



Gabriela Elisa Kochhann

Willian Andrei Eisermann

CONDIÇÕES DE PARTIDA DE UM BIODIGESTOR ANAERÓBICO

Horizontina - RS

2018

Gabriela Elisa Kochhann

Willian Andrei Eisermann

CONDIÇÕES DE PARTIDA DE UM BIODIGESTOR ANAERÓBICO

Trabalho Final de Curso apresentado como requisito parcial para a obtenção do título de bacharel em Engenharia Mecânica na Faculdade Horizontina, sob a orientação do Prof. Adalberto Lovato, Me.

Horizontina - RS

2018

**FAHOR - FACULDADE HORIZONTALINA
CURSO DE ENGENHARIA MECÂNICA**

A Comissão Examinadora, abaixo assinada, aprova o trabalho final de curso

“CONDIÇÕES DE PARTIDA DE UM BIODIGESTOR ANAERÓBICO”

Elaborado por:

Gabriela Elisa Kochhann

Willian Andrei Eisermann

Como requisito parcial para a obtenção do grau de Bacharel em
Engenharia Mecânica

Aprovado em: 05/12/2018

Pela Comissão Examinadora



Me. Adalberto Lovato

Presidente da Comissão Examinadora - Orientador



Me. Darciane Eliete Kerkhoff

FAHOR – Faculdade Horizontalina



Me. Claudia Verdum Viegas

FAHOR – Faculdade Horizontalina

Horizontalina - RS

2018

DEDICATÓRIA

As nossas famílias, aos mestres, aos amigos e colegas, e a todos que de alguma forma demonstraram seu apoio e incentivo durante toda caminhada acadêmica. Toda forma de contribuição foi muito importante para concluirmos com sucesso mais essa etapa da vida, nossa eterna gratidão a todos.

AGRADECIMENTO

Agradecemos primeiramente a Deus pelo dom da vida, nos fortalecendo cada dia durante essa jornada acadêmica até a conquista do nosso objetivo maior.

Agradecer também aos nossos familiares, colegas e amigos que sempre estiveram por perto nos incentivando, apoiando e desejando tudo de melhor para que chegássemos até aqui.

Aos nossos mestres, também queremos prestar nosso agradecimento, pois não mediram esforços para passar todo o conhecimento, mostrando que a prática do estudo nos fortalece e nos faz melhores a cada dia.

O nosso agradecimento especial também queremos estender ao nosso orientador Adalberto Lovato que sempre se mostrou disposto a discutir e esclarecer as nossas dúvidas, prestativo e pronto para qualquer atividade. Obrigado por toda a contribuição dada ao nosso trabalho.

Enfim, a todos que de alguma forma contribuíram e torceram por nós, queremos deixar aqui nosso sincero agradecimento.

“Os cientistas estudam o mundo como ele é; os engenheiros criam um mundo como ele nunca existiu”.

(Theodore von Karman)

RESUMO

Resíduos urbanos são um problema ambiental crescente. Historicamente sua destinação tem evoluído de antigos lixões para aterros sanitários. Porém uma destinação melhor pode ser obtida pelo seu reaproveitamento. Uma alternativa é a utilização de biodigestores que num processo envolvendo as complexidades químicas e microbiológicas é capaz de transformar os resíduos orgânicos em biogás combustível e em fertilizantes. O presente trabalho trata exclusivamente dos resíduos urbanos orgânicos. O objetivo foi explorar as condições de partida de um biodigestor com essa finalidade. Um biodigestor laboratorial de 1 m³ foi construído e um primeiro triturador para condicionamento do substrato. Com lixo de restaurantes e supermercados misturado a dejetos suínos foi dado a partida objetivando medir seu rendimento e considerando as variações de pH e de temperatura ambiente. Constatou-se a influência significativa de ambas as variáveis o que ressalta a importância de seu controle. As variações diárias de temperatura ambiente inibem a formação acelerada das colônias de bactérias e arqueas e as variações de pH de frutas, verduras e legumes podem interromper totalmente a operação de um biodigestor.

Palavras-chave: Engenharia Mecânica. Meio ambiente. Energia. Biogás. Resíduo urbano.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1: Exemplo de um processo de produção de biogás mais complexo.....	21
Figura 2: Bioquímica da produção de gás metano	23
Figura 3: Formação de monômeros	25
Figura 4: Degradação de piruvato	29
Figura 5: Degradação do ácido acético pela via do ácido butírico	30
Figura 6: “Transferência de Hidrogênio Interespecífica”, como por exemplo em uma cultura de <i>Methanobacterium omelanskii</i>	34
Figura 7: Formação de metano a partir de acetato 8 (esquerda) e de dióxido de carbono (direita) (CoA = Coenzima A, CoM = Coenzima M).....	36
Figura 8: Domínio Archea	38
Figura 9: Biodigestor anaeróbico laboratorial	50
Figura 10: Modelo de triturador desenvolvido	51
Figura 11: Modelo de bomba utilizada	51
Figura 12: Tanque de digestão.....	52
Figura 13: Balão de geomembrana têxtil.....	53
Figura 14: Medidor de gás.....	53
Figura 15: Fita de análise de pH	54
Figura 16: Bombonas contendo dejetos suíno para primeira partida	55
Figura 17: Dejetos suíno sendo descarregados para o biodigestor	56
Figura 18: Teste de pH da mistura de tomate e laranja	57
Figura 19: Testes do pH dos dejetos suíno da segunda partida	59
Figura 20: Bombonas contendo dejetos suíno para segunda partida	60
Gráfico 1: Temperatura, vazão e valor do pH registrados de 20 de setembro à 01 de outubro de 2018	58
Gráfico 2: Temperatura, vazão e valor do pH registrados de 11 de outubro à 03 de novembro de 2018	61

LISTA DE QUADROS

Quadro 1: Visão geral dos diferentes processos de produção de biogás	20
Quadro 2: Faixas de temperatura para a produção de metano.....	23
Quadro 3: Bactérias que participam no processo de fermentação em todas as quatro fases.....	24
Quadro 4: Bactérias da fase Hidrólise.....	27
Quadro 5: Bactérias que participam no processo de fermentação na fase Hidrólise.	31
Quadro 6: Espécies de <i>Clostridium</i>	32
Quadro 7: Espécies de <i>Ruminococcus</i>	32
Quadro 8: Bactérias Acidogênicas.....	33
Quadro 9: Espécies de bactérias Acetogênicas.....	35
Quadro 10: Bactérias Acetogênicas.....	35
Quadro 11: Bactérias e arqueas Metanogênicas.....	38
Quadro 12: Exigências dos microrganismos.....	40
Quadro 13: Parâmetros operacionais de biodigestores.....	40
Quadro 14: Estágio térmico e tempo de retenção.....	43
Quadro 15: Inibidores e concentração de inibição em processos de digestão anaeróbica.....	45

LISTA DE TABELAS

Tabela 1: Proporção de nitrogênio e relação C/N de alguns substratos	44
Tabela 2: Temperatura, vazão e valor do pH registrados de 20 de setembro à 01 de outubro de 2018	58
Tabela 3: Temperatura, vazão e valor do pH registrados de 11 de outubro à 03 de novembro de 2018	61

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	13
1.1 TEMA	15
1.2 DELIMITAÇÃO DO TEMA.....	15
1.3 PROBLEMA DE PESQUISA	15
1.4 HIPÓTESES.....	16
1.5 JUSTIFICATIVA	16
1.6 OBJETIVOS	18
1.6.1 Objetivo Geral	18
1.6.2 Objetivos Específicos	18
2 REVISÃO DA LITERATURA	19
2.1 BIOGÁS COMO UMA FONTE DE ENERGIA	19
2.2 BIODIGESTORES ANAERÓBICOS	21
2.3 BIOREAÇÕES.....	22
2.3.1 Hidrólise	25
2.3.2 Acidogênese.....	28
2.3.3 Acetogênese	33
2.3.4 Metanogênese.....	36
2.4 PARÂMETROS DO PROCESSO.....	39
2.4.1 Valor do pH	41
2.4.2 Temperatura do substrato	42
2.4.3 Tempo de retenção	43
2.4.4 Razão Carbono Nitrogênio (C/N)	44
2.4.5 Inibidores.....	45
2.4.6 Agitação	46
2.4.7 Alimentação do biodigestor	46
3 METODOLOGIA	47
3.1 MÉTODOS E TÉCNICAS UTILIZADOS.....	48
3.2 MATERIAIS E EQUIPAMENTOS.....	49
4 APRESENTAÇÃO E ANÁLISE DOS RESULTADOS	54
4.1 PRIMEIRA PARTIDA	54

4.2 SEGUNDA PARTIDA	59
CONCLUSÃO	63
REFERÊNCIAS.....	65
APÊNDICE A – DESENHO DO TRITURADOR DESENVOLVIDO	67
ANEXO A – ESPÉCIES METANOGÊNICAS	73
ANEXO B - MICRORGANISMOS IDENTIFICADOS NA TESE DE FAUZI DE MORAIS SHUBEITA.....	82
ANEXO C - PH DOS ALIMENTOS	95

1 INTRODUÇÃO

Diante das atuais tendências de crescimento populacional, aquecimento global, efeito estufa e poluição do meio ambiente, tanto a sociedade quanto o mercado têm buscado adotar cada vez mais as práticas sustentáveis. Nesse contexto surgiu o conceito de economia circular, que visa a utilização total de um material, produto ou componente, tirando o máximo de proveito do mesmo, reduzindo assim as agressões ao meio ambiente.

Uma forma de minimizar os impactos ambientais é fazer o uso de energias renováveis. O aproveitamento do lixo para a geração de energia é uma fonte renovável que além de contribuir para a substituição de combustíveis fósseis, também modifica o modo de descarte, diminuindo os impactos causados por resíduos.

Grande parte dos resíduos sólidos descartados podem ser reutilizados como é o caso dos metais; outros podem ser queimados, como os papéis e plásticos; e a outra parte pode ser utilizada para gerar energia.

Já os resíduos orgânicos podem ser utilizados para gerar biogás. Com o aumento dos combustíveis fósseis seria um desperdício deixar de aproveitar o biogás como fonte de energia. Mas para isso é necessário aumentar o conhecimento de como tratar e condicionar esse substrato para que a obtenção do biogás seja estável e economicamente viável.

Atualmente a maior parte dos biodigestores em funcionamento é alimentado por substratos específicos de composição bem definida como é o caso dos resíduos de atividades de agropecuária. Os resíduos orgânicos urbanos têm características com muitas variações tornando a operação de biodigestores mais complexa.

A grande variação de temperatura entre as regiões do Brasil pode ser um parâmetro decisivo para o funcionamento do biodigestor. A variação, de certo modo, impede o bom funcionamento, pois as bactérias responsáveis pela decomposição da matéria orgânica trabalham a temperaturas bem definidas e estáveis. Como na região sul do Brasil facilmente são encontradas temperaturas que podem ser adequadas aos organismos psicrófilos, não se sabe o real comportamento desses,

pois, a maioria das pesquisas são baseadas nas bactérias mesofílicas. Para tanto, se trata de um assunto novo, sob o ponto de vista de pesquisa.

Resíduos urbanos de composição muito variável também apresentam variações de pH ao entrarem no biodigestor. Frutas, verduras e legumes apresentam uma variabilidade significativa que pode alterar o comportamento e a reprodução dos microrganismos no biodigestor.

Os estudos sobre fontes renováveis de energia estão tendo cada vez mais ênfase nos últimos anos. Os países que mais desenvolveram e aprimoraram sua fonte energética a partir do biodigestor nos últimos tempos estão com projetos que permitem até desativar fontes não renováveis utilizadas hoje. Por esse assunto trazer reconhecimento às pesquisas mais avançadas faz com que outros países se interessem nessa nova solução para sanar os mesmos problemas enfrentados.

Com base nos registros existentes, as primeiras referências de biogás são de meados do século XVII, quando identificaram uma substância química até então desconhecida, proveniente da decomposição de matéria orgânica. Mas somente após alguns anos passaram a produzir e a utilizar o biogás, sendo destinado a um hospital localizado na Índia (DEUBLEIN e STEINHAUSER, 2008). Depois de algumas iniciativas o biogás passou a ser relegado, recorrendo-se então à outras fontes de energia, como o carvão e o petróleo, tidas como infinitas naquela época.

No Brasil a primeira menção sobre o uso de biogás se encontra no decreto 87.079 de 2 de abril de 1982 que estabeleceu o programa de mobilização energética que inclui entre as fontes substitutivas do petróleo “uso de resíduos para produção de biogás”. Era considerado uma segunda prioridade (BRASIL, 1982).

As pesquisas que são apresentadas no trabalho foram realizadas na região noroeste do estado do Rio Grande do Sul, que apresenta alta taxa de variação de temperatura. Em contrapartida, a região, por ser voltada a criação de suínos e produção leiteira, apresenta matéria prima suficiente para a implantação de biodigestores rurais. Da mesma forma os resíduos urbanos devem ser considerados para tratamento em biodigestores.

O presente trabalho é uma análise focada nas variáveis de funcionamento de um biodigestor anaeróbio, com organismos psicrófilos trabalhando a temperatura

ambiente, tendo como objetivo explorar as condições de partida de um biodigestor de resíduos orgânicos urbanos.

O trabalho está distribuído da seguinte forma, no primeiro capítulo são apresentados o tema e sua delimitação, o problema de pesquisa, as hipóteses, justificativa e o objetivo geral e os específicos. No segundo capítulo é apresentado uma revisão bibliográfica sobre o assunto em estudo, no terceiro a metodologia, os métodos e técnicas utilizadas e os materiais e equipamentos. No quarto capítulo é apresentado a análise dos resultados e por fim a conclusão.

1.1 TEMA

Estudo de partida de um biodigestor anaeróbico de leite fluidizado para tratamento de resíduos orgânicos urbanos.

1.2 DELIMITAÇÃO DO TEMA

O tema deste trabalho delimita-se na observação e coleta de dados do início de operação de um biodigestor para tratamento de resíduos orgânicos domésticos e urbanos, destinado a geração de biogás e fertilizante, realizado no período de agosto a novembro de 2018, instalado na Faculdade Horizontina, localizado em Horizontina, Rio Grande do Sul.

1.3 PROBLEMA DE PESQUISA

A variação de temperatura interfere no trabalho desempenhado por bactérias e arqueas, que por sua vez está diretamente relacionado com o rendimento do biodigestor. Os resíduos orgânicos gerados pela sociedade que hoje são indevidamente destinados, possibilitam a criação de fungos e bactérias que podem ter função importante, quando tratados de maneira correta, em sua decomposição controlada para a geração de biogás e fertilizante.

O biodigestor apresenta uma grande variedade de microrganismos presentes em suas várias faixas de temperatura, e estas por sua vez realizam sua função de acordo com as condições que lhes são fornecidas. Como os microrganismos são muito sensíveis às variações do substrato, alguns parâmetros e preparação do lixo orgânico devem ser seguidos para não alterar a digestão das bactérias.

Considerando as informações acima, o biodigestor opera com qualquer condição de lixo orgânico?

1.4 HIPÓTESES

Nas hipóteses a seguir procura-se responder ao problema da pesquisa.

O pH do resíduo orgânico urbano influencia na operação do biodigestor.

A temperatura ambiente influencia na produção do biodigestor.

A composição do resíduo orgânico urbano influencia na produção do biodigestor.

1.5 JUSTIFICATIVA

O lixo sólido orgânico, pela grande quantidade que é gerado, hoje é um problema pela acumulação. O descarte inadequado em um “lixão”, por exemplo, pode gerar bactérias e gases que são prejudiciais às pessoas e ao meio ambiente, além de ser desperdiçado. Portanto, sob o ponto de vista social, a correta destinação do lixo se faz colocando-o à disposição para geração de novos materiais, como por exemplo fertilizantes e energia (biogás).

Sabendo do retorno que o biogás e o fertilizante podem oferecer à população, o melhor rendimento do biodigestor agiliza o processo de decomposição dos resíduos e aumenta a “recompensa”, a população sentir-se-á motivada a separar de maneira correta o lixo, educação essa que melhora a saúde das pessoas e gera organização no processo de separação dos resíduos.

A economia circular faz com que a população pense no reaproveitamento quase por completo de um produto. Considerando que o biodigestor seja alimentado somente com sobras, descartes e restos, o gás carbônico e o fertilizante serão gerados a partir do último aproveitamento possível dos produtos.

Quando os resíduos orgânicos são descartados em locais inadequados, além de gerar metano que é mais prejudicial a camada de ozônio do que o gás carbônico, podem ser desenvolvidos e proliferados microrganismos patogênicos. Com a destinação correta, em um biodigestor, todos os gases dos rejeitos são controlados e são utilizados de maneira correta.

A maneira como os resíduos orgânicos urbanos são disponibilizados e a forma de alimentação de um biodigestor pode impactar no seu funcionamento. A variação de temperatura, a acidez, entre outros parâmetros podem interferir no desenvolvimento das bactérias para o início da produção de biogás. Alguns materiais acabam afetando o bom desempenho dos microrganismos.

Sabe-se bem dos grandes avanços que os biodigestores alcançaram nos últimos tempos, porém na maioria dos casos com alimentação de pouca variabilidade e bem definida. Mas, quando se fala em tratamento de lixo orgânico urbano, pouco se apresenta como deve ser tratada a matéria prima antes da mesma ir para o biodigestor.

Comenta-se muito em parâmetros quando o biodigestor está em funcionamento, como por exemplo, Raja e Wazir (2017), em seu trabalho "Biogas Production: The Fundamental Processes", relata os processos do equipamento em funcionamento. Stroot et al. (2001), em sua publicação "Anaerobic Codigestion of Municipal Solid Waste and Biosolids Under Various Mixing Conditions - I. Digester Performance", descreve o rendimento do biodigestor. Já Macias-Corral et al. (2008), em seu artigo "Anaerobic Digestion of Municipal Solid Waste and Agricultural Waste and the Effect of Co-digestion with Dairy Cow Manure", comenta da mistura dos resíduos orgânicos urbanos com resíduos agrícolas.

A relação de trabalhos pesquisados apresenta, quando muito, algumas formas de aumentar o rendimento do biodigestor, ou os parâmetros que um equipamento apresenta em funcionamento. Não se encontra teses que comentam

ou descrevem como iniciar a produção de biogás com lixo orgânico por meio de um biodigestor anaeróbico.

Com esse trabalho procura-se corroborar que as bactérias e arqueas requerem um ambiente propício para o seu desenvolvimento, controlando os parâmetros da alimentação fornecida para que possam produzir biogás e fertilizante de maneira satisfatória.

1.6 OBJETIVOS

1.6.1 Objetivo Geral

Considerando que bactérias e arqueas exercem sua função de maneira satisfatória dentro de um biodigestor quando se encontram na zona de conforto térmico, com o substrato em conformidade e parâmetros balanceados, o principal objetivo deste trabalho é explorar as condições de partida de um biodigestor de resíduos orgânicos urbanos.

1.6.2 Objetivos Específicos

Os objetivos específicos para atingir o objetivo principal são os seguintes:

- a) Desenvolver um triturador para a preparação do resíduo orgânico urbano;
- b) Realizar a primeira seleção do substrato;
- c) Analisar a interferência do pH na digestão dos microrganismos;
- d) Analisar a interferência da temperatura na produção de biogás;
- e) Realizar levantamento dos parâmetros para funcionamento do biodigestor;
- f) Analisar os resultados.

2 REVISÃO DA LITERATURA

2.1 BIOGÁS COMO UMA FONTE DE ENERGIA

A energia é importante para o desenvolvimento do mercado global, porém atender a essa crescente demanda energética de maneira segura e ambientalmente responsável é um desafio. Atualmente a grande dúvida está em como garantir a energia para dar continuidade ao crescimento e desenvolvimento, sem impactar o meio ambiente, uma vez que o fornecimento global de energia é dependente de fontes fósseis, como petróleo, carvão e gás natural, sendo esses recursos não renováveis, cujas reservas estão se esgotando mais rapidamente que a formação de novas (SEADI, 2008).

Nesse contexto podemos citar o biogás, que é uma fonte renovável, como um recurso energético capaz de suprir às atuais e futuras demandas, além de contribuir com a diminuição do aquecimento global, reduzindo a emissão de gases de efeito estufa (BLEY JR., 2015). A biodigestão é uma alternativa viável para diminuir o volume de resíduos orgânicos descartados em lixões, que estão se aproximando cada vez mais dos centros urbanos, gerando chorume e gases prejudiciais à camada de ozônio.

Segundo Deublein e Steinhauser (2008), o biogás é um composto gasoso, constituído basicamente de 55-70% metano (CH_4), 30-45% dióxido de carbono (CO_2) e várias impurezas, resultantes da degradação anaeróbica (na ausência de oxigênio) da matéria orgânica realizada por microrganismos. A digestão resulta em biogás, podendo ser aproveitado como fonte de energia, e em digestato, fundamental para a produção de fertilizantes.

Materiais fossilizados e/ou materiais de formações geológicas não são considerados matéria prima para o substrato, segundo norma ISO (2018). A norma ainda ressalta que o substrato, ou biomassa, é composta de resíduos orgânicos oriundos de qualquer meio, seja agrícola, municipais ou industriais. Também é considerado material orgânico as culturas agrícolas, plantas, subprodutos de animais, enfim uma vasta gama de materiais.

Segundo a norma ISO (2018) a fermentação dos materiais orgânicos ocorre com a presença de microrganismos que transformam parte da biomassa em biogás. O processo de conversão ocorre sem a presença de oxigênio e o substrato pode ser sólido ou líquido, sendo o processo contínuo o descontínuo. Conforme o Quadro 1, são várias as formas de obtenção do biogás, bem como inúmeros os materiais orgânicos que podem ser utilizados para a digestão anaeróbica.

Quadro 1: Visão geral dos diferentes processos de produção de biogás

Digestão anaeróbica	Gaseificação de biomassa	De eletricidade para gás	Fontes de biomassa
Substratos contendo biomassa para digestão anaeróbica: - Estrume - Lodo Resíduos orgânicos e resíduos: - Lixo doméstico - Resíduos agrícolas - Resíduos industriais - Efluentes industriais - Resíduos alimentares - Aterro - Compostagem - Águas residuais - Culturas energéticas	Biomassa contendo substratos para a gaseificação: - Estrume - Lodo Resíduos orgânicos e resíduos: - Lixo doméstico - Resíduos agrícolas - Resíduos industriais - Efluentes industriais - Resíduos alimentares - Aterro - Compostagem - Biomassa lignocelulósica (madeira)	Energia ao gás a partir de fontes de biomassa: - Eletricidade proveniente de fontes de biomassa - Água e - CO ₂	-
Principais componentes/gases: CH ₄ + CO ₂ (biogás bruto)	Principais componentes/gases: CO + H ₂ (bio-syngas)	H ₂	-
Tratamento	Metanação	Opção 1 Catalisador de metanação + CO ₂ (por exemplo, de digestão anaeróbica)	Opção 2 Digestão anaeróbica
Biogás	Biogás (CH ₄ + CO ₂)	Opção 1 CH ₄ (gás de metano)	Opção 2 Biogás
Atualizando	Atualizando	Atualizando	-
Biometano ^a	Biometano ^a	Biometano ^a	-
^a Biometano pode existir no estado gasoso ou (após a liquefação) na forma líquida, tanto a diferentes temperaturas e pressões.			

Fonte: ISO (2018) (tradução nossa)

Várias são as formas de utilização do biogás como fonte de energia. De acordo com a norma ISO (2018), o biogás pode ser aplicado como matéria prima de processos químicos, combustível de transporte. Diretamente o biogás pode ser aplicado em caldeiras, queimadores, fornos, iluminação, motores, células de

combustível. Ele também pode ser distribuído a partir de rede pública ou rede privada (ISO, 2018).

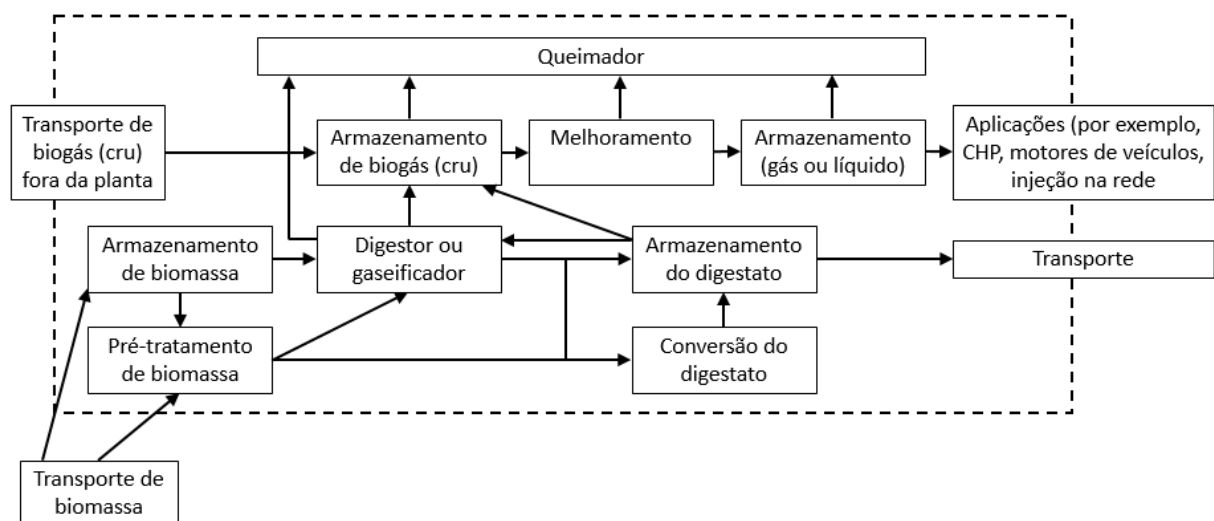
2.2 BIODIGESTORES ANAERÓBICOS

Segundo Santos (2017), vários modelos de biodigestor foram desenvolvidos para a geração de biogás. Não existe um modelo ideal, porém existem vários tipos como os de batelada, vertical, horizontal, contínuo e descontínuos, cada um com sua forma de aplicação e características específicas.

Para atender as exigências dos usuários, os biodigestores devem ser de fácil manuseio, tecnologicamente avançados, de baixo custo e o rendimento deve apresentar retorno rápido. Os equipamentos, para apresentarem um bom funcionamento, necessitam de um criterioso acompanhamento.

De acordo com Seadi (2008), às grandes usinas de biogás apresentam vários tamanhos, design e tecnologia, porém, todas têm a mesma forma de processamento, a Figura 1 exemplifica um processo de produção de biogás mais complexo. Nos países europeus, principalmente nos pioneiros da produção de biogás, o interesse maior não está somente no gás, mas também no fertilizante e criando uma nova forma de negócio com a venda de energia.

Figura 1: Exemplo de um processo de produção de biogás mais complexo



Fonte: ISO (2018) (tradução nossa)

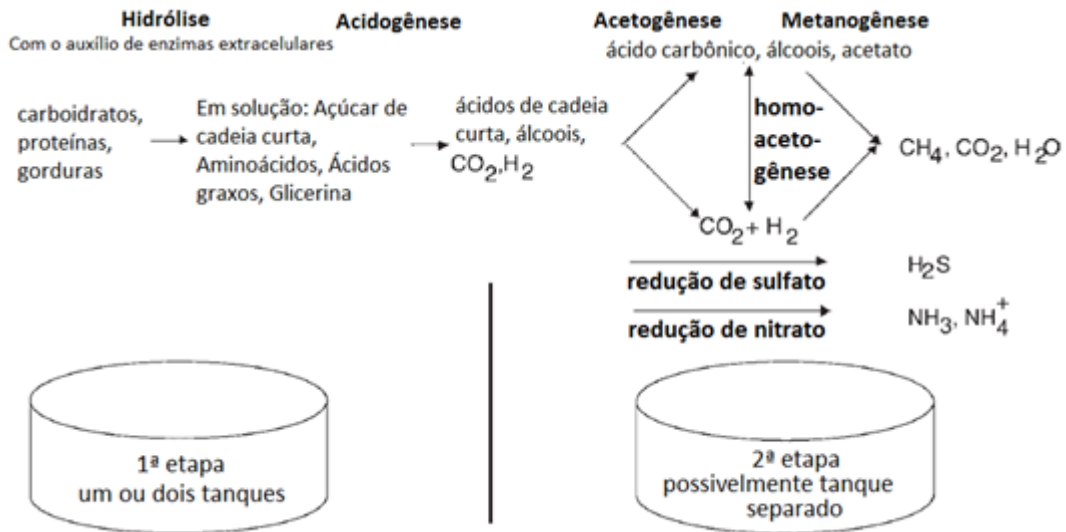
Hjort-Gregersen (1999), salienta que na Dinamarca o principal recurso para produção de biogás é a partir do estrume animal, outra fonte importante também são os resíduos orgânicos oriundos de indústrias de processamento de alimentos. A mistura de estrume com resíduos orgânicos permanece de 12 a 25 dias nos tanques de digestão, tempo necessário para matar a maior parte dos patógenos e ervas daninha presentes na mistura, e o período necessário para ter efetiva digestão do gás. As plantas das usinas de biogás estão em pontos estratégicos para ter boa logística de transporte, tanto da matéria prima, como dos produtos de saída.

2.3 BIOREAÇÕES

No que diz respeito a produção de biogás no biodigestor, as bactérias e arqueas são os microrganismos responsáveis pela digestão da matéria orgânica depositada dentro do equipamento.

Segundo Deublein e Steinhauser (2008), o ciclo de trabalho realizado no biodigestor, além de ser complexo, é dividido em quatro etapas principais, hidrólise, acidogênese, acetogênese, metanogênese, de acordo com o processo de decomposição (Figura 2). Essas quatro etapas podem se subdividir em dois grandes grupos que possuem uma inter-relação profunda, onde o grupo 1, que é composto pelas fases da hidrólise e acidogênese realizam a digestão da matéria em partes menores. Já o grupo 2, que tem as fases acetogênese e metanogênese, digere os que resta da matéria separando os produtos provenientes desse trabalho.

Figura 2: Bioquímica da produção de gás metano



Fonte: Deublein e Steinhauser (2008) (tradução nossa)

As fases individuais são realizadas por diferentes grupos de microrganismos, divididos por gêneros. Há três gêneros que produzem metano em diferentes faixas de temperatura (Quadro 2), os microrganismos psicofílicos ($15\text{-}30\text{ }^\circ\text{C}$), os mesofílicos ($30\text{-}50\text{ }^\circ\text{C}$) e os termofílicos ($>50\text{ }^\circ\text{C}$) (DEUBLEIN E STEINHAUSER, 2008).

Quadro 2: Faixas de temperatura para a produção de metano

Microrganismo	Faixa de temperatura	Tempo de residência	Porcentagem de todas as plantas	Vantagens
Psicofílico (fermentação a frio)	$15\text{-}30\text{ }^\circ\text{C}$	aprox. 60 d	3%	-
Mesofílico (fermentação morna)	$30\text{-}50\text{ }^\circ\text{C}$	17-22 d 22-28 d 28-38 d 35-45 d	92%	Processo estável. Baixo consumo de calor. Boa qualidade de biogás. -
Termofílico (fermentação quente)	$> 50\text{ }^\circ\text{C}$	aprox. 15 d	5%	Alta degradabilidade e velocidade de degradação. Possibilidade de higienização.

Fonte: Deublein e Steinhauser (2008) (tradução nossa)

Dentre os três processos distintos de fermentação, segundo a ISO (2018), o processo psicofílico pode ocorrer a temperatura ambiente naturalmente. Nos processos de fermentação mesofílicos e termofílicos, o calor é adicionado para

manter as bactérias na temperatura desejada. Quando as bioreações são realizadas a temperaturas mais altas e controladas, a fermentação é mais rápida, produzindo mais gás em menos tempo.

O processo de degradação do substrato na biodigestão anaeróbica envolve muitas espécies de microrganismos. Segundo Deublein e Steinhauser (2008), as espécies variam de acordo com os materiais a serem digeridos. Ligações aromáticas, álcoois e ácidos graxos podem ser digeridos por bactérias e arqueas com respiração anaeróbica. A formação de culturas de bactérias obrigatórias ou facultativas atinge concentrações de 10^8 - 10^9 bactérias fermentadoras por ml.

Deublein e Steinhauser (2008), ainda ressaltam que as espécies *Acetobacter* e *Eubacterium* são notadas nas quatro fases de degradação e em quantidades muito semelhantes (Quadro 3). Nos processos iniciais de biodigestão, na primeira e segunda fase, são 128 grupos de microrganismos envolvidos em 58 espécies e 18 gêneros, destacando-se as espécies *Bacteroides*, *Clostridium*, *Eubacterium* e *Ruminococcus*. Nos processos finais, terceira e quarta fase, foram identificados até o momento 81 espécies de 23 gêneros, 10 famílias e 4 ordens, destacando a maioria como bactérias do metano. Dessa maneira, assim como as espécies identificadas, existem também microrganismos que fazem parte do sistema e estão indiretamente envolvidos na biodigestão.

Quadro 3: Bactérias que participam no processo de fermentação em todas as quatro fases

Taxonomia	Espécies	Descrição	Metabolismo
Gênero: Acetobacterium	<i>A. woodii</i> <i>A. paludosum</i>	O gênero <i>Acetobacter</i> contém hipoacetogênicas bactérias em forma de vareta.	Eles reduzem compostos poliméricos autotróficos, oligômeros e monômeros ou CO ₂ , com hidrogênio como fonte de elétrons. Eles servem como parceiros alimentados com hidrogênio e possibilitam a decomposição de ácidos graxos e compostos aromáticos.

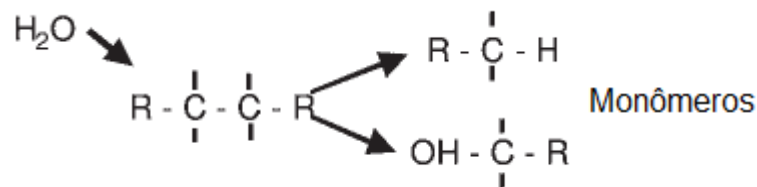
Taxonomia	Espécies	Descrição	Metabolismo
Gênero: Eubacterium	<i>E. rectale</i> <i>E. siraeum</i> <i>E. plautii</i> <i>E. cylindroides</i> <i>E. brachy</i> <i>E. desmolans</i> (<i>produz desmolase, que pode degradar os esteróides</i>) <i>E. calandrei</i> <i>E. limosum</i>	O gênero <i>Eubacterium</i> consiste em bactérias Gram-positivas anaeróbicas obrigatórias, que não geram endosporos.	A maioria dos <i>Eubacteria</i> sacarolíticas produzem butirato como produto do metabolismo. Muitas espécies são capazes de decompor substratos complexos através de vias especiais. Algumas espécies crescem autotroficamente e são, portanto, capazes de realizar desafios especiais na decomposição anaeróbica, por exemplo, como parceiros consumidores de hidrogênio na acetogênese de ácidos graxos. <i>E. limosum</i> cresce autotroficamente e metaboliza grupos metoxil de aromáticos substituídos.

Fonte: Deublein e Steinhauser (2008) (tradução nossa)

2.3.1 Hidrólise

Na fase da hidrólise segundo Deublein e Steinhauser (2008), a biodigestão das bactérias resulta na transformação da biomassa, por bactérias facultativas e anaeróbicas. As ligações covalentes são divididas em uma reação química com água (Figura 3), os microrganismos anaeróbios facultativos tomam o oxigênio dissolvido na água e causam o baixo potencial de troca de elétrons entre moléculas necessário para microrganismos anaeróbios obrigatórios.

Figura 3: Formação de monômeros



Fonte: Deublein e Steinhauser (2008) (tradução nossa)

Segundo Raja e Wazir (2017), a biomassa é composta, em sua maioria, por grandes polímeros orgânicos, amido, proteínas, gorduras e carboidratos, que pela hidrólise são divididos em moléculas menores, como aminoácidos, ácidos graxos e

açúcares simples. Além de ser o primeiro passo, é essencial na fermentação anaeróbica, já que as bactérias fermentativas hidrolisam a matéria orgânica complexa em moléculas solúveis. Alguns dos produtos de hidrólise, incluindo hidrogênio e acetato, podem ser usados mais tarde no processo.

Segundo FNR (2010), nas fases iniciais, pode ocorrer um desequilíbrio no sistema biológico do biodigestor, com alimentação desequilibrada de altas cargas, realizando a primeira fermentação e acidificação do substrato, impedindo ou reduzindo a ação dos processos metanogênicos. Com o período de retenção reduzido e a elevada carga volumétrica, reduz a eficiência do biodigestor no uso do substrato.

A hidrólise é um dos processos de mais fácil adaptação. Conforme FNR (2010), não precisa necessariamente ocorrer dentro do biodigestor anaeróbico, pois o processo pode ser aeróbico. Possui fácil adequação às condições ambientais, mas quando se submete o processo a temperatura controlada e elevada, acelera-se o processo de degradação. É no processo de hidrólise que as medidas de pH podem apresentar-se acidificadas, variando de 4,5 a 7.

Como não é necessário que a hidrólise ocorra dentro do biodigestor, FNR (2010) ressalta que outros reservatórios devidamente equipados podem ser utilizados para armazenagem do substrato, com mecanismos de agitação, aquecimento e isolamento térmica. O autor salienta que o hidrogênio, presente no gás de hidrólise, em contato com o ar pode ser explosivo, e além disso, a liberação de gases para a atmosfera pode significar em perdas energéticas para a geração de volume de biogás.

Deublein e Steinhauser (2008) destacam em sua publicação bactérias que foram encontradas na Europa de acordo com experiências realizadas. No Brasil, mais precisamente na região noroeste do estado do Rio Grande do Sul, em uma pesquisa realizada por Shubeita (2016) no trabalho intitulado “Análise e Modelagem de Sistema de Digestão Anaeróbica Monitorado para Previsão e Busca de Eficiência de Operação”, apresenta microrganismos não encontrados na literatura europeia.

No mesmo trabalho de Shubeita (2018) foram encontrados microrganismos mostrados no Quadro 4.

Quadro 4: Bactérias da fase Hidrólise

Microrganismo	Etapa
K__Bacteria;P__Bacteroidetes;C__Bacteroidia;O__Bacteroidales;F__;G__	Hidrólise
K__Bacteria;P__Synergistetes;C__Synergistia;O__Synergistales;F__Dethiosulfovibrionaceae;G__Ha73	Hidrólise
K__Bacteria;P__Synergistetes;C__Synergistia;O__Synergistales;F__Synergistaceae;G__Vadinca02	Hidrólise
K__Bacteria;P__Chloroflexi;C__Anaerolineae;O__Anaerolineales;F__Anaerolinaceae;G__T78	Hidrólise
K__Bacteria;P__Firmicutes;C__Clostridia;O__Clostridiales;F__;G__	Hidrólise
K__Bacteria;P__Firmicutes;C__Clostridia;O__Clostridiales;F__Ruminococcaceae;G__	Hidrólise
K__Bacteria;P__Spirochaetes;C__Spirochaetes;O__Spirochaetales;F__Spirochaetaceae;G__Treponema	Hidrólise
K__Bacteria;P__Verrucomicrobia;C__Opitutae;O__Puniceococcales;F__Puniceococcaceae;G__	Hidrólise
K__Bacteria;P__Bacteroidetes;C__Bacteroidia;O__Bacteroidales;F__Porphyromonadaceae;G__	Hidrólise
K__Bacteria;P__Bacteroidetes;C__Bacteroidia;O__Bacteroidales;F__Bacteroidaceae;G__Bf311	Hidrólise
K__Bacteria;P__Firmicutes;C__Clostridia;O__Clostridiales;F__[Tissierellaceae];G__Sedimentibacter	Hidrólise
K__Bacteria;P__Fibrobacteres;C__Fibrobacteria;O__Fibrobacterales;F__Fibrobacteraceae;G__Fibrobacter	Hidrólise
K__Bacteria;P__Bacteroidetes;C__Bacteroidia;O__Bacteroidales;F__Bacteroidaceae;G__	Hidrólise
K__Bacteria;P__Firmicutes;C__Clostridia;O__Clostridiales;F__Ruminococcaceae;G__Ruminococcus	Hidrólise
K__Bacteria;P__Synergistetes;C__Synergistia;O__Synergistales;F__Thermovirgaceae;G__	Hidrólise
K__Bacteria;P__Bacteroidetes;C__Bacteroidia;O__Bacteroidales;F__Bacteroidaceae;G__Bacteroides	Hidrólise
K__Bacteria;P__Firmicutes;C__Clostridia;O__Clostridiales;F__[Tissierellaceae];G__Tissierella_Soehngenia	Hidrólise
K__Bacteria;P__Firmicutes;C__Clostridia;O__Clostridiales;F__Lachnospiraceae;G__Butyrivibrio	Hidrólise
K__Bacteria;P__Thermotogae;C__Thermotogae;O__Thermotogales;F__Thermotogaceae;G__Kosmotoga	Hidrólise
K__Bacteria;P__Firmicutes;C__Bacilli;O__Lactobacillales;F__Carnobacteriaceae;G__Trichococcus	Hidrólise
K__Bacteria;P__Tenericutes;C__Mollicutes;O__Acholeplasmatales;F__Acholeplasmataceae;G__Acholeplasma	Hidrólise
K__Bacteria;P__Firmicutes;C__Clostridia;O__Clostridiales;F__[Tissierellaceae];G__	Hidrólise
K__Bacteria;P__Firmicutes;C__Clostridia;O__Clostridiales;F__Clostridiaceae;G__Proteiclasticum	Hidrólise
K__Bacteria;P__Firmicutes;C__Clostridia;O__Clostridiales;F__[Mogibacteriaceae];G__Anaerovorax	Hidrólise
K__Bacteria;P__Firmicutes;C__Clostridia;O__Clostridiales;F__[Tissierellaceae];G__Helcococcus	Hidrólise
K__Bacteria;P__Actinobacteria;C__Actinobacteria;O__Bifidobacteriales;F__Bifidobacteriaceae;G__Bifidobacterium	Hidrólise

Microrganismo	Etapa
K__Bacteria;P__Firmicutes;C__Clostridia;O__Clostridiales;F__[Tissierellaceae];G__Gw-34	Hidrólise
K__Bacteria;P__Firmicutes;C__Clostridia;O__Clostridiales;F__[Tissierellaceae];G__Ph2	Hidrólise
K__Bacteria;P__Tenericutes;C__Mollicutes;O__Acholeplasmatales;F__Acholeplasmataceae;G__	Hidrólise
K__Bacteria;P__Actinobacteria;C__Actinobacteria;O__Actinomycetales;F__Corynebacteriaceae;G__Corynebacterium	Hidrólise
K__Bacteria;P__Tenericutes;C__Mollicutes;O__;F__;G__	Hidrólise
K__Bacteria;P__Tenericutes;C__Mollicutes;O__Mycoplasmatales;F__Mycoplasmataceae;G__	Hidrólise

Fonte: PUC – IPR – 2016 apud SHUBEITA

2.3.2 Acidogênese

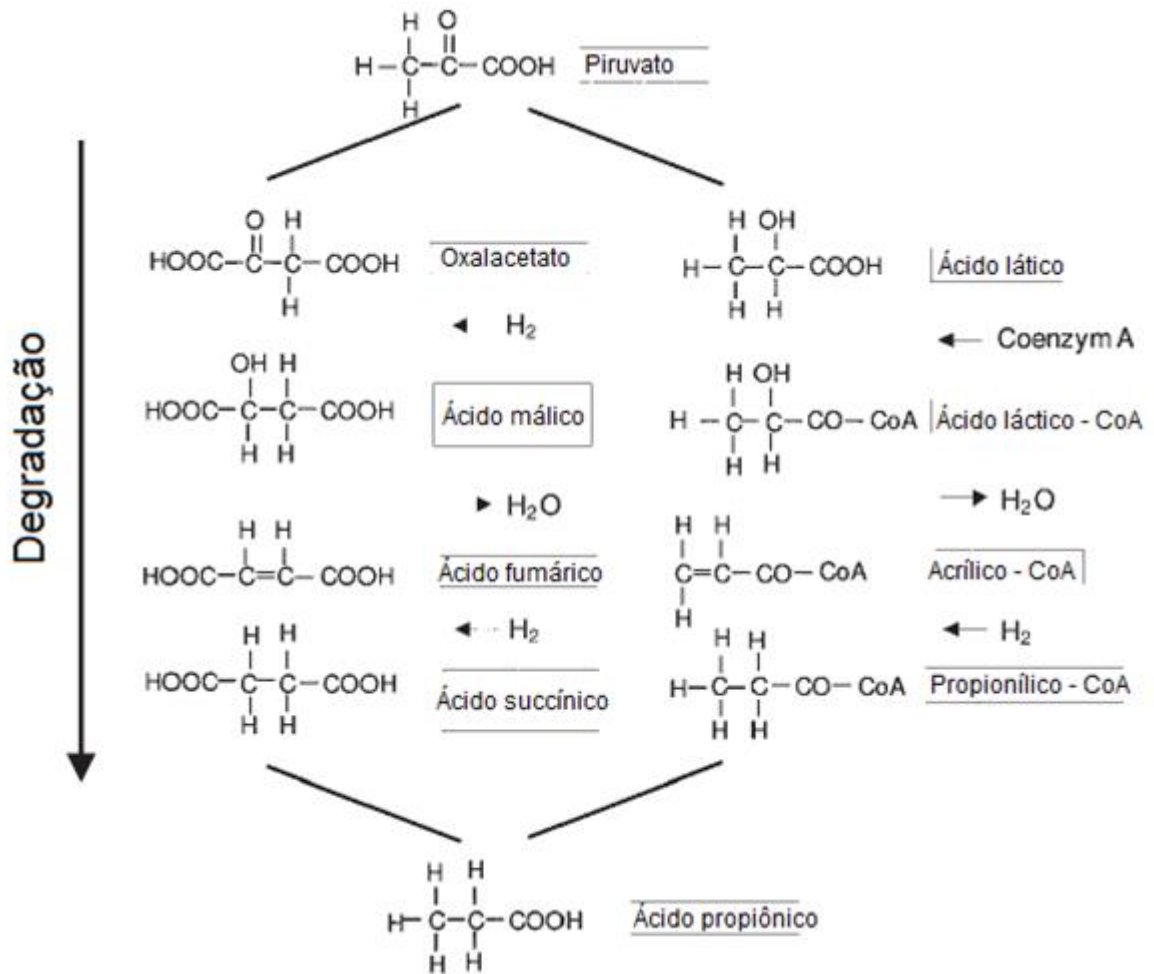
Segundo Raja e Wazir (2017), os microrganismos acidogênicos degradam ainda mais a biomassa e os produtos orgânicos após a hidrólise. Essas bactérias fermentativas produzem um ambiente ácido no tanque digestivo enquanto criam amônia, hidrogênio, dióxido de carbono, ácido sulfídrico, ácidos graxos voláteis mais curtos, ácidos orgânicos, e também indícios de outros subprodutos. Os principais ácidos produzidos são o ácido acético, o ácido propiônico e o ácido butírico.

