierung der Datenstrukturen Hierarchical Interleaved Bloom Filter (HIBF) und FM-Index aus SegAn auf FPGA
- Nutzung der Vorteile von FPGAs:
 - Algorithmus definiert Hardware-Design
 - optimale Repräsentation von Sequenzdaten (z.B. DNA mit 4 Bit je Element)
 - o effiziente Bit-/String-Operationen
- Nutzung des High-Level Synthesis (HLS) Ansatzes für Produktivität ("Programmierung" eines FPGA) → Implementierungen mit SYCL (Intel oneAPI)
- FPGA-Entwicklungsplattform: BittWare IA-840f mit Intel Agilex 7 FPGA





DREAM-Index

Abfrage-Sequenzen



Knut Reinert, Enrico Seiler (FUB) Tobias Baumann, Mahnoor Maghroori, Thomas Steinke (ZIB) Christian Färber (Intel / Altera)



ntel altera



Gefördert durch: