

## Certificado Digital de Registro de Programa De Computador

A Coordenadoria de Transferência e Inovação Tecnológica da Universidade Federal de Minas Gerais expede o presente certificado de registro de programa de computador, válido por 50 anos a partir de 1º de janeiro subsequente à data de sua criação, em conformidade com o §2º, art. 2º da Lei 9.609, de 19 de fevereiro de 1998.

**Número de Registro:** PC202600296

**Titular(es):** Universidade Federal de Minas Gerais – UFMG, Universidade Federal de Pernambuco – UFPE, Universidade de Pernambuco – UPE

**Identificação:** NPC 44/2025

**Data de Criação:** 25/10/2025

**Título:** decryptAMP: A Bioinformatics Tool For The Identification And Prediction Of Encrypted Antimicrobial Peptides (ecAMPs) From Proteome Data

**Descrição:** O decryptAMP é uma aplicação desenvolvida para a prospecção de peptídeos antimicrobianos encriptados (ecAMPs): sequências com potencial bioativo que permanecem latentes dentro de proteínas precursoras maiores. A ferramenta automatiza um fluxo de trabalho ponta-a-ponta, que se inicia com a digestão in silico de proteomas completos. Nesse processo, o sistema utiliza Padrões de Expressão Regulares (Regex) para simular a clivagem de proteínas por diferentes enzimas (tripsina, quimotripsina e caspase), mimetizando seus sítios de clivagem específicos com a finalidade de gerar múltiplos fragmentos peptídicos. Na etapa seguinte, o programa calcula um conjunto de descritores físico-químicos para cada peptídeo gerado a partir da digestão enzimática in silico. O decryptAMP conta com um modelo próprio de aprendizado de máquina pré-treinado, baseado no algoritmo Random Forest, que analisa essas propriedades físico-químicos extraída anteriormente, para predizer e atribuir uma pontuação a cada fragmento, indicando sua probabilidade de ser um potencial ecAMP. Projetado para alto desempenho através de modularização, orquestração e processamento de dados em paralelo, o decryptAMP analisa de forma eficiente vastos conjuntos de dados, entregando como resultado final uma lista organizada e ranqueada dos candidatos mais promissores, priorizando-os para subseqüentes análises.

**Autor(es):** Madson Allan de Luna Aragão, Rafael Lucas da Silva, João Pacifico Bezerra Neto, Denys Ewerton da Silva Santos, Ana Maria Benko Iseppon

**Tecnologias utilizadas:** Python

**Campo de aplicação:** CO02-Ciência; BL01-Biologia; BL02-Genética; BL07-Bioquímica

**Tipo de programa:** AP01-Aplicativo; IA01-Intlg Artf; TC01-Aplc Tcn Ct; TC03-Recnh Padr

**Licenças Acessadas:** PSFL License, BSD-3-Clause License, MPL-2.0, MIT License, Biopython License Agreement,

**Expedido em:** 24/03/2026 13:03:15 (BRT - horário de Brasília)

**Algoritmo HASH:** SHA256

**Resumo digital HASH (Código Fonte):** d95851779f8dc721ab54fc2c2d3e209e017e846c273c79d8638675e01bc1886a

**Resumo digital HASH (Carimbo Do Tempo):**

8EE3D5294D90E5F64F0FAEBB735903C908845AF9E2698A92321E29C1CDE2F4A1

**Aprovado por:**

Prof. Rudolf Huebner

Diretor da Coordenadoria de Transferência e Inovação Tecnológica  
PORTARIA/UFMG/Reitoria/Gabinete N° 2.577, de 19 de março de 2026