Os monômeros da fase hidrolítica são absorvidos por diferentes bactérias facultativas e anaeróbias e são degradados, o material orgânico solúvel oriundo da fase anterior agora se torna ácido orgânico simples metabolizados pelas bactérias fermentativas. A concentração dos íons de hidrogênio intermediários formados afeta o tipo de produtos da fermentação. Quanto maior a pressão parcial do hidrogênio, menos compostos reduzidos são formados (DEUBLEIN E STEINHAUSER, 2008).

Deublein e Steinhauser (2008), destacam abaixo os caminhos da degradação que pode ser por via da degradação de piruvato (Figura 4), ou também pela degradação do ácido acético pela via do ácido butírico (Figura 5).

a) Carboidratos: Formação de ácido propiônico pela bactéria propioni via succinato e via acrílica.

Figura 4: Degradação de piruvato

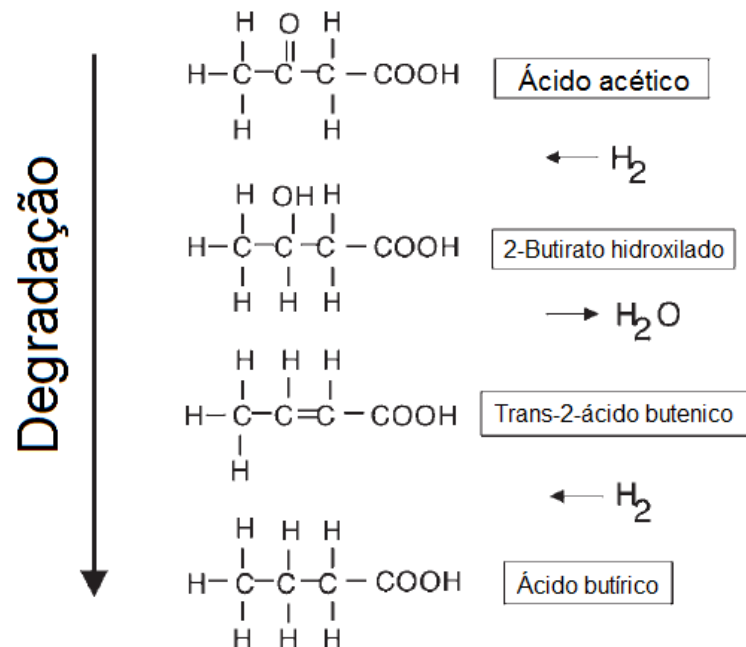


Fonte: Deublein e Steinhauser (2008) (tradução nossa)

Formação de ácido butírico (via do ácido butírico) principalmente por clostridium.

Ácido acético → 2-hidroxiacetato → trans-2-ácido butênico → ácido butírico → butanol

Figura 5: Degradação do ácido acético pela via do ácido butírico



Fonte: Deublein e Steinhauser (2008) (tradução nossa)

b) Ácidos graxos: Estes são degradados, por exemplo, pelas acetobacter por β -oxidação. Conseqüentemente, o ácido graxo é ligado à Coenzima A e depois oxida passo a passo, pois a cada passo separam-se dois átomos de C, que são libertados como acetato.

c) Aminoácidos: Estes são degradados pela reação de Stickland tomando dois aminoácidos ao mesmo tempo - um como doador de hidrogênio, o outro como receptor - no acoplamento ao acetato, amônia e CO₂. Durante a divisão da cisteína, o sulfato de hidrogênio é liberado.

De acordo com Deublein e Steinhauser (2008), alguns gêneros como *Clostridium*, *Paenibacillus* e *Ruminococcus* aparecem em todas as fases da biodigestão, mas com mais intensidade na fase acidogênica, assim como quase todos os microrganismos acidogênicos participam da hidrólise, de acordo com o Quadro 5. No processo também são encontrados grupos que são fortes nos processos iniciais de decomposição, e nos processos finais da fase metanogênica

representam a minoria, como é o caso do grupo *Cytophaga - Flavobacterium - Bacteroides*. Esses grupos fortes nos processos iniciais são os principais responsáveis pela degradação dos monômeros.

Quadro 5: Bactérias que participam no processo de fermentação na fase Hidrólise

Taxonomia	Espécies	Descrição	Metabolismo
Gênero: <i>Bacteroides</i>	<i>B. uniformis</i> <i>B. acidifaciens</i> <i>B. vulgatus</i> <i>B. splanchnicus</i> <i>B. ruminicola</i>	O gênero <i>Bacteroides</i> consiste de bastonetes Gram-negativos imóveis.	Eles utilizam como substrato carboidratos, peptonas e produtos metabólicos de outros microorganismos como açúcar, aminoácidos e ácidos orgânicos. Os produtos metabólicos dos <i>Bacteroides</i> são succinato, acetato, formato, lactato e propionato. O butirato geralmente não é um produto principal da fermentação de carboidratos e ocorre normalmente com isobutirato e isovalerato.
Gênero: <i>Lactobacillus</i>	<i>L. pentosus</i> <i>L. plantarum</i> <i>L. agilis</i> <i>L. aviarius</i> <i>L. lindneri</i>	O gênero <i>Lactobacillus</i> consiste de bastonetes Gram-positivos e catalase-negativos, que não geram endosporos. Eles são normalmente imóveis.	Eles fermentam a glicose para lactato e outros ácidos orgânicos, sejam eles homofermentativos ou heterofermentativos. Lactobacilos são conhecidos por sua necessidade de nutrientes adicionais, como vitaminas, aminoácidos, purinas e pirimidinas.
Gênero: <i>Propioni - bacterium</i>	<i>P. microaerophilum</i> <i>P. granulosum</i> <i>P. lymphophilum</i> <i>P. acnes</i> <i>P. avidum</i> <i>P. propionicus</i> <i>P. combesii</i> <i>P. thoenii</i> <i>P. freudenreichii</i> <i>P. cyclohexanicum</i>	São bastonetes Gram-positivos imóveis, que não formam esporos. <i>Propionibacterium</i>	Propionibacteria são catalase-positivas. Eles são quimiorganotróficos e produzem muito propionato e acetato durante a fermentação de carboidratos. Os subprodutos da fermentação são isovalerato, formato, succinato, lactato e CO ₂
Gênero: <i>Sphingomonas</i>	<i>S. aromaticivorans</i> <i>S. subterrânea</i> <i>S. stygia</i>	Eles ocorrem em sedimentos profundos. <i>Sphingomonas</i> em <i>Xanthos</i>	As esfingomonas são capazes de degradar aerobicamente um amplo espectro de aromáticos. Eles podem utilizar anaerobicamente os grupos metoxil de trimetoxibenzoato sem dividir o anel aromático.
Gênero: <i>Sporobacterium</i>	<i>Sp. olearium</i>		<i>Sporobacterium</i> é capaz de degradar trimetoxibenzoato estequiometricamente a acetato e butirato, dividindo o anel aromático.
Gênero: <i>Megasphaera</i>	<i>M. elsdenii</i>	Estes ocorrem no rúmen.	A <i>Megasphaera</i> usa o caminho do acrilato.
Gênero: <i>Bifidobacterium</i>			As <i>bifidobactérias</i> fermentam a glicose em lactato e acetato. A decomposição de hexoses ocorre através de um caminho especial.

Fonte: Deublein e Steinhauser (2008) (tradução nossa)

O gênero *Clostridium* (Quadro 6) apresenta uma grande diversidade de características observáveis de seu organismo e população, bem como de seu material genético, sendo dessa maneira, complicado de definir as funções que os mesmos exercem na biodigestão, destacam Deublein e Steinhauser (2008).

Quadro 6: Espécies de *Clostridium*

Microrganismo	Substrato
<i>C. celerecrescens</i>	Celulose
<i>C. aerotolerans</i>	Xylan, a glicose é decomposta para succinato
<i>C. butyricum</i>	Polímeros como amido e pectina, e também produtos metabólicos de outros organismos, por exemplo, lactato
<i>C. tyrobutyricum</i>	Monossacarídeos, mas não dissacarídeos ou polímeros
<i>C. propionicum</i>	Aminoácidos diferentes, lactato e acrilato. Os subprodutos são fermentados em ácidos graxos como propionato, butirato, isso-butyrate, isso-valerato e acetato na via do acrilato.
<i>C. clostridiiformis</i>	Carboidratos para acetato, lactato e formiato
<i>C. methylpentosum</i>	Cresce somente em pentoses
<i>C. viride</i>	Ácidos graxos diferentes (valerato, crotonato)
<i>C. spiroforme</i>	Carboidratos para acetato
<i>C. piliforme</i>	Causas da doença Tyzzer's
<i>C. propionicum</i>	Lactato pela via do acrilato

Fonte: Deublein e Steinhauser (2008) (tradução nossa)

Deublein e Steinhauser (2008) destacam que as espécies do gênero *Ruminococcus* (Quadro 7) são cocos que obtêm energia a partir de compostos químicos orgânicos (quimiorganotróficos) anaeróbicos, que fermentam carboidratos.

Quadro 7: Espécies de *Ruminococcus*

Microrganismo	Substrato
<i>R. hydrogenotrophicus</i>	H ₂ /CO ₂ ; degrada ácidos graxos de cadeia curta e aromáticos em simbiose com organismo sinérgico obrigatório
<i>R. gnavus</i>	Açúcar ao etanol; amido
<i>R. bromii</i>	Açúcar e amido para etanol
<i>R. fl avefaciens</i>	Celulose
<i>R. callidus</i>	Diversos açúcares para succinatos
<i>R. albus</i>	Celulose e diferentes açúcares para etanol e formiato

Fonte: Deublein e Steinhauser (2008) (tradução nossa)

O gênero *Paenibacillus* está presente em boa parte dos processos, algumas espécies utilizam nitrato em um processo de metanação. Porém fazem parte do

grupo de microrganismos dos processos iniciais de biodigestão, considerados decompositores primários. Das espécies, pelo menos uma do gênero produz, a partir de compostos poliméricos de melaço, o lactato, formato, acetato e propionato (DEUBLEIN E STEINHAUSER, 2008).

De acordo com a pesquisa realizada por Shubeita (2016), no Brasil as bactérias acidogênicas identificadas estão listadas no Quadro 8.

Quadro 8: Bactérias Acidogênicas

Microrganismo	Etapa
K__Bacteria;P__Chloroflexi;C__Anaerolineae;O__Anaerolineales;F__Anaerolinaceae;G__Shd-231	Acidogênese
K__Bacteria;P__Acidobacteria;C__Bpc102;O__Mvs-40;F__;G__	Acidogênese
K__Bacteria;P__Bacteroidetes;C__Bacteroidia;O__Bacteroidales;F__Porphyromonadaceae;G__Paludibacter	Acidogênese
K__Bacteria;P__Bacteroidetes;C__Flavobacteriia;O__Flavobacteriales;F__[Weeksellaceae];G__Wautersiella	Acidogênese
K__Bacteria;P__Proteobacteria;C__Epsilonproteobacteria;O__Campylobacterales;F__Campylobacteraceae;G__Campylobacter	Acidogênese
K__Bacteria;P__Actinobacteria;C__Actinobacteria;O__Actinomycetales;F__Micrococcaceae;G__Micrococcus	Acidogênese
K__Bacteria;P__Bacteroidetes;C__Flavobacteriia;O__Flavobacteriales;F__Flavobacteriaceae;G__Aequorivita	Acidogênese
K__Bacteria;P__Bacteroidetes;C__Flavobacteriia;O__Flavobacteriales;F__Flavobacteriaceae;G__Flavobacterium	Acidogênese
K__Bacteria;P__Bacteroidetes;C__Flavobacteriia;O__Flavobacteriales;F__[Weeksellaceae];G__	Acidogênese
K__Bacteria;P__Bacteroidetes;C__Flavobacteriia;O__Flavobacteriales;F__Cryomorphaceae;G__	Acidogênese
K__Bacteria;P__Bacteroidetes;C__Flavobacteriia;O__Flavobacteriales;F__Flavobacteriaceae;G__	Acidogênese
K__Bacteria;P__Bacteroidetes;C__Flavobacteriia;O__Flavobacteriales;F__Flavobacteriaceae;Other	Acidogênese

Fonte: PUC – IPR – 2016 apud SHUBEITA

2.3.3 Acetogênese

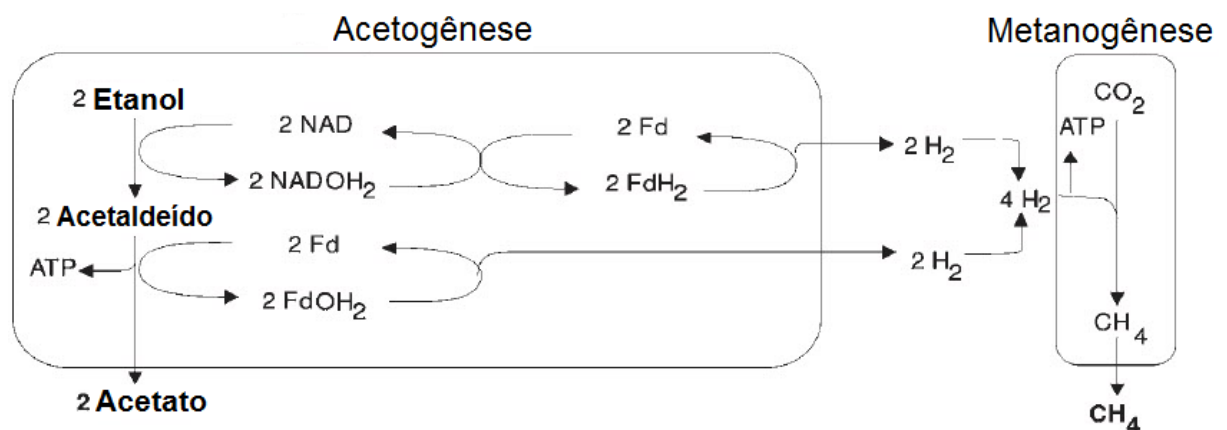
Conforme Raja e Wazir (2017), a acetogênese é a criação de acetato a partir de fontes de carbono e energia. Esses microrganismos reduzem/modificam muitos dos produtos criados na acidogênese em ácido acético, CO₂ e H₂. Os acetogênicos quebram a biomassa para que a grande maioria possa ser utilizada pelos metanogênicos para criar metano.

De acordo com Deublein e Steinhauser (2008), bactérias acetogênicas são produtoras obrigatórias de H_2 . A formação de acetato por oxidação de ácidos graxos de cadeia longa ocorre por conta própria e é possível apenas com pressão de hidrogênio muito baixa. Essas bactérias obtêm energia necessária para seu crescimento e sobrevivência apenas em concentrações muito baixas de H_2 . As bactérias acetogênicas vivem em simbiose com os microrganismos metanogênicos, pois os metanogênicos sobrevivem com maior pressão parcial de hidrogênio, removendo constantemente os produtos do metabolismo das bactérias acetogênicas controlando a pressão parcial de H_2 adequado para a sobrevivência das acetogênicas (Figura 6).

Deublein e Steinhauser (2008), ainda reforçam que com a pressão parcial de hidrogênio controlada, as bactérias acetogênicas formam principalmente H_2 , CO_2 e acetato. Caso contrário, com pressão parcial de hidrogênio maior, predomina a formação de ácidos butírico, caprônico, propiônico e valérico e etanol.

Da produção de metano no lodo anaeróbico 30% é atribuída a redução de CO_2 por H_2 , e apenas 5 a 6% ao hidrogênio dissolvido, pois o hidrogênio pode mover-se diretamente dos microrganismos acetogênicos para os metanogênicos, sem se dissolver no substrato (DEUBLEIN E STAINHAUSER, 2008).

Figura 6: “Transferência de Hidrogênio Interespecífica”, como por exemplo em uma cultura de *Methanobacterium omelanskii*



Fonte: Deublein e Steinhauser (2008) (tradução nossa)

De acordo com Deublein e Steinhauser (2008), a degradação do ácido butírico por uma bactéria acetogênica em união com bactéria *Methanobacterium*

hungatii pode levar cerca de 120 h a 35 °C. Os microrganismos acetogênicos, destacados no Quadro 9, somente sobrevivem com microrganismos que consomem hidrogênio, além de terem um longo período de regeneração, até 84 h. Ácidos graxos e compostos aromáticos não podem ser degradados por bactérias acetogênicas redutoras de sulfato, somente são capazes de degradar lactato e etanol.

Quadro 9: Espécies de bactérias Acetogênicas

Taxonomia	Espécies	Metabolismo
Gênero: Desulfovibrio	<i>D. desulfuricans</i> <i>D. termitidis</i>	O <i>desulfovibrio</i> oxida ácidos orgânicos e álcoois em acetato e transfere os elétrons liberados para o sulfato. Este caminho oferece um maior rendimento energético do que a fermentação. Com isso, o elevado número de bactérias redutoras de sulfato no reator pode ser explicado, embora este gênero apresente apenas uma pequena diversidade. Segundo a experiência, o número de bactérias redutoras de sulfato diminui no final da fermentação.
Gênero: Aminobacterium	<i>A. colombiens</i>	As <i>Aminobacterium</i> fermentam aminoácidos e produzem acetato.
Gênero: Acidaminococcus	Açúcar e amido para etanol	Espécies do gênero <i>Acidaminococcus</i> fermentam aminoácidos, trans-co-cititam e convertem citrato em acetato, CO ₂ e H ₂ .

Fonte: Fonte: Deublein e Steinhauser (2008) (tradução nossa)

As bactérias da fase acetogênese identificadas na pesquisa Shubeita (2016), realizada no Brasil, com esterco suíno, estão destacadas no Quadro 10.

Quadro 10: Bactérias Acetogênicas

Microrganismo	Etapa
K__Bacteria;P__Proteobacteria;C__Deltaproteobacteria;O__Syntrophobacterales;F__Syntrophaceae;Other	Acetogênese
K__Bacteria;P__Firmicutes;C__Clostridia;O__Clostridiales;F__Peptococcaceae;G__Dehalobacter_Syntrophobotulus	Acetogênese
K__Bacteria;P__Proteobacteria;C__Deltaproteobacteria;O__Syntrophobacterales;F__Syntrophobacteraceae;G__Syntrophobacter	Acetogênese
K__Bacteria;P__Proteobacteria;C__Deltaproteobacteria;O__Syntrophobacterales;F__Syntrophaceae;G__Syntrophus	Acetogênese (Syntrophy)
K__Bacteria;P__Proteobacteria;C__Deltaproteobacteria;O__Syntrophobacterales;F__Syntrophaceae;G__	Acetogênese (Syntrophy)
K__Bacteria;P__Firmicutes;C__Clostridia;O__Clostridiales;F__Syntrophomonadaceae;G__Syntrophomonas	Acetogênese (Syntrophy)
K__Bacteria;P__Firmicutes;C__Clostridia;O__Clostridiales;F__Peptococcaceae;G__Pelotomaculum	Acetogênese (Syntrophy)

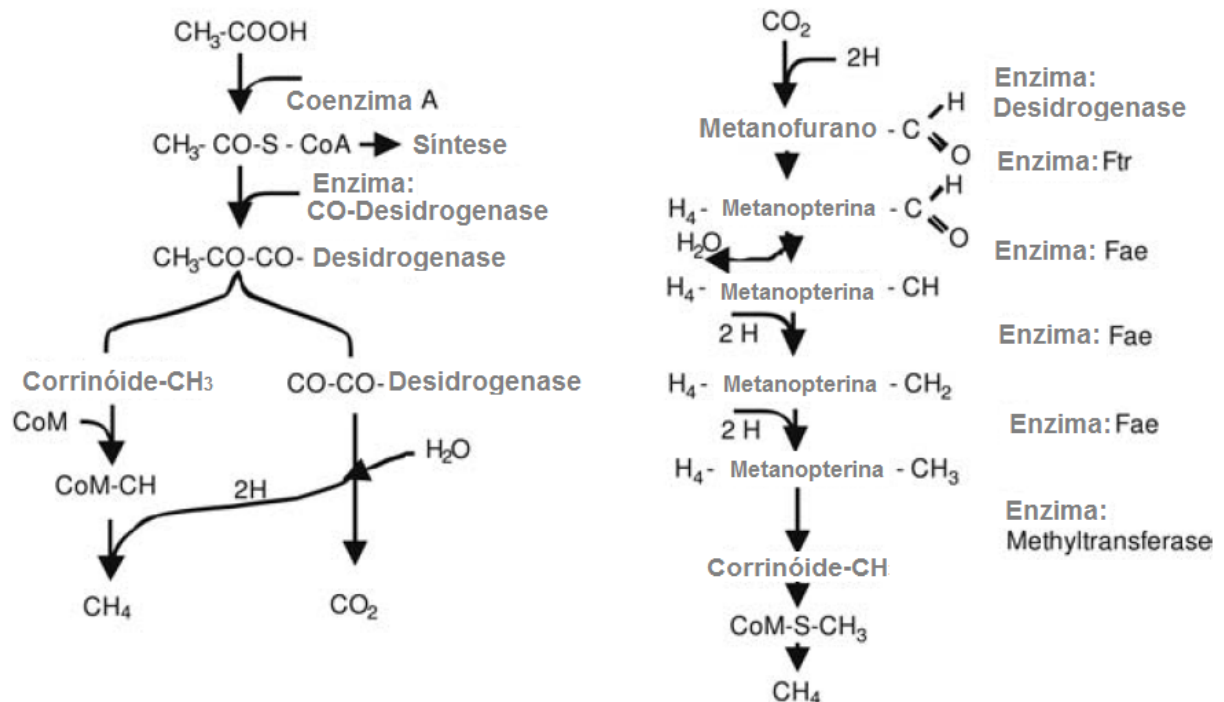
Microrganismo	Etapa
K__Bacteria;P__Proteobacteria;C__Deltaproteobacteria;O__Desulfuromonadales;F__Geobacteraceae;G__Geobacter	Acetogênese (Syntrophy)
K__Bacteria;P__Synergistetes;C__Synergistia;O__Synergistales;F__Dethiosulfovibrionaceae;G__Aminobacterium	Acetogênese (Syntrophy)
K__Bacteria;P__Firmicutes;C__Clostridia;O__Clostridiales;F__Clostridiaceae;G__Clostridium	Hidrólise / Acetogênese
K__Bacteria;P__Firmicutes;C__Clostridia;O__Clostridiales;F__Clostridiaceae;G__	Hidrólise / Acetogênese

Fonte: PUC – IPR – 2016 apud SHUBEITA

2.3.4 Metanogênese

Segundo Deublein e Steinhauser (2008), a formação do metano ocorre no quarto estágio sob condições estritamente anaeróbicas. Essa reação ocorre com a liberação de energia, mas todas as espécies metanogênicas não degradam todos os substratos. Os substratos aceitáveis para a metanogênese podem ser divididos em três grupos, o tipo de CO_2 , tipo de metil e o tipo de acetato.

