



Themenvorschlag für eine Projektarbeit im Studiengang Medieninformatik

Visualisierung von Berechnungen im Public Resource Computing System „BOINC“

Zielstellung:

Für die Berechnung von Sequenzanalysen im BOINC-Netzwerk soll eine Grafik-Komponente implementiert werden, mit der der Fortschritt der Berechnungen durch den Anwender verfolgt werden kann. Die dargestellten Informationen sollen für Laien erfassbar und verständlich sein.

Einführung und Beschreibung:

Die "Berkeley Open Infrastructure for Network Computing" BOINC bietet eine Software-Plattform für Public Resource Computing und wurde aus dem bekannten und erfolgreichen Projekt "[SETI@Home](#)" heraus entwickelt. Heute gibt es ca. 20 verschiedene BOINC-Projekte in denen Tausende Freiwillige die Rechenleistung Ihrer PCs für die Berechnung von Klimaänderungen, Proteinfaltungen, Suche nach Pulsaren oder andere rechenintensive Aufgaben zur Verfügung stellen.

Der Lehrstuhl f. Genomorientierte Bioinformatik der TU München und das GSF-Institut f. Bioinformatik betreiben das BOINC-Projekt „SIMAP“, in dem alle bekannten Proteinsequenzen analysiert werden. Bislang wurden die Ähnlichkeiten aller Proteine untereinander berechnet, um evolutionär verwandte Gruppen dieser Biomoleküle zu finden. Künftig werden zusätzlich zur ständigen Aktualisierung dieses Ähnlichkeitsnetzwerkes auch Signaturen in Proteinsequenzen gesucht, die für bestimmte Funktionalitäten typisch sind. SIMAP erhält momentan über 3.4 TFLOPS Rechenleistung durch BOINC – dies ist weit mehr als durch lokale Ressourcen von TUM, LMU und LRZ bereitzustellen wäre.

Zur weiteren Popularisierung von SIMAP bei BOINC-Teilnehmern ist es erforderlich eine Grafikkomponente zu entwickeln. Ursprünglich als Bildschirmschoner konzipiert, informiert die BOINC-Grafik heute die interessierten Anwender über den Fortgang der Berechnungen und erhöht darüber die Bindung der Teilnehmer an ein Projekt. Die Besonderheit dieses Grafikmodules besteht in der nicht erforderlichen Interaktivität und in der Anbindung an den im Hintergrund laufenden compute-client, dessen Berechnungsfortschritt oder laufende tasks visualisiert werden. Im Rahmen dieses Projektes soll eine BOINC-Grafikkomponente zur Visualisierung von Sequenzanalysen konzipiert und entwickelt werden. Die Bearbeitung dieser Aufgabe wird in enger Zusammenarbeit mit dem BOINC-SIMAP-Projektteam und den Entwicklern unserer compute-clients erfolgen.

Voraussetzungen:

Für die Bearbeitung dieses Projektes sind gute Kenntnisse in C++ sowie Konzeption und Realisierung von Computergrafiken erforderlich.

Kontakt:

Dr. Thomas Rattei
Technische Universität München
Genome oriented Bioinformatics
Am Forum 1
85354 Freising
e-Mail t.rattei@wzw.tum.de