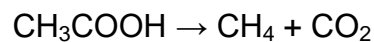
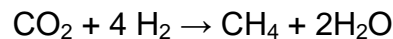
Figura 7: Formação de metano a partir de acetato 8 (esquerda) e de dióxido de carbono (direita) (CoA = Coenzima A, CoM = Coenzima M)



Fonte: Deublein e Steinhauser (2008) (tradução nossa)

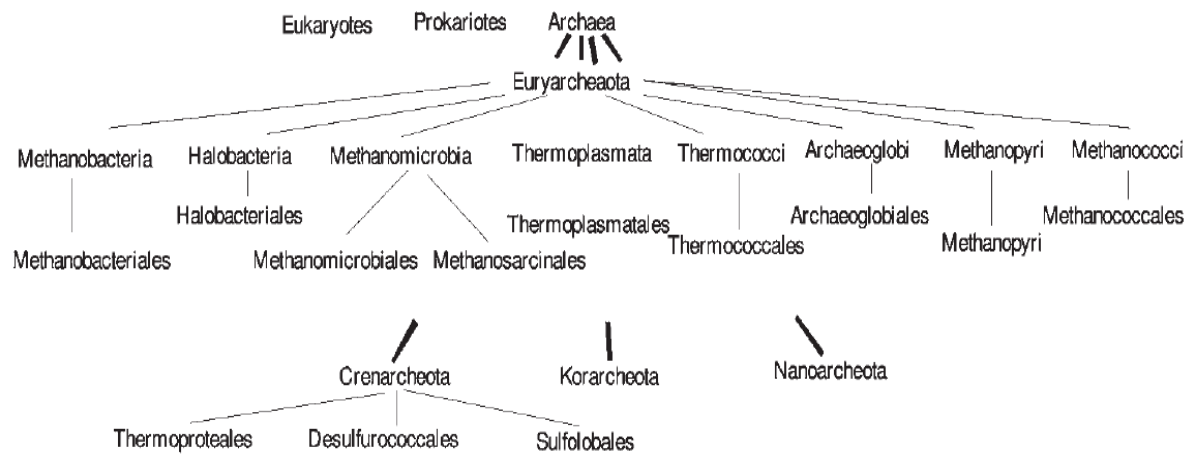
A Figura 7 ilustra o caminho da formação de metano a partir de acetato e/ou CO₂ em microrganismos. Conforme Deublein e Steinhauser (2008), quando a formação de metano funciona, também ocorre o bom funcionamento da fase acetogênica. Sendo perturbada a formação de metano, ocorre a super acidificação, dessa maneira, todas as reações de formação de metano têm diferentes rendimentos. Da formação do metano apenas 27 - 30% resulta de redução, enquanto 70% advêm do acetato durante a metanação.

De acordo com Raja e Wazir (2017), pela metanogênese ser o estágio final da digestão anaeróbica, a criação de metano é a partir dos produtos finais da acetogênese e de alguns produtos das fases anteriores, hidrólise e acidogênese. Duas são as formas gerais de criar metano na metanogênese a partir do ácido acético e dióxido de carbono, principais produtos das reações iniciais:



O caminho que envolve o ácido acético na metanogênese, é o principal caminho para a geração de metano, pois gera metano e CO₂, os dois principais produtos da digestão anaeróbica, enquanto CO₂ é convertido em metano e água pela reação (RAJA E WAZIR, 2017).

De acordo com Deublein e Steinhauser (2008), a última fase do processo de decomposição anaeróbica é dominada por um tipo de microrganismos denominados *Archaea*. As mesmas já podem ser detectadas na fase acidogênica, mas em menor quantidade obviamente. Atuam na presença de uma enzima catalisadora como portadoras de gás hidrogênio (H₂). Dentre as espécies conhecidas, destaca-se as *Methanobacterium*, *Methanospirillum hungatii* e *Methanosarcina*.

Figura 8: Domínio *Archaea*

Fonte: Deublein e Steinhauser (2008) (tradução nossa)

Deublein e Steinhauser (2008), destacam ainda que quatro são os filos em que é dividido o domínio *Archaea*, sendo que as metanogênicas fazem parte do filo *Euryarchaeota*, como pode ser observado na Figura 8. São rigorosamente anaeróbicas e precisam de níquel. Vivem de formato, H_2 / CO_2 , metanol, H_2 / CO , acetato, metanol / H_2 , metilaminas ou sulfuretos de dimetilo. De acordo com ANEXO A, toda essa taxonomia de microrganismos é capaz de produzir biogás.

Das bactérias e arqueas que foram identificadas na pesquisa realizada por Shubeita (2016) estão apresentadas no Quadro 11.

Quadro 11: Bactérias e arqueas Metanogênicas

Microrganismo	Etapa
K__Archaea;P__Euryarchaeota;C__Methanomicrobia;O__Methanomicrobiales;F__Methanocorpusculaceae;G__Methanocorpusculum	Metanogênese
K__Archaea;P__Euryarchaeota;C__Methanomicrobia;O__Methanosarcinales;F__Methanosaetaceae;G__Methanosaeta	Metanogênese
K__Archaea;P__Euryarchaeota;C__Thermoplasmata;O__E2;F__[Methanomassiliicoccaceae];G__Vadinca11	Metanogênese
K__Archaea;P__Euryarchaeota;C__Methanobacteria;O__Methanobacteriales;F__Methanobacteriaceae;G__Methanobrevibacter	Metanogênese
K__Archaea;P__Euryarchaeota;C__Thermoplasmata;O__E2;F__[Methanomassiliicoccaceae];G__Methanomassiliicoccus	Metanogênese
K__Archaea;P__Euryarchaeota;C__Methanobacteria;O__Methanobacteriales;F__Methanobacteriaceae;G__Methanobacterium	Metanogênese
K__Archaea;P__Euryarchaeota;C__Methanobacteria;O__Methanobacteriales;F__Methanobacteriaceae;G__Methanosphaera	Metanogênese

Microrganismo	Etapa
K__Archaea;P__Euryarchaeota;C__Methanomicrobia;O__Methanomicrobiales;F__Methanospirillaceae;G__Methanospirillum	Metanogênese
K__Archaea;P__Euryarchaeota;C__Methanomicrobia;O__Methanomicrobiales;F__Methanomicrobiaceae;G__Methanoculleus	Metanogênese
K__Archaea;P__Euryarchaeota;C__Methanomicrobia;O__Methanomicrobiales;F__Methanoregulaceae;G__Candidatus Methanoregula	Metanogênese
K__Archaea;P__Euryarchaeota;C__Methanomicrobia;O__Methanosarcinales;F__Methanosarcinaceae;G__Methanosarcina	Metanogênese

Fonte: PUC – IPR – 2016 apud SHUBEITA

Assim como foram identificadas as bactérias das quatro fases da digestão anaeróbica, Shubeita (2016) em sua tese também identificou outros microrganismos que não participam de forma direta na biodigestão, a tabela completa com todos os microrganismos identificados em ANEXO B.

2.4 PARÂMETROS DO PROCESSO

De acordo com Deublein e Steinhauser (2008) a eficiência da digestão anaeróbica é influenciada por alguns parâmetros e estes devem ser controlados para se obter um processo de fermentação ideal. A produção de gás pode ser interrompida através de uma variação de temperatura, por meio de alterações nos substratos ou pela concentração dos substratos, até que o sistema se adapte novamente às novas condições e reinicie a produção de gás.

A temperatura do substrato, nutrientes disponíveis, tempo de retenção, nível de pH, inibição de nitrogênio e relação C/N, conteúdo sólido de substrato e agitação são parâmetros significativos para o desenvolvimento dos microrganismos anaeróbicos (SEADI, 2008). O Quadro 12 exemplifica algumas exigências dos microrganismos, onde as bactérias fermentativas responsáveis pelos processos de hidrólise e acidogênese possuem requerimentos diferentes dos microrganismos formadores de metano.

Quadro 12: Exigências dos microrganismos

Parâmetro	Hidrólise/Acetogênese	Metanogênese
Temperatura	25 – 35 °C	Mesofílicas: 32 – 42 °C Termofílicas: 50 – 58 °C
Valor do pH	5,2 – 6,3	6,7 – 7,5
Razão C/N	10 – 45	20 – 30
Teor de matéria seca	< 40% matéria seca	< 30% matéria seca
Potencial de oxi-redução	+400 – 300 mV	< -250 mV
Relação C/N/P/S requerida	500 / 15 / 5 / 3	600 / 15 / 5 / 3
Outros elementos	Nenhum requisito especial	Especial: Ni, Co, Mo, Se

Fonte: Deublein e Steinhauser (2008) (tradução nossa)

Segundo Seadi (2008), a capacidade de desempenho de um biodigestor pode ser avaliada por meio de dados operacionais, que podem ser determinados por medições, ou por parâmetros calculados a partir de dados coletados. Não são válidas avaliações de desempenho baseadas em um único parâmetro, portanto é importante coletar vários dados do processo a fim de identificar as melhorias que podem ser aplicadas para aumentar o rendimento do equipamento. O Quadro 13 lista os parâmetros do processo e como determiná-los.

Quadro 13: Parâmetros operacionais de biodigestores

Parâmetro	Símbolo	Unidade	Determinação
Temperatura	T	°C	Medição durante a operação
Pressão operacional	P	mbar	Medição durante a operação
Capacidade, taxa de transferência	V	m ³ /d; t/d	Medição
Volume do reator	V _R	m ³	Determinado pela construção
Quantidade de gás	V por dia V por ano	m ³ /d; m ³ /a	Medição durante a operação e conversão para Nm ³
Tempo de retenção (hidráulico, mínimo garantido)	HRT MGRT	d	Cálculo a partir da data de operação
Carga orgânica		Kg oTS / (m ³ * d)	Cálculo a partir da data de operação
Concentração de metano no biogás	CH ₄	%	Medição durante a operação
Rendimento específico de biogás		%	Cálculo a partir da data de operação
Produção específica de biogás		m ³ / m ³	Cálculo a partir da data de operação
Energia bruta		kWh	Determinação da quantidade de biogás e concentração de metano
Produção de eletricidade		kWh	Medição no gerador BTTP

Parâmetro	Símbolo	Unidade	Determinação
Saída para a rede		kWh	Medição no gerador BTTP
Eficiência do BTTP	η	%	Cálculo a partir da data de operação
Fornecimento de estação térmica / elétrica		kWh	Com base no planejamento, após a medição durante a operação
Fornecimento de estação específica térmica / elétrica		kWh/m ³ entrada kWh/GV	Cálculo a partir da data de operação
Produção de energia		kWh	Soma de energia que pode ser utilizada de maneira sensata. Cálculo de dados operacionais
Eficiência da planta	η	%	Energia líquida extraída da energia bruta
Disponibilidade		%	Porcentagem de horas em um ano no qual uma planta está em pleno funcionamento
Utilização		%	Relação da quantidade real de entrada para a capacidade projetada
Investimento total		R\$	Todas as despesas causadas pela usina de biogás
Subsídios		R\$	Pré-determinado
Porcentagem de subsídio		%	Porcentagem de todos os subsídios em relação ao total de investimentos
Investimentos específicos		R\$/m ³ reator R\$/GV	Apenas sensível quando primeiramente é usado o esterco de criação de animais
Custos de tratamento específicos		R\$/m ³ entrada; R\$/GV	Cálculo

Fonte: Seadi (2008) (tradução nossa)

2.4.1 Valor do pH

De acordo com Seadi (2008), o valor do pH é a medida da acidez/alcalinidade do substrato. O crescimento dos microrganismos metanogênicos é influenciado pelo valor do pH, sendo inibido em ambientes ácidos.

Medir o nível de pH da mistura do substrato é a melhor forma de descobrir a “saúde” de um biodigestor, alterando-se em consequência das conversões biológicas durante os diferentes processos da digestão anaeróbica. Um pH estável indica a estabilidade e o equilíbrio do biodigestor. Já um valor de pH baixo indica um acúmulo de ácido, colocando em risco o funcionamento do biodigestor (OSTREM E THEMELIS, 2004).

Para os microrganismos se desenvolverem são necessários diferentes valores de pH, e o seu valor muda em resposta às transformações biológicas durante diferentes estágios do processo de digestão anaeróbica. Para o desenvolvimento das bactérias hidrolíticas e acidogênicas, o pH ideal é de 5,2 a 6,3, porém essas bactérias são capazes de transformar o substrato mesmo com um pH um pouco mais elevado, sendo a sua atividade diminuída. Já as bactérias acetogênicas e as arqueas metanogênicas necessitam de um pH neutro, entre 6,5 e 8 para se desenvolverem (FNR, 2010).

Segundo Ostrem e Themelis (2004), é importante que o pH esteja equilibrado na fase inicial do processo, pois os resíduos precisam passar primeiramente pelo estágio de hidrólise e acidogênese antes da fase metanogênica, qual resulta na diminuição do pH do sistema. Para elevar o nível do pH durante os estágios iniciais recomenda-se adicionar carbonato de cálcio ou cal.

Sabe-se que o substrato é uma mistura de diferentes resíduos, como frutas, verduras e legumes. Cada item dessa mistura de substrato possui um valor de pH (ANEXO C), portanto conhecer esse valor possibilita identificar alguns componentes que devem ser evitados, como tomate, abacaxi, limão, lima, laranja, ameixa, cebola, cereja, framboesa, maçã, morango, uva, entre outros itens ácidos. Todavia, dependendo da aplicação torna-se inviável ou até mesmo impossível fazer a seleção da matéria orgânica. Nesses casos Ostrem e Themelis (2004) indicam a adição de hidróxido de sódio ou potássio no substrato para neutralizar os ácidos.

2.4.2 Temperatura do substrato

A temperatura de operação é um fator importante para a estabilidade do processo, deve ser cuidadosamente regulada dentro de uma faixa de temperatura de operação. De acordo com Seadi (2008), o processo de digestão anaeróbica é dividido em três faixas de temperatura: psicofílicas (abaixo de 25 °C), mesofílicas (25 °C a 45 °C) e termofílicas (45 °C a 70 °C), havendo uma relação direta com o tempo mínimo de retenção, descrito no Quadro 14.

Quadro 14: Estágio térmico e tempo de retenção

Estágio térmico	Temperaturas de processo	Tempo mínimo de retenção
Psicrofílicas	< 20 °C	70 a 80 dias
Mesofílicas	30 a 40 °C	30 a 40 dias
Termofílicas	43 a 55 °C	15 a 20 dias

Fonte: Seadi (2008) (tradução nossa)

Escolher a temperatura ideal para o funcionamento envolve balancear características. A digestão termofílica permite maiores taxas de carregamento do biodigestor, além de uma maior destruição do patógeno e uma elevada degradação do substrato. Todavia, é mais sensível a toxinas e pequenas alterações no ambiente, sendo também menos atrativa do ponto de vista energético, pois é necessário mais calor para o processo, porém o tempo de retenção para estabelecer uma população é menor. Já na digestão mesofílica as bactérias são capazes de suportar as mudanças de temperatura, porém seu tempo de retenção é maior.

Atualmente, nas modernas instalações, a temperatura é cuidadosamente controlada, podendo ser mantida através de bons isolamentos, banhos de água ou através de aquecimento solar passivo. Calor pode ser adicionado usando trocadores de calor na mistura reciclada, resistências ou injeção de vapor diretamente no biodigestor (OSTREM E THEMELIS, 2004). Quanto a injeção de vapor é preciso considerar que ela pode ser usada no tratamento prévio do substrato e não na injeção direta dentro do biodigestor. É fácil de entender que a alta temperatura vai destruir uma parte das colônias bacterianas.

2.4.3 Tempo de retenção

O tempo de retenção refere-se a quantidade de tempo que o substrato permanece no biodigestor, sendo determinado pelo tempo médio que os microrganismos levam para digerir o material orgânico. O tempo de permanência, como também é conhecido, está correlacionado ao volume do biodigestor e ao volume do substrato por unidade de tempo. A degradação do substrato está associada ao tempo que o mesmo é mantido sob condições adequadas para que as reações ocorram, porém, a taxa da reação diminui com o aumento do tempo de

permanência, sendo assim, há um tempo de retenção apropriado para atingir os resultados esperados. Todavia, o tempo adequado depende da matéria prima, das condições do ambiente, da temperatura do processo (descrito no Quadro 14) e do uso pretendido do biodigestor (OSTREM E THEMELIS, 2004).

2.4.4 Razão Carbono Nitrogênio (C/N)

As atividades microbiológicas dependem da disponibilidade de nutrientes presentes na matéria orgânica. O carbono (C) e o nitrogênio (N) são considerados nutrientes importantes para a sobrevivência dos microrganismos, sendo a relação C/N um fator crítico para a escolha da matéria prima. De acordo com Ostrem e Themelis (2004), a relação C/N ótima é entre 20 e 30, sendo 25 um nível ideal. Uma baixa razão C/N, ou seja, uma concentração elevada de nitrogênio, pode causar o acúmulo de amônia, aumentando, conseqüentemente, o valor do pH (acima de 8,5) e impossibilitando o crescimento das bactérias. Todavia, uma alta razão C/N pode acarretar num rápido consumo de nitrogênio pelas bactérias metanogênicas, reduzindo a atividade metabólica e conseqüentemente, diminuindo a produção de gás.

A relação C/N pode ser controlada por meio da combinação de materiais com baixo teor de carbono com aqueles que possuem alto teor de nitrogênio, e vice-versa. A Tabela 1 lista a composição de nitrogênio e a razão C/N de algumas substâncias orgânicas.

Tabela 1: Proporção de nitrogênio e relação C/N de alguns substratos

Material	N (%)	C/N
Dejeto suíno	2,8	13,7
Dejeto de vaca	1,8	19,9
Dejeto de frango	3,7	9,65
Dejeto de pato	0,8	27,4
Dejeto de cavalo	2,3	25
Dejeto de ovelha	3,8	33
Resíduos da cozinha	1,9	28,6
Talos de milho	1,2	56,6
Palha de arroz	0,7	51
Palha de aveia	1,1	48

Material	N (%)	C/N
Palha de trigo	0,5	150
Espigas de milho	1	49,9
Caules de soja	1,3	33
Cascas de amendoim	1,7	31
Bagaço	0,4	-
Bagaço de cana	0,3	140
Gramma	2,5	15,7
Serragem	0,1	200 - 500
Feno	4	12,5 – 25,0
Folhas caídas	1	50
Algas marinhas	1,9	79
Repolho	3,6	12,5
Tomate	3,3	12,5
Cascas de batata	1,5	25

Fonte: Kossman et al. (1997) (tradução nossa)

2.4.5 Inibidores

A digestão anaeróbica pode ser inibida por diferentes substâncias presentes nos resíduos. Essas substâncias podem ser produto das reações biológicas ou originárias do próprio substrato a ser digerido. Como substâncias inibidoras pode-se citar os ácidos graxos voláteis, amoníaco, metais pesados, sulfeto de hidrogênio, oxigênio, desinfetantes e antibióticos (SHUBEITA, 2016).

Segundo Seadi (2008), as bactérias se caracterizam pela alta capacidade de se adaptar às condições, portanto, não se deve considerar os limites como válidos em qualquer situação. O Quadro 15 exemplifica alguns inibidores e sua concentração tóxica.

Quadro 15: Inibidores e concentração de inibição em processos de digestão anaeróbica

Inibidor	Concentração de inibição	Observação
Oxigênio	> 0,1 mg/l	Inibição das arqueas metanogênicas anaeróbicas obrigatórias.
Sulfeto de hidrogênio	> 50 mg/l H ₂ S	Quanto menor o pH, maior o efeito inibitório.
Ácidos graxos voláteis	> 2000 mg/l HA _C (pH = 7,0)	Quanto menor o pH, maior o efeito inibitório. Alta adaptabilidade das bactérias.

Inibidor	Concentração de inibição	Observação
Nitrogênio amoniacal	> 3500 mg/l NH_4^+ (pH = 7,0)	Quanto maior o pH e a temperatura, maior o efeito inibitório. Alta adaptabilidade das bactérias.
Metais pesados	Cu > 50 mg/l Zn > 150 mg/l Cr > 100 mg/l	Só metais dissolvidos apresentam efeito inibidor. Descontaminação pela precipitação de sulfeto.
Desinfetantes antibióticos	-	Efeito inibitório varia com o composto.

Fonte: Seadi (2008) (tradução nossa)

2.4.6 Agitação

Para manter a estabilidade do processo também é requerido algum tipo de agitação ou mistura do material orgânico, promovendo o contato entre os microrganismos e o substrato. Segundo FNR (2010), após um período sem agitação ocorre a separação do conteúdo e a formação de camadas, decorrentes das diferentes densidades das substâncias que compõem o substrato e também pelo empuxo provocado pela formação de gás. Na condição de um biodigestor sem agitador, a maior parte da massa de bactérias se encontra na parte inferior, devido a sua densidade mais elevada, sendo que o substrato em decomposição geralmente se acumula na camada superior.

Portanto, deve-se aplicar um revolvimento lento através dos agitadores, resultando em forças de cisalhamento reduzidas, em curtos intervalos de tempo.

2.4.7 Alimentação do biodigestor

De acordo com FNR (2010), a alimentação do biodigestor tem impacto sobre a geração do biogás, pois determina a disponibilidade do substrato para os microrganismos. É classificada em contínua, semicontínua e descontínua ou em batelada.

Na alimentação semicontínua, uma carga de matéria prima não fermentada é introduzida no biodigestor no mínimo uma vez por dia (FNR 2010). Já em um equipamento de alimentação contínua, o substrato é constantemente alimentado,

produzindo biogás ininterruptamente, sendo somente esvaziado para reparos (OSTREM E THEMELIS, 2004).

Na técnica descontínua, o biodigestor é abastecido completamente com substrato, sendo vedado na sequência. A matéria prima permanece até o tempo de retenção definido, sem adição e remoção de material. Todo o substrato é retirado ao fim do tempo de retenção, abastecendo novamente o biodigestor com material fresco. Todavia, há variação de rendimento, pois após o abastecimento a produção de gás inicia-se lentamente, atingindo picos mais elevados após alguns dias. Portanto, esse tipo de alimentação impossibilita uma produção estável (FNR 2010).

3 METODOLOGIA

Para o desenvolvimento do presente trabalho, realizou-se a observação e a coleta de dados, posteriormente os dados foram analisados e os resultados foram interpretados, para assim, avaliar as condições ideais para o funcionamento do biodigestor.

Segundo Gil (2002), o estudo experimental de campo procura selecionar e controlar alguma variável que interfira no resultado de um objeto de estudo determinado, define como essas variáveis podem ser mensuradas a fim de que se possa fazer uma observação sobre o produto reagente da causa em estudo.

Inicialmente quando se teve acesso ao biodigestor instalado junto às instalações do campus da Faculdade Horizontina (FAHOR), completou-se o equipamento com o resíduo orgânico para deixá-lo nas condições de funcionamento. Foi utilizada, inicialmente, uma quantia de bactérias já instalada em outro biodigestor para acelerar o processo de desenvolvimento e produção do biogás.

Na sequência, observou-se diariamente os valores marcados pelo medidor de gás e a temperatura ambiente. Além desses parâmetros, mediu-se também o valor do pH do dejetto (substrato previamente preparado) antes de ser transferido para o equipamento e, posteriormente, medições semanais do pH do substrato.

Portanto, define-se como pesquisa experimental de campo a presente pesquisa, pois foram observados alguns parâmetros e os efeitos que os mesmos causaram no funcionamento do biodigestor. Também foi de caráter quantitativo pelas medições acompanhadas serem todas elas registradas e os resultados serem apresentados em números, avaliando o rendimento do equipamento por meio das condições impostas.

3.1 MÉTODOS E TÉCNICAS UTILIZADOS

Para realizar os experimentos e coletar dados para a presente pesquisa, foi utilizado um biodigestor “laboratorial”, com capacidade de aproximadamente 1 m³, instalado no campus da Faculdade Horizontina (FAHOR), localizado na cidade de Horizontina, Rio Grande do Sul.

O estudo basicamente foi realizado utilizando material orgânico coletado em restaurantes e supermercados, com a intenção de realizar o estudo para a utilização desses rejeitos para a produção de biogás. Pelo material orgânico apresentar-se de maneira muito variada, podem haver casos onde o material após triturado possa apresentar-se muito ácido e não ser digerido pelos microrganismos presentes no biodigestor.

No estudo também foi utilizado dejetos suíno, coletado em uma unidade de biodigestão do modelo canadense já em funcionamento na cidade de Santo Cristo. O dejetos foi utilizado, principalmente, por já ser de um biodigestor e já possuir uma comunidade de bactérias formadas, acelerando o processo de produção de gás.

Para acompanhar a população de bactérias e arqueas dentro do biodigestor, que fizeram a degradação do material orgânico depositado no recipiente, foram utilizados alguns equipamentos que auxiliaram na coleta de alguns resultados. Algumas medidas foram sendo coletadas enquanto o material estava sendo despejado dentro do recipiente, outras medidas foram coletadas durante um período de tempo.

O pH do material orgânico e do dejetos suíno foram coletados antes do material ser depositado dentro do biodigestor, controlando assim a acidez do material que estava sendo despejado dentro do tanque para ser digerido.

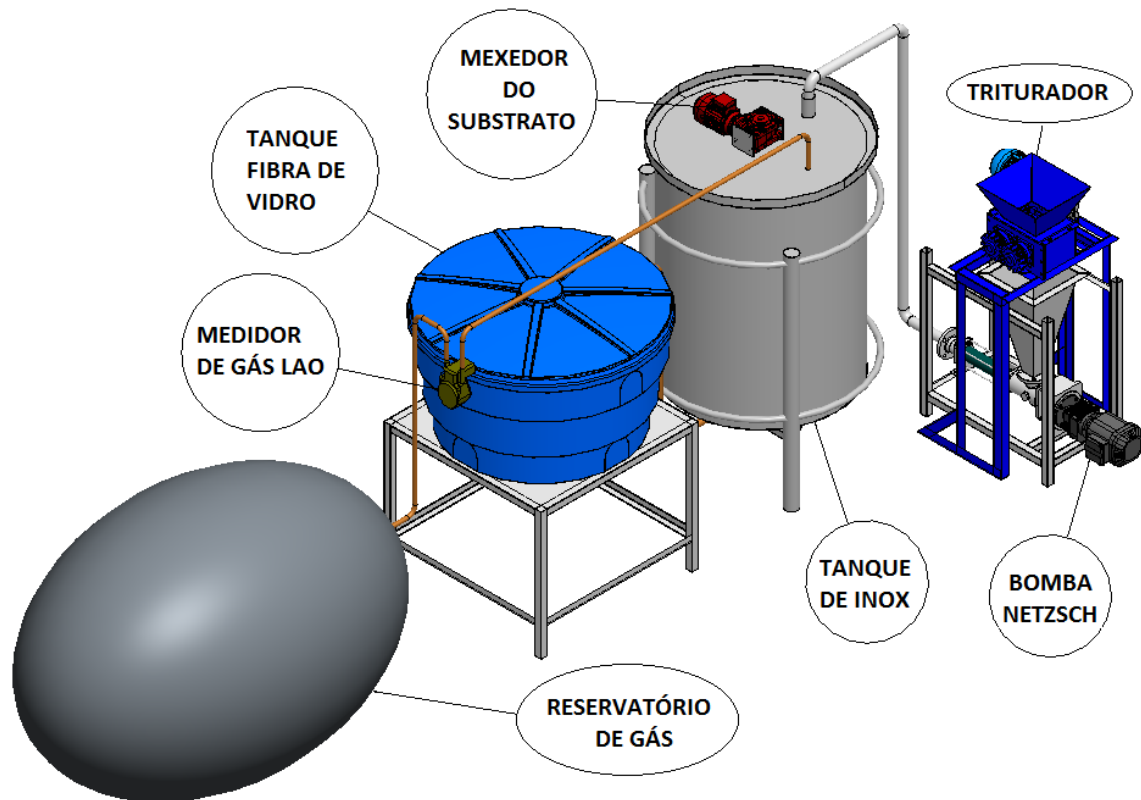
Após o dejetos suíno ter sido depositado dentro do tanque de digestão anaeróbica, acompanhou-se a temperatura diariamente, até as bactérias e arqueas estarem adaptadas e iniciarem a produção de gás. Após alguns dias constatou-se por meio do medidor de gás, o início da produção de biogás. Passou-se então a coletar dados diários da vazão registrada pelo medidor e a temperatura ambiente, além do valor do pH do substrato, estes coletados semanalmente.

3.2 MATERIAIS E EQUIPAMENTOS

Para o desenvolvimento do presente trabalho foram utilizados alguns equipamentos essenciais para poder preparar o material, que sofrerá as bioações, e também para acompanhar todas as medições necessárias para o sucesso da pesquisa.

O equipamento biodigestor laboratorial utilizado no teste, conforme Figura 9, é composto por um triturador, uma bomba Nemo Netzsch modelo NM031BY01L06B, um tanque de aço inoxidável de 1 m³ para o substrato, um tanque de fibra de vidro de 1 m³ para o digestato, um medidor de gás LAO modelo G1 – linha residencial e um reservatório de geomembrana têxtil.

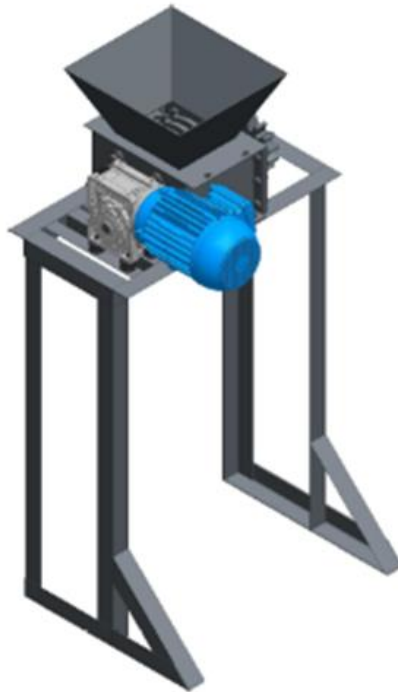
Figura 9: Biodigestor anaeróbico laboratorial



Fonte: Os autores (2018)

Inicialmente, como todo o material orgânico a ser utilizado não tem tamanho uniforme, utilizou-se de um triturador, de acordo com o modelo da Figura 10, desenvolvido pelos autores (APÊNDICE A), para poder homogeneizar o dimensional de todo o lixo orgânico selecionado para fazer a biodigestão no equipamento biodigestor. O equipamento possui facas que forçam o lixo a cruzar os rolos, que pela sua proximidade, auxiliam a esmagar o lixo. O triturador é movido, em um dos lados, por um par de engrenagens e, no outro lado, por um motor elétrico de 0,5 CV e um motorreductor de alto rendimento.

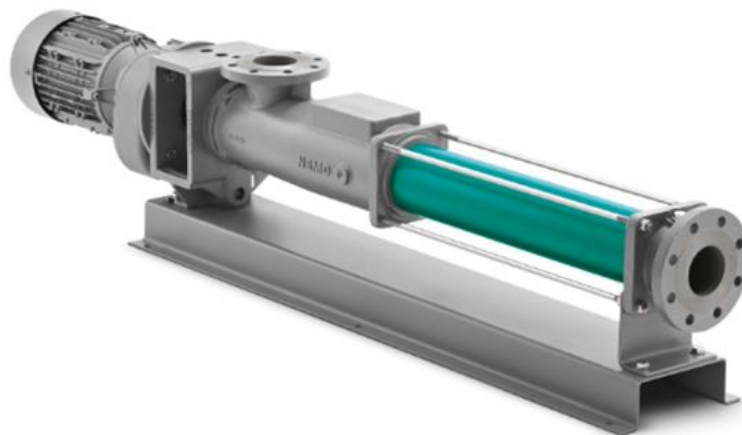
Figura 10: Modelo de triturador desenvolvido



Fonte: Os autores (2018)

Após o material passar pelo triturador e ser direcionado até o biodigestor, e para isso não ocorrer manualmente, a bomba da marca Netzsch Nemo modelo NM031BY01L06B (Figura 11), foi utilizada para fazer a movimentação desse material já preparado. O material é canalizado por canos de inox até o reservatório principal para fazer a biodigestão.

Figura 11: Modelo de bomba utilizada



Fonte: Produtos Netzsch (2018)

O tanque de digestão do material orgânico, conforme a Figura 12, é todo construído em aço inox e possui capacidade de 1 m³. Em seu interior tem um mexedor movido com um motorreductor Transmaq modelo TR1 com motor Weg W22 para realizar a movimentação do material, impedindo que as bactérias se concentrem tudo em um dos lados do tanque. O equipamento tem em seu contorno algumas saídas, devidamente vedadas, para instalação dos equipamentos de medição.

Figura 12: Tanque de digestão



Fonte: Os autores (2018)

Após todo o processo ser realizado dentro do tanque de digestão o gás é canalizado por mangueiras de plástico (tubulação de PVC marrom), e armazenado em um “balão” fabricado com geomembrana têxtil de acordo com a Figura 13. O gás proveniente do biodigestor também pode ser encanado para a utilização, sendo sua que a abertura e fechamento ocorre por válvulas de esfera de aço inoxidável e sede de teflon.

Figura 13: Balão de geomembrana têxtil



Fonte: Os autores (2018)

Como um dos interesses era saber a quantidade de gás que o biodigestor produz em determinado período, foi utilizado um medidor de gás, conforme o destacado na Figura 14, marca LAO modelo G1 - Linha Residencial para quantificar o gás que foi transferido do tanque de biodigestão para o balão de geomembrana têxtil.

Figura 14: Medidor de gás



Fonte: Produtos LAO (2018)

Todo o material a ser depositado dentro do biodigestor deve ser analisado para evitar que seja colocado material ácido. Para que as medições possam ser

acompanhadas, utilizou-se fitas de análise de pH, ilustradas na Figura 15, para avaliar a condições do material que estava sendo depositado para digestão.

Figura 15: Fita de análise de pH



Fonte: Os autores (2018)

O biodigestor continha ainda um reservatório fabricado em fibra de vidro, para armazenamento do digestato formado pela biodigestão anaeróbica.

4 APRESENTAÇÃO E ANÁLISE DOS RESULTADOS

4.1 PRIMEIRA PARTIDA

O biodigestor anaeróbico com capacidade de 1m³ foi inicialmente abastecido com dejetos suíno e material orgânico de supermercados e restaurantes. Utilizou-se o dejetos suíno com o intuito de acelerar o processo de biodigestão, pois o mesmo foi retirado de um biodigestor já em funcionamento na região, operando com bactérias já desenvolvidas. Referente ao material orgânico coletado em restaurantes e supermercados, é importante ressaltar que o mesmo não passou por classificação e tratamento especial antes de ser transferido para o equipamento.

Inicialmente abasteceu-se o biodigestor com aproximadamente 500 litros de dejetos suíno, composto por bactérias já formadas. Posteriormente acrescentou-se, no mesmo dia, 3 volumes (baldes de aproximadamente 20 litros) de lixo de

restaurante e 3 volumes de restos orgânicos coletados em supermercado. Os materiais orgânicos do restaurante e do supermercado continham uma diversidade de comidas, frutas, verduras, das quais podemos destacar: tomate, couve-flor, beterraba, feijão cozido, arroz branco cozido, abacaxi, maçã, manga, batata, batata doce, pepino, abóbora, talos de verduras e cascas de frutas diversas.

O dejetos suíno foi coletado com bombonas, sendo estas tampadas com luvas, utilizando-se somente materiais poliméricos, conforme mostra a Figura 16.

Figura 16: Bombonas contendo dejetos suíno para primeira partida



Fonte: Os autores (2018)

Após coletado, o dejetos suíno foi então descarregado dentro do biodigestor, como mostra a Figura 17. Como já descrito anteriormente, o dejetos foi estrategicamente utilizado para agilizar o processo de biodigestão, visto que o mesmo contém colônias de bactérias já desenvolvidas.

Figura 17: Dejeito suíno sendo descarregado para o biodigestor



Fonte: Os autores (2018)

As frutas, verduras e legumes coletados no supermercado apresentavam um volume muito grande para uma rápida digestão das bactérias. Para facilitar a ação dos microrganismos, os alimentos foram cortados em partes menores antes de serem disponibilizados para o biodigestor.

Coletou-se uma amostra do substrato oito dias após o abastecimento do biodigestor para a realização da análise do pH. A partir do teste constatou-se uma variação considerável, pois de acordo com a bibliografia estudada, para que a digestão das bactérias ocorra o substrato deve apresentar um nível de pH neutro (aproximadamente 7), e o valor real do pH do substrato presente no biodigestor em estudo estava muito ácido, chegando no valor de 5,5 aproximadamente.

O substrato formado pela mistura de dejetos suínos e material orgânico permaneceu por doze dias dentro do biodigestor. Nesse período teve-se variação de temperatura de acordo com a Tabela 2 e o Gráfico 1. Realizando o acompanhamento diário da situação do biodigestor, não se observou qualquer possibilidade de produção de biogás, sendo assim, não houve o desenvolvimento da digestão nesse período.

Após constatar a elevada acidez do substrato armazenado no biodigestor em estudo, realizou-se uma análise extra dos alimentos que foram depositados com o dejetos suíno. Como o material orgânico coletado em supermercados e restaurantes era composto principalmente por tomates e laranjas o experimento foi realizado com esses alimentos. Juntou-se tudo em um liquidificador e acrescentou-se um pouco de água para tornar a mistura homogênea. Em seguida, mediu-se o pH da mistura, de acordo com a Figura 18, por meio da fita de análise de pH, o teste constatou valores mais baixos comparado ao substrato do biodigestor.

Figura 18: Teste de pH da mistura de tomate e laranja



Fonte: Os autores (2018)

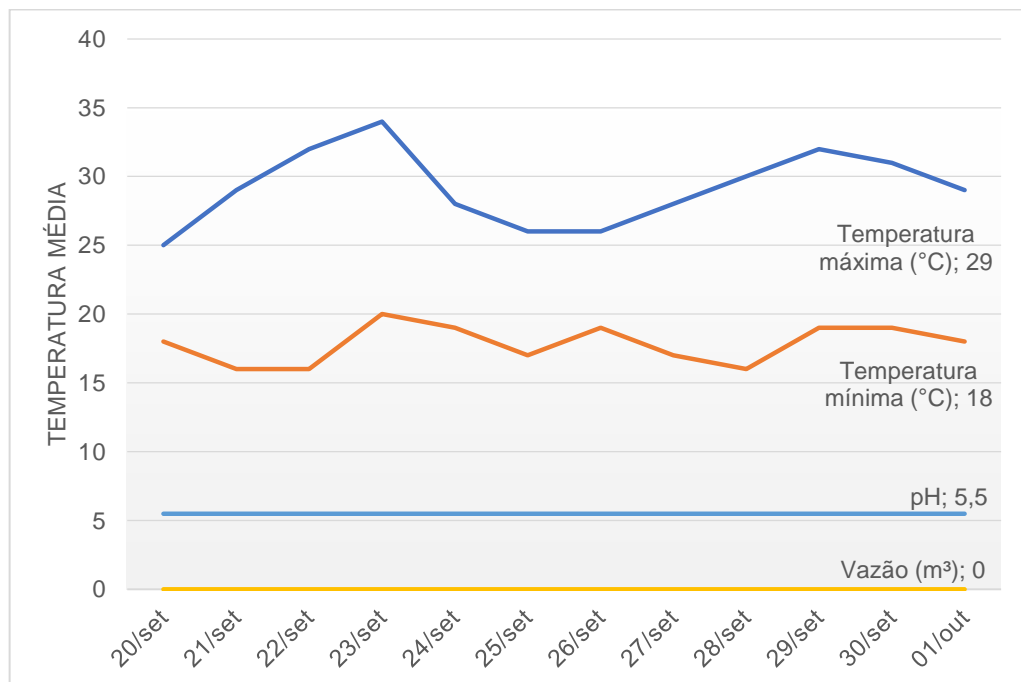
Como o volume de dejetos suíno era pequeno em relação ao material orgânico urbano depositado dentro do biodigestor, a matéria ácida contaminou toda a mistura, acidificando o substrato.

Tabela 2: Temperatura, vazão e valor do pH registrados de 20 de setembro à 01 de outubro de 2018

Data	Temperatura máxima (°C)	Temperatura mínima (°C)	Temperatura média (°C)	Vazão (m³)	pH
20/set	25	18	21,5	0	5,5
21/set	29	16	22,5	0	5,5
22/set	32	16	24	0	5,5
23/set	34	20	27	0	5,5
24/set	28	19	23,5	0	5,5
25/set	26	17	21,5	0	5,5
26/set	26	19	22,5	0	5,5
27/set	28	17	22,5	0	5,5
28/set	30	16	23	0	5,5
29/set	32	19	25,5	0	5,5
30/set	31	19	25	0	5,5
01/out	29	18	23,5	0	5,5

Fonte: Os autores (2018)

Gráfico 1: Temperatura, vazão e valor do pH registrados de 20 de setembro à 01 de outubro de 2018



Fonte: Os autores (2018)

O pH de 5,5 muito abaixo da neutralidade (pH 7) induziu a tomada de decisão de recomeçar o experimento.

4.2 SEGUNDA PARTIDA

Após duas semanas de retenção do substrato dentro do biodigestor e não tendo obtido nenhum resultado satisfatório de produção de biogás, esvaziou-se o tanque de digestão quase que por completo e foi alimentado o mesmo novamente, desta vez foi utilizado somente 750 litros de dejetos suíno. Sabe-se que alguma sobra de material pode ter ficado dentro do biodigestor após o descarregamento, mas a quantidade que restou é insuficiente para prejudicar a biodigestão.

Como todo o material que alimentou o biodigestor foi coletado de uma pocilga, coletamos o pH por amostragem das bombonas de dejetos, para que nessa etapa, de acordo com a bibliografia estudada, toda a matéria prima estivesse em estado próximo do neutro. Das quarenta bombonas de dejetos, foram coletadas seis amostras para medir o pH, que apresentaram neutralidade, ou seja, pH acima de 7, de acordo com Figura 19.

Figura 19: Testes do pH do dejetos suíno da segunda partida



Fonte: Os autores (2018)

O material, assim como da primeira vez, foi coletado com bombonas, que antes continham somente água, sendo novamente tampadas com luvas, utilizando-se somente materiais poliméricos e sem nenhum tipo de infectante que prejudicasse o substrato, conforme apresentado na Figura 20.

Figura 20: Bombonas contendo dejetos suíno para segunda partida



Fonte: Os autores (2018)

Após o material ser depositado no biodigestor, nos primeiros dias, realizou-se o acompanhamento da temperatura ambiente para averiguarmos sua participação no processo.

Passados alguns dias começaram a despontar os primeiros resultados. Com o desenvolvimento das novas colônias de bactérias dentro do biodigestor, a produção de gás inicia-se a partir do dia 11 de outubro de 2018, a partir de então mantendo uma produção mais contínua de gás.

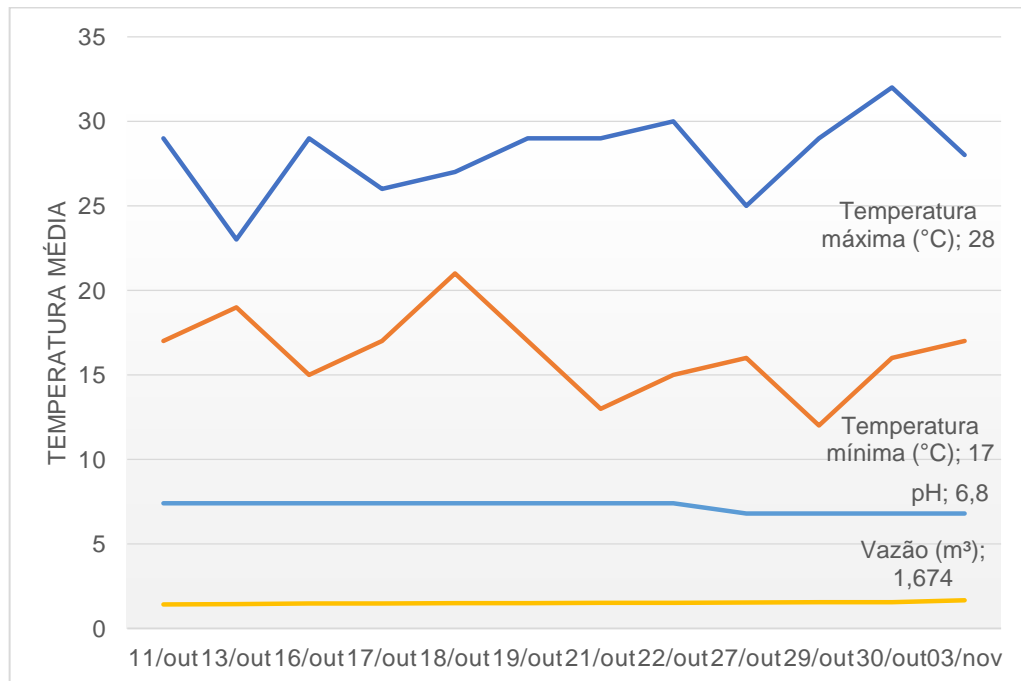
A temperatura em todo o processo da segunda partida apresentou-se bastante variável. Inicialmente, ao abastecer o equipamento, registrou-se temperaturas mais baixas, porém a temperatura se elevou alguns dias depois da partida. Essa variação impactou fortemente na produção de gás do biodigestor, conforme os resultados apresentados na Tabela 3 e Gráfico 2.

Tabela 3: Temperatura, vazão e valor do pH registrados de 11 de outubro à 03 de novembro de 2018

Data	Temperatura máxima (°C)	Temperatura mínima (°C)	Temperatura média (°C)	Vazão (m ³)	pH
11/out	29	17	23	1,429	7,4
13/out	23	19	21	1,448	7,4
16/out	29	15	22	1,477	7,4
17/out	26	17	21,5	1,484	7,4
18/out	27	21	24	1,5	7,4
19/out	29	17	23	1,506	7,4
21/out	29	13	21	1,515	7,4
22/out	30	15	22,5	1,518	7,4
27/out	25	16	20,5	1,53	6,8
29/out	29	12	20,5	1,553	6,8
30/out	32	16	24	1,566	6,8
03/nov	28	17	22,5	1,674	6,8

Fonte: Os autores (2018)

Gráfico 2: Temperatura, vazão e valor do pH registrados de 11 de outubro à 03 de novembro de 2018



Fonte: Os autores (2018)

Pode-se observar que à medida que o calor aumentava, a produção de biogás diminuía. Após alguns dias de temperaturas mais baixas a produção de gás novamente aumentava. Esse fenômeno explica que os microrganismos mais adaptados ao biodigestor eram de temperaturas mais baixas.

A produção de biogás pelas bactérias e arqueas dentro do biodigestor não foi interrompida. Para manter os microrganismos ativos, em um período próximo, deve-se realimentar o equipamento para que continuem a produzir biogás.

CONCLUSÃO

O principal objetivo deste trabalho foi explorar as condições de partida de um biodigestor de resíduos orgânicos urbanos. Considerando que a variação de materiais orgânicos provenientes da coleta urbana apresenta parâmetros que não sejam adequados para compor o substrato que será digerido dentro do biodigestor, suas características podem não favorecer o desenvolvimento das bactérias e arqueas e conseqüentemente inviabilizar a produção de biogás.

Ter parâmetros do substrato balanceados para a digestão das bactérias, além de evitar um desequilíbrio dos microrganismos do reator com a acidificação do substrato, viabiliza a produção de biogás. Ter o pH do substrato neutralizado, por exemplo, influencia diretamente na partida do biodigestor anaeróbico, assim como a variação de temperatura está diretamente relacionada com a produção de biogás.

Além do objetivo geral, também os objetivos específicos foram alcançados no decorrer do trabalho. O desenvolvimento de um triturador para a preparação do resíduo orgânico urbano antes do material ser disposto dentro biodigestor foi alcançado com êxito. O equipamento, de acordo com o projeto do APÊNDICE A, foi prototipado e encontra-se junto ao biodigestor.

A primeira seleção do substrato foi realizada a partir do momento que alimentamos o tanque de digestão. Todo o material foi coletado em restaurante e supermercado justamente para termos uma diversidade de alimentos conhecidos que estariam formando o substrato. Também para que pudessem ser identificados os alimentos, no caso de insucesso.

De acordo com os testes realizados na “primeira partida”, e comparando com os da “segunda partida”, pode ser observada a interferência do pH na digestão dos microrganismos. Substratos que não estejam próximos da neutralidade não permitem a formação de certas colônias de bactérias, impossibilitando a formação de biogás.

Com a produção de biogás, a partir da “segunda partida”, pode-se concluir que a oscilação da temperatura não favorece o desenvolvimento dos microrganismos. O estado controlado e ameno da temperatura fornece um dos

requisitos para o desenvolvimento das bactérias e a consequente produção do biodigestor.

O objetivo específico de realizar o levantamento dos parâmetros para o funcionamento do biodigestor não foi atingido com sucesso, pelo período que o biodigestor esteve disponível para testes práticos.

De acordo com as hipóteses do presente trabalho, conclui-se que a pesquisa corroborou de que o pH do resíduo orgânico urbano tem influência direta na operação do biodigestor e nas condições do substrato para partida.

A temperatura está diretamente relacionada com a produção de um biodigestor, mas a variação dela implica negativamente no desenvolvimento dos microrganismos.

A composição do material orgânico urbano tem influência principalmente na partida do biodigestor, pois o substrato ácido impede o trabalho das bactérias e arqueas.

Desta forma conclui-se que esse trabalho corroborou para certificar de que os microrganismos de digestão anaeróbica precisam de um ambiente estável e neutralizado para a geração de biogás e fertilizante. Esses estudos abrem espaço para novas pesquisas identificar os gêneros e espécies de microrganismos presentes na biodigestão de lixo orgânico.

Recomenda-se também novas pesquisas com controle e estabilização das temperaturas, fazendo o isolamento térmico e condicionando termicamente o substrato antes de entrar no biodigestor.

Outra sugestão é que se pesquise substâncias que podem ser adicionadas ao substrato que uniformizam e neutralizam o pH do mesmo, para que todo o processo possa ser realizado antecipadamente não comprometendo a produção do biodigestor.

REFERÊNCIAS

- BLEY JR., C. **Biogás: a energia invisível**. 2. ed. São Paulo: CIBiogás, 2015.
- BRASIL. Decreto-lei nº. 87.079, 1982. **Legislação Brasileira de resíduos sólidos e ambiental correlata**. Disponível em: <<http://www2.camara.leg.br/legin/fed/decret/1980-1987/decreto-87079-2-abril-1982-436644-publicacaooriginal-1-pe.html>>. Acesso em: 14 abr. 2018.
- DEUBLEIN, D.; STEINHAUSER, A. **Biogas from waste and renewable resources**. Deggendorf: Federal Republic of Germany, ISBN 978-3-527-31841-4, 2008.
- FDA USA. Food and Drug Administration. **Acidified and low-acid canned foods - Approximate pH of foods and food products**. Department of Health and Human Services, 2007.
- FNR. Fachagentur Nachwachsende Rohstoff e. V. **Guia prático do biogás: Geração e utilização**. Ministério da Nutrição, Agricultura e Defesa do Consumidor (BMELV), 2010.
- GIL, A.C. **Como elaborar projetos de pesquisa**. 4. ed. São Paulo: Atlas, 2002.
- HJORT-GREGERSEN, K. **Centralised biogas plants, integrated energy production, waste treatment and nutrient redistribution facilities**. Danish Institute of Agricultural and Fisheries Economics, 1999.
- ISO. **Standard 20675: Biogas – Biogas production, conditioning, upgrading and utilization – Terms, definitions and classification scheme**. Geneve: ISO, 2018.
- KOSSMANN, W.; PÖNITZ, U.; HABERMEHL, S.; HOERZ, T.; KRÄMER, P.; KLINGLER, B.; KELLNER, C.; WITTUR, T.; KLOPOTEK, F.; KRIEG, A.; EULER H. **Biogas Digest Volume I: Biogas Basics**. Information and Advisory Service on Appropriate Technology (ISAT) and Gesellschaft für Technische Zusammenarbeit (GTZ), 1997.
- LAO INDÚSTRIA. **Medidores de Gás**. Acessado em 03/10/2018. Disponível em: <<http://www.laoindustria.com.br/>>.
- MACIAS-CORRAL, M.; SAMANI, Z.; HANSON, A.; SMITH, G.; FUNK, P.; YU, H.; LONGWORTH, J. **Anaerobic Digestion of Municipal Solid Waste and Agricultural Waste and the Effect of Co-digestion With Dairy cow Manure**. Department of Civil Engineering, New Mexico State University. Las Cruces, USA. 2008.
- NETZSCH. **Bombas Helicoidais NEMO**. Acessado em 03/10/2018. Disponível em: <<https://www.netzsch.com.br/linha-produto/bombas-helicoidais-nemo>>.
- OSTREM, K.; THEMELIS, N.J. **Greening waste: Anaerobic digestion for treating the organic fraction of municipal solid wastes**. Columbia University, New York, 2004.

RAJA, I.A.; WAZIR, S. **Biogas Production: The Fundamental Processes**. PakistanCattlekit, Mohlin Lal, Pakistan: COMSATS Institute of Information Technology, 2017.

SANTOS, E. **Avaliação de um Trocador de Calor de Tubos Concêntricos, Contracorrente para Aquecimento de Dejetos de Suínos**. Horizontina, RS: Faculdade Horizontina, 2017.

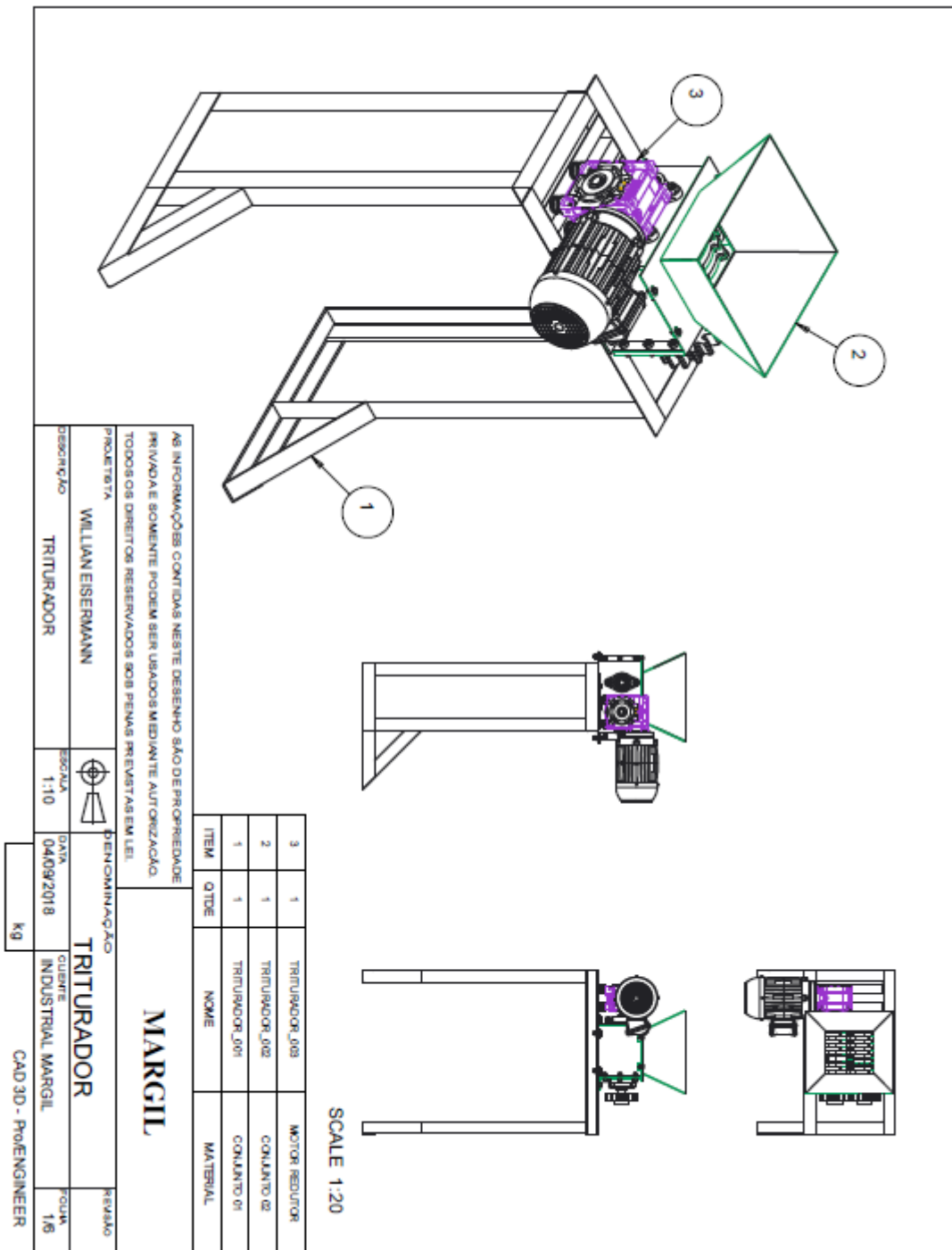
SEADI, T.A.; RUTZ, D.; PRASSL, H.; KÖTTNER, M.; FINSTERWALDER, T.; VOLK S.; JANSSEN, R. **Biogas handbook**. Esbjerg: University of Southern Denmark Esbjerg, ISBN 978-87-992962-0-0, 2008.

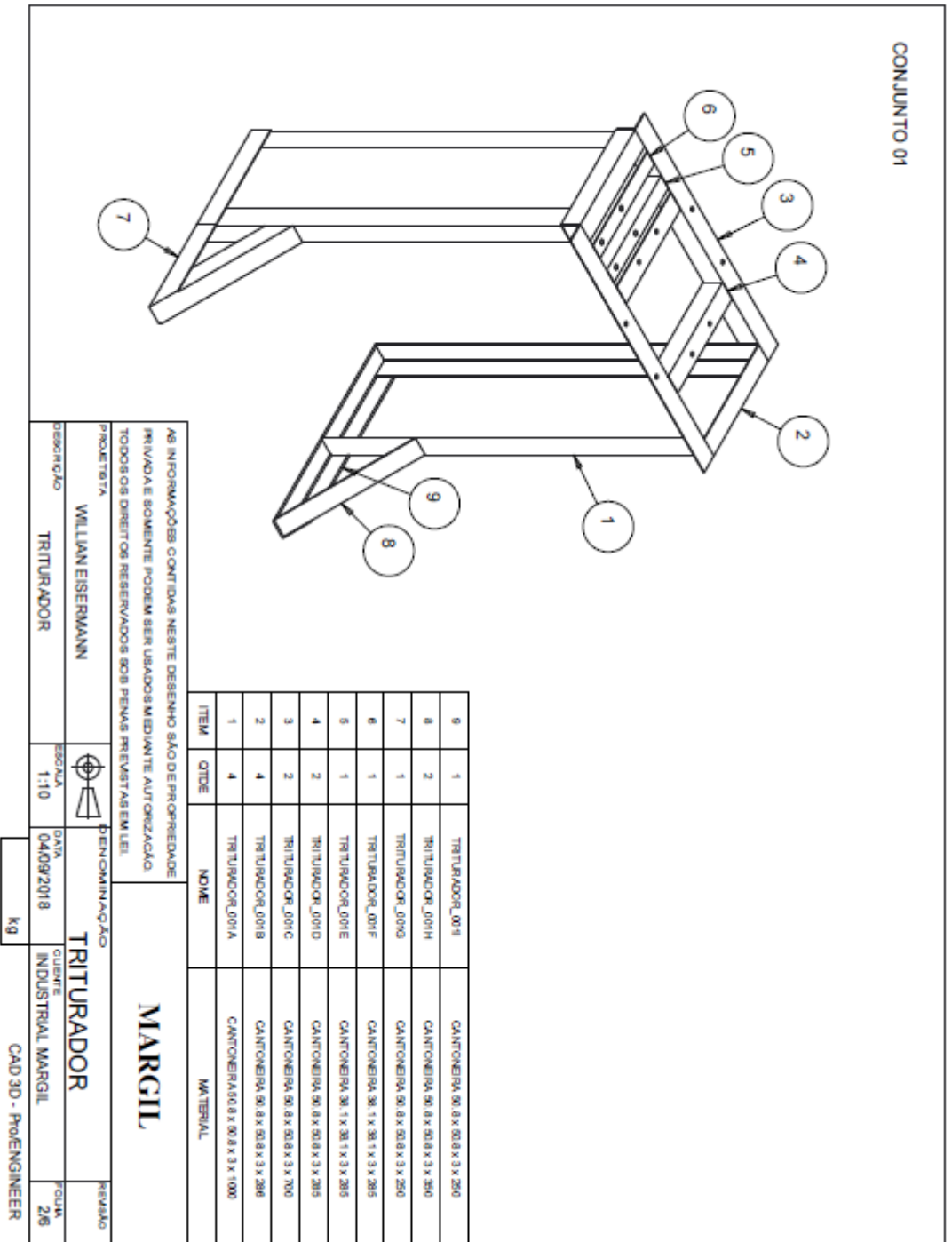
SHUBEITA, F.M.; WEBBER, T.; FERNANDES, R.; MARCON, C.; POEHLS, L. **Um estudo sobre monitoramento de controle de biodigestores de pequena escala**. Porto Alegre: PUCRS, 2014.

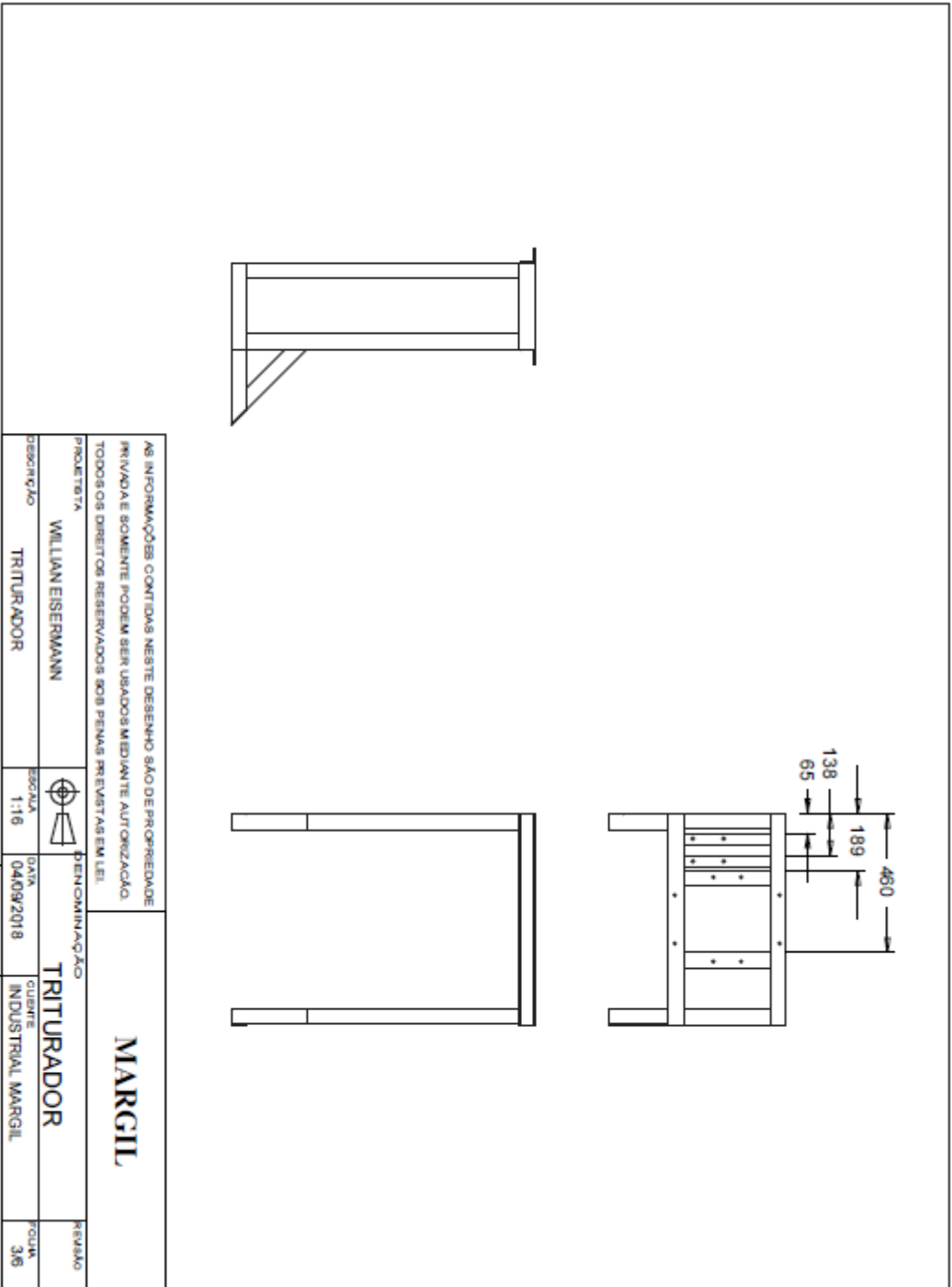
SHUBEITA, F.M. **Análise e modelagem de sistema de digestão anaeróbica monitorado para previsão e busca de eficiência de operação**. Porto Alegre: PUCRS, 2016.

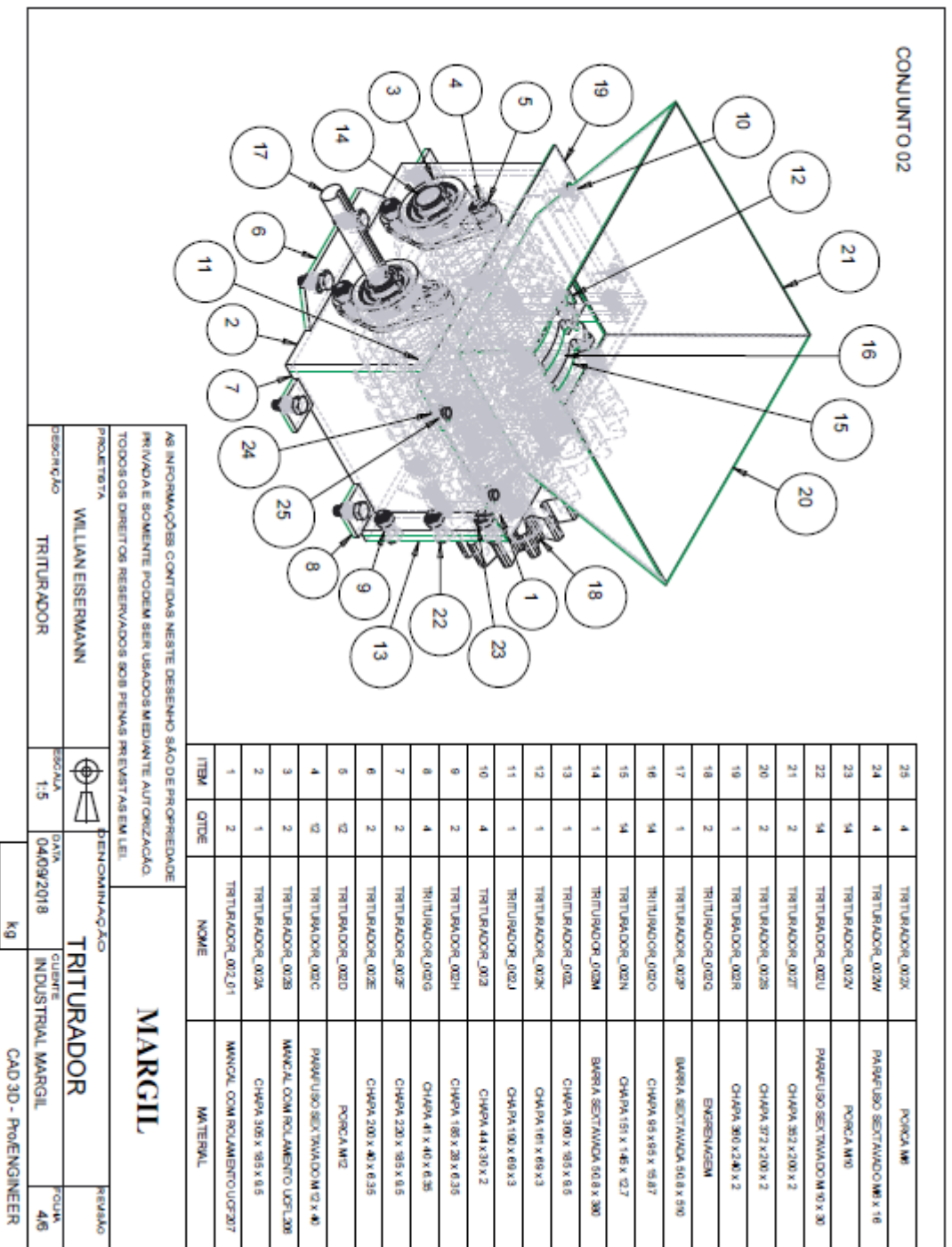
STROOT, P.G.; McMAHON, K.D.; MACKIE, R.I.; RASKIN, L. **Anaerobic Codigestion of Municipal Solid Waste and Biosolids Under Various Mixing Conditions – I. Digester Performance**. Department of Civil and Environmental Engineering, University of Illinois. Urbana, USA. 2008.

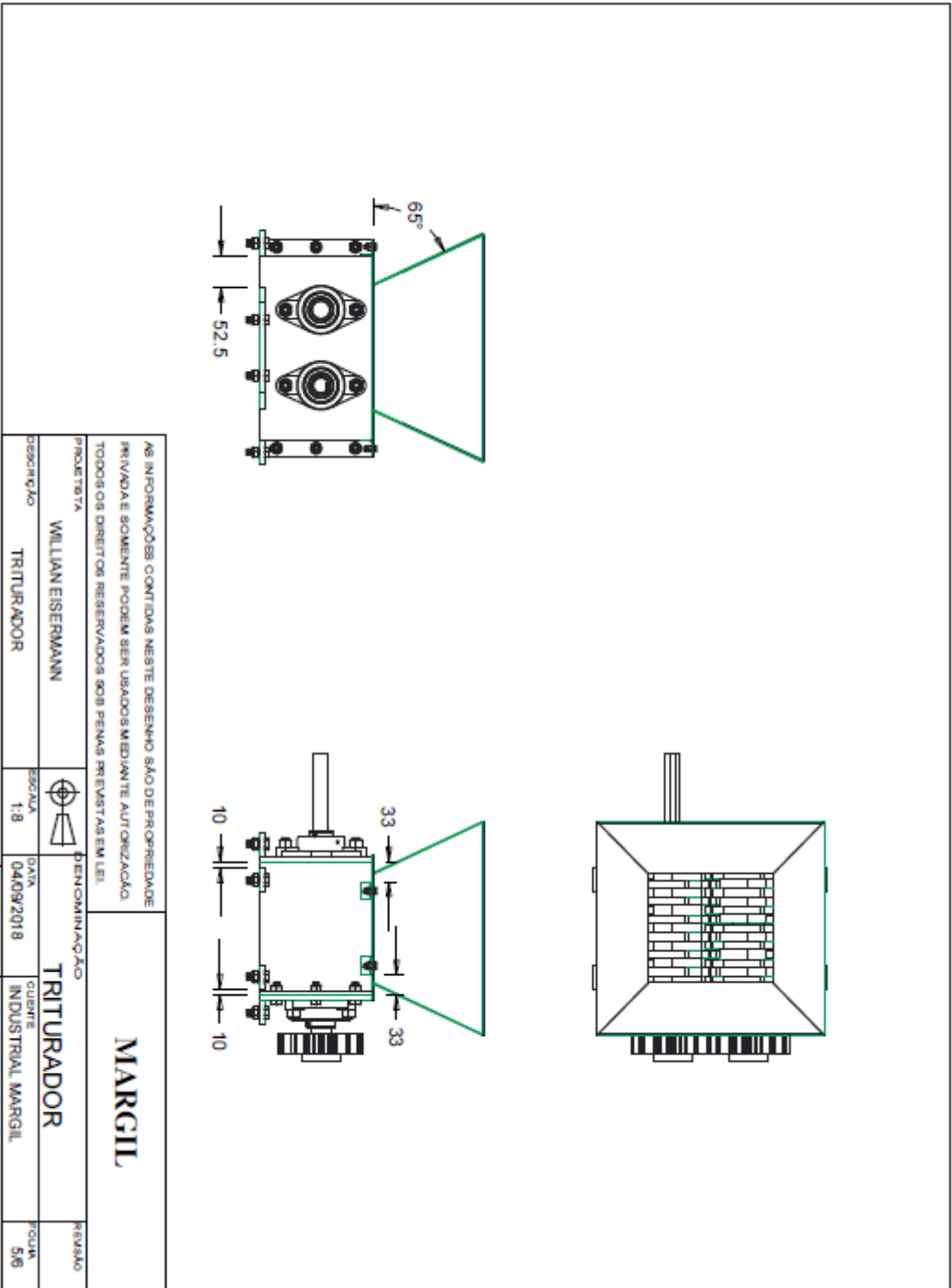
APÊNDICE A – DESENHO DO TRITURADOR DESENVOLVIDO









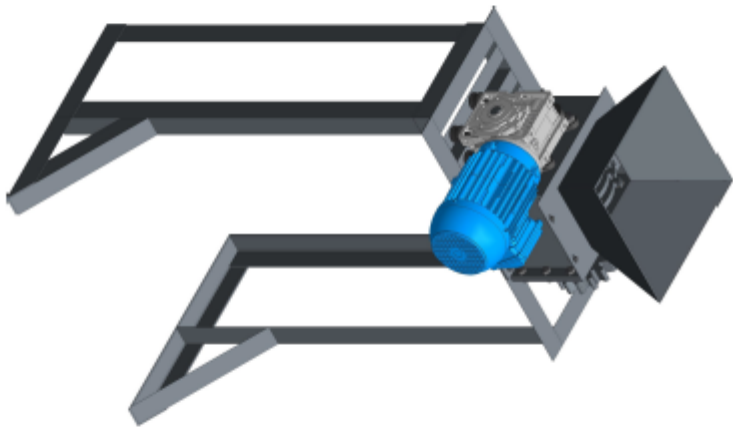



MARGIL

TRITURADOR

AS INFORMAÇÕES CONTIDAS NESTE DESENHO SÃO DE PROPRIEDADE PRIVADA E SOMENTE PODEM SER USADAS MEDIANTE AUTORIZAÇÃO. TODOS OS DIREITOS RESERVADOS SOB PENAS PREVISTAS EM LEI.

PROJETISTA	WILLIAN EISERMANN	ESCALA	1:8	DATA	04/09/2018	CLIENTE	INDUSTRIAL MARGIL	FOLHA	5/6
DESCRIÇÃO	TRITURADOR	DENOMINAÇÃO		K9		CAD 3D - PROENGINEER			



<p>AS INFORMAÇÕES CONTIDAS NESTE DESENHO SÃO DE PROPRIEDADE PRIVADA E SOMENTE PODEM SER USADAS MEDIANTE AUTORIZAÇÃO. TODOS OS DIREITOS RESERVADOS SOB PENAS PREVISTAS EM LEI.</p>		<p>MARGIL</p>	
PROJETISTA	WILLIAN EISERMANN		<p>DESCRIÇÃO</p> <p>TRITURADOR</p>
ESCALA	7:80	<p>DATA</p> <p>04/09/2018</p>	<p>CLIENTE</p> <p>INDUSTRIAL MARGIL</p>
<p>REVISÃO</p> <p>TRITURADOR</p>		<p>FORMA</p> <p>6/6</p>	<p>UNIDADE</p> <p>Kg</p>
<p>CAD 3D - PROENGINEER</p>			

ANEXO A – ESPÉCIES METANOGENICAS

Taxonomia	Espécies	Descrição	Metabolismo
Ordem: Methanobacteriales		Methanobacteriales são organismos Gram-positivos.	A divisão celular ocorre por fusão binária.
Ordem: Methanobacteriales Família: Methanobacteriaceae	<i>M. Defluvii</i> <i>M. Oryzae</i> <i>M. Thermofil exum</i>	As metanobacteriaceae são microorganismos em forma de bastonete e filamentosos. Suas paredes celulares não contêm uma camada S. A composição de base de DNA é 29 - 62 mol% G + C (guanina + citosina).	Seu ótimo crescimento situa-se entre 37 ° C e 70 ° C. Eles pegam sua energia de H ₂ ou formiato. Seis espécies crescem em formato, três espécies em 2 - propanol / CO ₂ .
Ordem: Methanobacteriales	<i>Mbr. Arboriphilus</i> <i>Mbr. Ruminantium</i> (tipo dominante em estômagos de gado)	Methanobrevibacter são bastonetes curtos, em forma de lanceta, que preferem viver em pares ou em cadeias. Algumas espécies possuem um flagelo.	Cofatores são obrigados pelo seu crescimento.
Família: Methanobacteriaceae	<i>Mbr. Smithii</i> (lodo de esgoto e cólons de mamíferos)	Duas espécies contêm treonina ou ornitina dentro de seus peptídeos; uma espécie possui exclusivamente GalN em vez de GlcN na cadeia glicana da pseudomureína.	Eles são capazes de usar formato. Eles crescem mesofilicamente.
Gênero: Methanobrevibacter	<i>Mbr. Curvatus</i> <i>Mbr. Cuticularis</i> <i>Mbr. Filiformis</i> <i>Mbr. Oralis</i>	Composição de base de DNA é 27 - 32 mol% G + C.	
Ordem: Methanobacteriales	<i>Mb. Alcaliphilum</i> <i>Mb. Bryantii</i>	Methanobacterium são hastes retas, longas, às vezes irregulares. Algumas espécies vivem em filamentos. Eles não têm um sistema locomotor.	Eles crescem em condições mesofílicas a termofílicas. Algumas espécies preferem um ambiente alcalino.
Família: Methanobacteriaceae	<i>Mb. Espanolae</i> <i>Mb. Formicicum</i>		

Taxonomia	Espécies	Descrição	Metabolismo
Gênero: Methanobacterium	<i>Mb. Ivanovii</i> <i>Mb. Palustre</i> <i>Mb. Thermoaggregans</i> <i>Mb. Uliginosum</i> <i>Mb. Subterraneum</i> <i>Mb. Thermoautotrophicum</i>	Composição de base de DNA é 33 - 61 mol% G + C.	
Ordem: Methanobacteriales Família: Methanobacteriaceae Gênero: Methanosphaera	<i>Msp. Cuniculi</i> <i>Msp. Stadtmanae</i>	<i>Methanosphaera</i> são células cocóides, vivendo isoladamente ou em clusters. Eles vivem no trato intestinal de seres humanos e coelhos. A <i>Pseudomureína</i> em suas paredes celulares contém Ser. A composição base do DNA é 23 - 26 mol% G + C.	Produzem metano a partir de metanol e H ₂ e não a partir de H ₂ , CO ₂ ou formiato, porque lhes falta uma redutase de CO ₂ e também um complexo metiltransferase (N ₅ - metil - tetrahidrometanopterin: coenzima M). O CO ₂ e o acetato servem como fontes de carbono.
Ordem: Methanobacteriales Família: Methanobacteriaceae Gênero: Methanothermobacter	<i>Met. Thermoautotrophicus</i> <i>Met. Wolfeii</i> <i>Met. Marburgensis</i>	Muito semelhante ao gênero <i>Methanobacterium</i>	
Ordem: Methanobacteriales Família: Methanothermaceae		Para ser encontrado em nascentes vulcânicas	
Ordem: Methanobacteriales	<i>Mt. Fervidus</i> <i>Mt. Sociabilis</i>	Methanothermus são hastes longas com uma parede celular de dupla camada composta por pseudomureína e uma camada de glicoproteína. Eles têm uma agelação polytrichous bipolar.	Eles crescem otimamente acima de 80 °C. A temperatura máxima de crescimento é 97 °C.

Taxonomia	Espécies	Descrição	Metabolismo
Família: Methanothermaceae Gênero: Methanothermus Ordem: Methanococcales		Sua composição de base de DNA é 33 - 34 mol% G + C. <i>Methanothermus.</i>	Eles vivem apenas de H ₂ e CO ₂ .
Ordem: Methanococcales Família: Methanococcaceae		<i>Metanococcaceae</i> são regulares a cocos formados irregulares, têm paredes celulares de proteína e se movem através de um flagelo polar.	O crescimento é estimulado pelo selênio. Todas as espécies tomam H ₂ e formam como doadores de elétrons e são prototróficas exceto <i>metanocaldococcus</i> e <i>methanoignis igneus</i> .
Ordem: Methanococcales	<i>Mc. Deltae</i> <i>Mc. Thermolithotrophicus</i>	<i>Metanococcus</i> são cocos Gram-negativos.	Eles crescem mesofilicamente para extremamente termofílicos.
Família: Methanococcaceae	<i>Mc. Vanniellii</i> * <i>Mc. Voltae</i> <i>Mc. Aeolicus</i>	Sua camada superficial é composta de subunidades proteicas não glicosiladas - apenas uma espécie possui C ₂₀ - isopranilgliceroléter em suas paredes celulares.	As fontes de energia são H ₂ / CO ₂ e formiato.
Gênero: Methanococcus		Sua composição de base de DNA é 30 - 41 mol% G + C. <i>Methanococcus jannaschii</i>	
Ordem: Methanococcales Família: Methanococcaceae Gênero: Methanothermococcus	<i>M. thermolithotrophicus</i>		
Ordem: Methanococcales	<i>Methanocaldococcus jannaschii</i> (Ost - Pazifik - Rücken)	<i>Metanocaldococcaceae</i> e são semelhantes às <i>Methanococcaceae</i> .	O gênero <i>Methanocaldococcus jannaschii</i> cresce mais rápido que todos os metanogênicos com um período de regeneração de 30 min.

Taxonomia	Espécies	Descrição	Metabolismo
Família: Methanocaldococcaceae	<i>M. Fervens</i> <i>M. Vulcanius</i> <i>Methanoignis igneus</i>	A composição de base do DNA é de 31 a - 33 mol% G + C.	
Ordem: Methanomicrobiales			Eles crescem apenas abaixo de 60 °C.
Ordem: Methanomicrobiales		<i>Metanomicrobiaceae</i> são Gram - negativos, cocos irregulares, bastonetes e espirilos.	Quase todas as espécies tomam H ₂ e formam como substrato, algum álcool secundário.
Família: Methanomicrobiaceae		As paredes celulares são de proteínas e os lipídios contêm éter de isopraniilglicerol C ₂₀ e C ₄₀ . Composição de base de DNA é 39 - 50 mol% G + C.	
Ordem: Methanomicrobiales Família: Methanomicrobiaceae Gênero: Methanomicrobium	<i>Mm. Mobile</i>	<i>Methanomicrobium</i> é curto e em forma de bastonete, com uma flagelação monótona. Sua composição de base de DNA é de 49 mol% G + C.	O acetato é necessário como uma fonte de carbono. H ₂ e formato servem como fonte de energia. No rúmen, um fator especial de crescimento pode ser encontrado.
Ordem: Methanomicrobiales Família: Methanomicrobiaceae	<i>Ml. Paynteri</i> *	<i>Metanolacinia</i> são bastonetes curtos e irregulares ou cocóides a células em forma de lobo sem flagelação. Sua parede celular é de poliaminas e padrões lipídicos.	Eles produzem metano a partir de H ₂ / CO ₂ , 2 - propanol / CO ₂ , 2 - butanol / CO ₂ e ciclopentanol / CO ₂ . O acetato é necessário. O formato não pode ser usado.
Gênero: Methanolacinia		Composição de base de DNA é 45 mol% G + C.	
Ordem: Methanomicrobiales Família: Methanomicrobiaceae	<i>Mg. Cariaci</i> <i>Mg. Liminatans</i> <i>Mg. Organophilum</i> <i>Mg. Tationis</i>	<i>Methanogenium</i> são cocos altamente irregulares com flagelação <i>Polytrichous</i> ou <i>Monotrichous</i> . Sua varinha celular está sem proteínas.	Eles vivem de H ₂ / CO ₂ , formato e, às vezes, álcoois. A maioria das cepas requer acetato como fonte de carbono. Duas espécies usam álcoois secundários.
Gênero: Methanogenium	<i>Mg. Frittonii</i> <i>Mg. Frigidum</i> (temperatura ótima 15 °C)	Sua composição de base de DNA é 47 - 52 mol% G + C.	Eles toleram altas concentrações de sal e crescem melhor em torno de 1 M Na ⁺ . Eles precisam de fatores de crescimento.

Taxonomia	Espécies	Descrição	Metabolismo
Ordem: Methanomicrobiales	<i>Mcl. Bourgense</i> * <i>Mcl. Marisnigri</i>	Metanoculleus são cocóides formados irregulares e Gram-negativos.	A maioria das espécies precisa de H ₂ / CO ₂ , formato e alguns álcoois secundários como substratos.
Família: Methanomicrobiaceae	<i>Mcl. Olentangyi</i> <i>Mcl. Thermophilicus</i>	A composição de base do DNA é 49 - 62 mol% G + C.	
Gênero: Methanoculleus			Sua melhor taxa de crescimento é em uma concentração de Na ⁺ de 0,1 a 0,4 M.
Ordem: Methanomicrobiales	<i>Mp. Endosymbiosus</i> <i>Mp. Limicola</i> <i>Mp. Petrolearius</i>	O <i>Metanoplanus</i> é Gram - negativo, em forma de placa com bordas agudas e com tufo polar de flagelos.	O acetato é absolutamente necessário como fonte de carbono. H ₂ e formato servem como doadores de elétrons.
Família: Methanomicrobiaceae		A parede celular consiste de uma camada de glicoproteína S.	
Gênero: Methanoplanus		Uma espécie vive junto com os ciliados marinhos e é responsável pela produção de metano nos sedimentos marinhos. Composição de base de DNA é 38 - 48 mol% G + C.	
Ordem: Methanomicrobiales Família: Methanomicrobiaceae Gênero: Methanofollis	<i>M. Tationis</i> <i>M. Liminatans</i>	Sua composição de base de DNA é 54 - 60 mol% G + C.	<i>Methanofollis</i> precisa formular como substrato.

Taxonomia	Espécies	Descrição	Metabolismo
<p>Ordem: Methanomicrobiales</p> <p>Família: Methanomicrobiaceae</p> <p>Gênero: Methanocalculus</p> <p>Ordem: Methanomicrobiales</p> <p>Família: Methanocorpusculaceae</p>	<p><i>M. halotolerans</i> (<i>Offshore Ölquelle</i>)</p>		<p>Metanocalculus cresce em 5% de NaCl e tolera até 12% de NaCl - um máximo para MO metanogênico.</p>
<p>Ordem: Methanomicrobiales</p> <p>Família: Methanocorpusculaceae</p> <p>Gênero: Methanocorpusculum</p> <p>Ordem: Methanomicrobiales</p> <p>Família: Methanospirillaceae</p>	<p><i>Mcp. Aggregans</i></p> <p><i>Mcp. Bavaricum</i></p> <p><i>Mcp. Labreanum</i></p> <p><i>Mcp. Parvum</i> *</p> <p><i>Mcp. Sinense</i></p>	<p><i>Metanocorpusculum</i> são cocos pequenos Gram-negativos (<1 µm) com flagelos polares.</p> <p>A composição de base do DNA é 48 - 52% molar G + C.</p>	<p>Eles tomam H₂ / CO₂, formato e algumas espécies, também 2 - propanol / CO₂. Acetato, extrato de levedura e tungstato são utilizados.</p>
<p>Ordem: Methanomicrobiales</p> <p>Família: Methanospirillaceae</p> <p>Gênero: Methanospirillum</p>	<p><i>Msp. Hungatei</i></p>	<p><i>Methanospirillum</i> criam hastes que formam longos filamentos nos quais as células únicas com flagelação polar são separadas por espaçadores.</p> <p>Várias células são envolvidas por uma bainha protéica resistente a SDS. A parede celular contém 70% de aminoácidos, 11% de lipídios e 6,6% de carboidratos. Di-isopropanil C₂₀ e isopropil-tetra-éter C₄₀ estão presentes na parede celular.</p> <p>Composição de base de DNA é 45 - 50 mol% G + C.</p>	<p>Todas as espécies tomam H₂ / CO₂ e formato, algumas espécies 2 - propanol e 2 - butanol como doadores de hidrogênio para a metanogênese do CO₂.</p>
<p>Ordem: Methanosarcinales</p>			

Taxonomia	Espécies	Descrição	Metabolismo
Ordem: Methanosarcinales Família: Methanosarcinaceae		Methanosarcinaceae são cocos Gram positivos ou Gram negativos que ocorrem isoladamente ou em grandes grupos.	O metanol e as metilaminas servem como fontes de carbono e energia. Algumas espécies também usam H ₂ / CO ₂ ou acetato. Dois gêneros contendo bastonetes usam apenas acetato como substrato.
Ordem: Methanosarcinales Família: Methanosarcinaceae	<i>Ms. Acetivorans</i> <i>Ms. Barkeri</i> * <i>Ms. Frisia</i> <i>Ms. Mazei</i>	A maioria das espécies são cocos Gram-positivos e contêm paredes celulares de metanocondroitina. <i>Citocromos</i> estão presentes. Suas paredes celulares consistem de N - acetil - D - galactosamina e D - glucurônico - ou ácido D - galacturônico em uma proporção molecular de 2: 1, bem como alguns D - glicose e traços de D - manose. Algumas espécies contêm apenas éter C ₂₀ - isopranilglicerol.	A demanda por nutrientes varia muito. A metanosarcina pode crescer em acetato, metanol, metilaminas e na maioria das espécies, também em H ₂ / CO ₂ . O formato não é usado.
Gênero: Methanosarcina	<i>Ms. Methanica</i> <i>Ms. Thermophila</i> <i>Ms. Vacuolata</i> <i>Ms. Siciliae</i>	Sua composição de base de DNA é 40 - 51 mol% G + C. <i>Methanosarcina Barkeri.</i>	Eles dominam muitos ecossistemas anaeróbios.
Ordem: Methanosarcinales Família: Methanosarcinaceae	<i>Mlb. Siciliae</i> <i>Mlb. Tindarius</i> <i>Mlb. Vulcani</i> <i>Mlb. Oregonensis</i>	<i>Methanolobus</i> tem uma flagelação monótono ou nenhum flagelo. Citocromos estão presentes. Sua composição de base de DNA é 39 - 46 mol% G + C.	<i>Methanolobus</i> são metilotróficos obrigatórios. Eles só podem usar metanol e metilaminas como fontes de energia e carbono.
Gênero: Methanolobus			São principalmente mesofílicos e preferem concentrações salinas de 0,5 - 1,5 M.
Ordem: Methanosarcinales	<i>Mcc. Methylytens</i> <i>Mcc. Burtonii</i> (da Antártida)	<i>Metanococcooides</i> são muito semelhantes ao metanolobus.	A concentração de sal (NaCl) preferida é de 0,2 - 0,6 M. O magnésio (50 mM) é essencial.

Taxonomia	Espécies	Descrição	Metabolismo
Família: Methanosarcinaceae		Sua membrana citoplasmática contém apenas dieter C ₂₀ - isopranyl.	
Gênero: Methanococoides		Composição de base de DNA é 40 - 42 mol% G + C.	
Ordem: Methanosarcinales Família: Methanosarcinaceae	<i>Mh. Halophilus</i> <i>Mh. Mahii</i> <i>Mh. Oregonense</i> <i>Mh. Eupalobius</i>	<i>Methanohalophilus</i> são cocos formados irregularmente.	Eles são moderadamente halofílicos - a concentração de sal ideal é de 0,6 a 2,5 M NaCl. A parede celular é degradável com 0,05% de dodecilsulfato de sódio.
Gênero: Methanohalophilus		A composição de base do DNA é 38 - 49 mol% G + C.	Eles tomam metilamina ou metanol como substrato <i>Methanohalophilus</i> .
Ordem: Methanosarcinales Família: Methanosarcinaceae Gênero: Methanosalsus	<i>Ms. Zhilinae</i>	Sua composição de base de DNA é de 38 mol% G + C.	Os <i>Methanosalsus</i> são capazes de catabolizar o sulfeto de dimetila.
Ordem: Methanosarcinales Família: Methanosarcinaceae	<i>Mhm. evestigatus</i> *	<i>Methanohalobium</i> são células planas irregulares. As paredes celulares não são degradadas em dodecil sulfato de sódio (0,05%).	Eles são extremamente halofílicos: a salinidade ótima é 2,5 - 4,3 M NaCl (25%) a uma temperatura de 50 ° C.
Gênero: Methanohalobium			Apenas a metilamina, nem mesmo o metanol, serve como substrato.
Ordem: Methanosarcinales	<i>Hmc. Doii</i> *	<i>Halomethanococcus</i> são cocos formados de maneira diferente.	Eles preferem temperaturas de 5 - 45 ° C com uma temperatura ótima de 35 ° C.
Família: Methanosarcinaceae		A composição base do DNA é 43 mol% G + C.	Seu teor mínimo de sal é 1,8 M NaCl, a salinidade ótima é 3,0 M NaCl.
Gênero: Halomethanococcus			Eles tomam metilamina e metanol como substratos. O acetato e o líquido do rúmen são essenciais para o seu crescimento.

Taxonomia	Espécies	Descrição	Metabolismo
Ordem: Methanosarcinales Família: Methanosaetaceae			
Ordem: Methanosarcinales Família: Methanosaetaceae Gênero: Methanosaeta	<i>Mst. Concilii</i> (statt früher <i>Methanotrix soehngeni</i>), <i>Mst. Thermophila</i> (statt früher <i>Mst. Thermoacetophila</i>)	<i>Methanosaeta</i> em um estado sólido após 154 dias. As <i>Methanosaetas</i> são células Gram-negativas com tamanho de cerca de 0,8 a 3,3 µm, com uma forma de bastão típica de bambu e extremidades planas. Conglomerados, na maioria das vezes centenas de células isoladas, são envoltos por uma camada de mucilagem composta por proteínas glicolíferas fibrosas. A composição de base do DNA é 50 - 61 mol% G + C.	<i>Methanosaeta</i> leva apenas o acetato como fonte de energia, que é degradada em metano e CO ₂ . <i>Methanosaeta</i> tem alta afinidade e concentração limiar muito baixa em substratos usuais. Portanto, o microorganismo pode ser encontrado especialmente em locais com baixa concentração de acetato. Nas fases anaeróbicas das estações de tratamento de esgotos municipais com tempos de retenção superiores a 15 dias a 35 ° C, a <i>Methanosaeta</i> é dominante. O gênero tem uma baixa taxa de crescimento e um tempo de duplicação de 4-7 dias a 37 ° C.
Ordem: Methanopyrales			
Ordem: Methanopyrales	<i>Methanopyrus Kandleri</i>	<i>Methanopyraceae</i> são Gram-positivas com uma parede celular de pseudomureína contendo ornitina e lisina, mas não com N - acetilglucosamina. O principal lipídio consiste em fitoterilo.	<i>Metanopirenos</i> crescem a 110 °C e uma salinidade de 4%.
Família: Methanopyraceae		A composição de base do DNA é 60 mol% G + C.	Na presença de enxofre, formam H ₂ S.

Fonte: Deublein e Steinhauser (2008) (tradução nossa)

ANEXO B - MICRORGANISMOS IDENTIFICADOS NA TESE DE FAUZI DE MORAIS SHUBEITA

Microorganismo	Etapa
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Syntrophobacterales;f__Syntrophaceae;Other	Acetogênese
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Peptococcaceae;g__Dehalobacter_Syntrophobotulus	Acetogênese
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Syntrophobacterales;f__Syntrophobacteraceae;g__Syntrophobacter	Acetogênese
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Syntrophobacterales;f__Syntrophaceae;g__Syntrophus	Acetogênese (syntrophy)
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Syntrophobacterales;f__Syntrophaceae;g__	Acetogênese (syntrophy)
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Syntrophomonadaceae;g__Syntrophomonas	Acetogênese (syntrophy)
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Peptococcaceae;g__Pelotomaculum	Acetogênese (syntrophy)
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Desulfuromonadales;f__Geobacteraceae;g__Geobacter	Acetogênese (syntrophy)
k__Bacteria;p__Synergistetes;c__Synergistia;o__Synergistales;f__Dethiosulfovibrionaceae;g__Aminobacterium	Acetogênese (syntrophy)
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__Anaerolineae;o__Anaerolineales;f__Anaerolinaceae;g__SHD-231	Acidogênese
k__Bacteria;p__Acidobacteria;c__BPC102;o__MVS-40;f__g__	Acidogênese
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Porphyromonadaceae;g__Paludibacter	Acidogênese
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Flavobacteriia;o__Flavobacteriales;f__[Weeksellaceae];g__Wautersiella	Acidogênese
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Epsilonproteobacteria;o__Campylobacterales;f__Campylobacteraceae;g__Campylobacter	Acidogênese
k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Actinomycetales;f__Micrococcaceae;g__Micrococcus	Acidogênese
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Flavobacteriia;o__Flavobacteriales;f__Flavobacteriaceae;g__Aequorivita	Acidogênese
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Flavobacteriia;o__Flavobacteriales;f__Flavobacteriaceae;g__Flavobacterium	Acidogênese
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Flavobacteriia;o__Flavobacteriales;f__[Weeksellaceae];g__	Acidogênese
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Flavobacteriia;o__Flavobacteriales;f__Cryomorphaceae;g__	Acidogênese
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Flavobacteriia;o__Flavobacteriales;f__Flavobacteriaceae;g__	Acidogênese
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Flavobacteriia;o__Flavobacteriales;f__Flavobacteriaceae;Other	Acidogênese
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__g__	Hidrólise
k__Bacteria;p__Synergistetes;c__Synergistia;o__Synergistales;f__Dethiosulfovibrionaceae;g__HA73	Hidrólise

Microorganismo	Etapa
k__Bacteria;p__Synergistetes;c__Synergistia;o__Synergistales;f__Synergistaceae;g__vadinCA02	Hidrólise
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__Anaerolineae;o__Anaerolineales;f__Anaerolinaceae;g__T78	Hidrólise
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__;g__	Hidrólise
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Ruminococcaceae;g__	Hidrólise
k__Bacteria;p__Spirochaetes;c__Spirochaetes;o__Spirochaetales;f__Spirochaetaceae;g__Treponema	Hidrólise
k__Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__Opitutae;o__Puniceicoccales;f__Puniceicocaceae;g__	Hidrólise
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Porphyromonadaceae;g__	Hidrólise
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Bacteroidaceae;g__BF311	Hidrólise
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__[Tissierellaceae];g__Sedimentibacter	Hidrólise
k__Bacteria;p__Fibrobacteres;c__Fibrobacteria;o__Fibrobacterales;f__Fibrobacteraceae;g__Fibrobacter	Hidrólise
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Bacteroidaceae;g__	Hidrólise
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Ruminococcaceae;g__Ruminococcus	Hidrólise
k__Bacteria;p__Synergistetes;c__Synergistia;o__Synergistales;f__Thermovirgaceae;g__	Hidrólise
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Bacteroidaceae;g__Bacteroides	Hidrólise
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__[Tissierellaceae];g__Tissierella_Soehngenia	Hidrólise
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Lachnospiraceae;g__Butyrivibrio	Hidrólise
k__Bacteria;p__Thermotogae;c__Thermotogae;o__Thermotogales;f__Thermotogaceae;g__Kosmotoga	Hidrólise
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Bacilli;o__Lactobacillales;f__Carnobacteriaceae;g__Trichococcus	Hidrólise
k__Bacteria;p__Tenericutes;c__Mollicutes;o__Acholeplasmatales;f__Acholeplasmataceae;g__Acholeplasma	Hidrólise
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__[Tissierellaceae];g__	Hidrólise
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Clostridiaceae;g__Proteiniclasticum	Hidrólise
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__[Mogibacteriaceae];g__Anaerovorax	Hidrólise
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__[Tissierellaceae];g__Helcococcus	Hidrólise
k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Bifidobacteriales;f__Bifidobacteriaceae;g__Bifidobacterium	Hidrólise
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__[Tissierellaceae];g__GW-34	Hidrólise
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__[Tissierellaceae];g__ph2	Hidrólise

Microrganismo	Etapa
k__Bacteria;p__Tenericutes;c__Mollicutes;o__Acholeplasmatales;f__Acholeplasmataceae;g__	Hidrólise
k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Actinomycetales;f__Corynebacteriaceae;g__Corynebacterium	Hidrólise
k__Bacteria;p__Tenericutes;c__Mollicutes;o__;f__;g__	Hidrólise
k__Bacteria;p__Tenericutes;c__Mollicutes;o__Mycoplasmatales;f__Mycoplasmataceae;g__	Hidrólise
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Clostridiaceae;g__Clostridium	Hidrólise / acetogênese
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Clostridiaceae;g__	Hidrólise / acetogênese
k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Methanomicrobia;o__Methanomicrobiales;f__Methanocorpusculaceae;g__Methanocorpusculum	Metanogênese
k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Methanomicrobia;o__Methanosarcinales;f__Methanosarcinaceae;g__Methanosarcina	Metanogênese
k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Thermoplasmata;o__E2;f__[Methanomassiliicocaceae];g__vadinCA11	Metanogênese
k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Methanobacteria;o__Methanobacteriales;f__Methanobacteriaceae;g__Methanobrevibacter	Metanogênese
k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Thermoplasmata;o__E2;f__[Methanomassiliicocaceae];g__Methanomassiliicoccus	Metanogênese
k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Methanobacteria;o__Methanobacteriales;f__Methanobacteriaceae;g__Methanobacterium	Metanogênese
k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Methanobacteria;o__Methanobacteriales;f__Methanobacteriaceae;g__Methanosphaera	Metanogênese
k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Methanomicrobia;o__Methanomicrobiales;f__Methanospirillaceae;g__Methanospirillum	Metanogênese
k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Methanomicrobia;o__Methanomicrobiales;f__Methanomicrobiaceae;g__Methanoculleus	Metanogênese
k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Methanomicrobia;o__Methanomicrobiales;f__Methanoregulaceae;g__Candidatus Methanoregula	Metanogênese
k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Methanomicrobia;o__Methanosarcinales;f__Methanosarcinaceae;g__Methanosarcina	Metanogênese
k__Bacteria;p__GN04;c__GN15;o__;f__;g__	
k__Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__[Pedosphaerae];o__[Pedosphaerales];f__R4-41B;g__	
k__Archaea;p__Crenarchaeota;c__MCG;o__pGrfC26;f__;g__	
k__Bacteria;p__Spirochaetes;c__MVP-15;o__PL-11B10;f__;g__	
k__Bacteria;p__LD1;c__;o__;f__;g__	
k__Bacteria;p__Planctomycetes;c__Phycisphaerae;o__MSBL9;f__;g__	
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Marinilabiaceae;g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Desulfobacteriales;f__Desulfobacteraceae;g__Desulfococcus	
k__Bacteria;p__Armatimonadetes;c__SJA-176;o__RB046;f__;g__	
k__Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__Verruco-5;o__R76-B128;f__;g__	
k__Bacteria;p__Lentisphaerae;c__[Lentisphaeria];o__Z20;f__R4-45B;g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Syntrophobacteriales;f__Syntrophorhabdaceae;g__	

Microorganismo	Etapa
k__Bacteria;p__OP9;c__OPB46;o__SHA-1;f__g__	
k__Bacteria;p__Planctomycetes;c__Planctomycetia;o__Pirellulales;f__Pirellulaceae;g__	
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__Anaerolineae;o__Anaerolineales;f__Anaerolinaceae;g__	
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__Anaerolineae;o__SHA-20;f__g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Christensenellaceae;g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__OPB54;f__g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__[Mogibacteriaceae];g__Mogibacterium	
k__Bacteria;p__NKB19;c__noFP_H4;o__f__g__	
k__Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__Verruco-5;o__LD1-PB3;f__g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Veillonellaceae;g__vadinHB04	
k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Thermoleophilia;o__f__g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Bacilli;o__Lactobacillales;f__Aerococcaceae;g__Facklamia	
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__SB-1;g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Lachnospiraceae;g__	
k__Bacteria;p__Fibrobacteres;c__TG3;o__TG3-1;f__TSCOR003-O20;g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Erysipelotrichi;o__Erysipelotrichales;f__Erysipelotrichaceae;g__RFN20	
k__Bacteria;p__WS1;c__o__f__g__	
k__Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__Verruco-5;o__WCHB1-41;f__g__	
k__Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__Verruco-5;o__WCHB1-41;f__RFP12;g__	
k__Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__Verruco-5;o__WCHB1-41;f__WCHB1-25;g__	
k__Bacteria;p__Synergistetes;c__Synergistia;o__Synergistales;Other;Other	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Pseudomonadales;f__Moraxellaceae;g__Acinetobacter	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;Other;Other	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__[Mogibacteriaceae];g__	
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__Anaerolineae;o__SJA-15;f__g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Desulfarculales;f__Desulfarculaceae;g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Veillonellaceae;g__Phascolarctobacterium	
k__Bacteria;p__Fusobacteria;c__Fusobacteriia;o__Fusobacteriales;f__g__	
k__Bacteria;p__Spirochaetes;c__[Leptospirae];o__[Leptospirales];f__Sediment-4;g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Ruminococcaceae;g__Oscillospira	
k__Bacteria;p__Cyanobacteria;c__4C0d-2;o__YS2;f__g__	
k__Bacteria;p__Planctomycetes;c__Phycisphaerae;o__SHA-43;f__g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Xanthomonadales;f__Xanthomonadaceae;g__Luteimonas	
k__Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__Opitutae;o__Opitutales;f__Opitutaceae;g__	

Microorganismo	Etapa
k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__WCHB1-81;f__At425_EubF1;g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Lachnospiraceae;g__Coproccoccus	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Bacilli;o__Lactobacillales;f__Aerococcaceae;g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Myxococcales;f__0319-6G20;g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Lachnospiraceae;g__Dorea	
k__Bacteria;p__OD1;c__o__;f__;g__	
k__Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__Verrucomicrobiae;o__Verrucomicrobiales;f__Verrucomicrobiaceae;g__Luteolibacter	
k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Thermoplasmata;o__E2;f__[Methanomassiliicocaceae];g__	
k__Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__[Pedosphaerae];o__[Pedosphaerales];f__Ellin515;g__	
k__Bacteria;p__Synergistetes;c__Synergistia;o__Synergistales;f__Dethiosulfovibrionaceae;g__	
k__Bacteria;p__WS3;c__PRR-12;o__;f__;g__	
k__Bacteria;p__Thermotogae;c__Thermotogae;o__Thermotogales;f__Thermotogaceae;g__SC103	
k__Bacteria;p__Lentisphaerae;c__[Lentisphaeria];o__Victivallales;f__Victivallaceae;g__	
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__Dehalococcoidetes;o__Dehalococcoidales;f__Dehalococcoidaceae;g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Lachnospiraceae;Other	
k__Bacteria;p__Spirochaetes;c__[Leptospirae];o__[Leptospirales];f__Sediment-4;g__SJA-88	
k__Bacteria;p__[Thermi];c__Deinococci;o__Deinococcales;f__Trueperaceae;g__B-42	
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__p-2534-18B5;g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Myxococcales;f__;g__	
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__Anaerolineae;o__Anaerolineales;f__Anaerolinaceae;g__WCHB1-05	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__;f__;g__	
k__Bacteria;p__Chlorobi;c__OPB56;o__;f__;g__	
k__Bacteria;p__OP3;c__PBS-25;o__);f__;g__	
k__Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__Verruco-5;o__);f__;g__	
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__Dehalococcoidetes;o__FS117-23B-02;f__;g__	
k__Bacteria;p__Planctomycetes;c__Phycisphaerae;o__AKAU3564;f__;g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Dehalobacteriaceae;g__Dehalobacterium	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Desulfovibrionales;f__Desulfomicrobiaceae;g__Desulfomicrobium	
k__Bacteria;Other;Other;Other;Other;Other	
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Marinilabiaceae;g__Cytophaga	
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Rikenellaceae;g__	
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__Anaerolineae;o__GCA004;f__;g__	

Microorganismo	Etapa
k__Bacteria;p__Fibrobacteres;c__Fibrobacteria;o__Fibrobacterales;f__g__	
k__Bacteria;p__NKB19;c__TSBW08;o__f__g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__GW-28;f__g__	
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Porphyromonadaceae;g__Parabacteroides	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Betaproteobacteria;o__Burkholderiales;f__Comamonadaceae;g__	
k__Bacteria;p__WWE1;c__[Cloacamonae];o__[Cloacamonales];f__[Cloacamonaceae];g__Candidatus Cloacamonas	
k__Bacteria;p__Acidobacteria;c__Acidobacteria-6;o__iii1-15;f__g__	
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__Anaerolineae;o__Anaerolineales;f__Anaerolinaceae;g__Anaerolinea	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Clostridiaceae;Other	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Peptococcaceae;g__Sporotomaculum	
k__Bacteria;p__NKB19;c__o__f__g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Betaproteobacteria;o__Burkholderiales;f__Oxalobacteraceae;g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Aeromonadales;f__Succinivibrionaceae;g__Succinivibrio	
k__Bacteria;p__Tenericutes;c__RF3;o__ML615J-28;f__g__	
k__Bacteria;p__Elusimicrobia;c__Endomicrobia;o__f__g__	
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Bacteroidaceae;g__5-7N15	
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;Other;Other	
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__Anaerolineae;o__SBR1031;f__SHA-31;g__	
k__Bacteria;p__OD1;c__ABY1;o__f__g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Xanthomonadales;f__Xanthomonadaceae;g__	
k__Bacteria;p__Synergistetes;c__Synergistia;o__Synergistales;f__Dethiosulfovibrionaceae;g__PD-UASB-13	
k__Bacteria;p__WPS-2;c__o__f__g__	
k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Coriobacteriia;o__Coriobacteriales;f__Coriobacteriaceae;g__	
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__RF16;g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Bacilli;o__Turicibacterales;f__Turicibacteraceae;g__Turicibacter	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Eubacteriaceae;g__	
k__Bacteria;p__OP1;c__MSBL6;o__f__g__	
k__Bacteria;p__Planctomycetes;c__Phycisphaerae;o__Pla1;f__g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Alphaproteobacteria;o__Rhodobacterales;f__Rhodobacteraceae;g__	
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__[Paraprevotellaceae];g__CF231	
k__Bacteria;p__Planctomycetes;c__Planctomycetia;o__Planctomycetales;f__Planctomycetaceae;g__Planctomyces	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Betaproteobacteria;o__Burkholderiales;f__Comamonadaceae;Other	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Aeromonadales;f__Succinivibrionaceae;g__Ruminobacter	

Microrganismo	Etapa
k__Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__Verrucomicrobiae;o__Verrucomicrobiales;f__Verrucomicrobiaceae;g__Akkermansia	
k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Actinomycetales;f__Actinomycetaceae;g__	
k__Bacteria;p__Armatimonadetes;c__SJA-176;o__TP122;f__g__	
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__Anaerolineae;o__Anaerolineales;f__Anaerolinaceae;g__C1_B004	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Desulfovibrionales;f__Desulfovibrionaceae;g__	
k__Bacteria;p__Armatimonadetes;c__SJA-176;o__GAB-B06;f__g__	
k__Bacteria;p__BRC1;c__NPL-UPA2;o__f__g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Gracilibacteraceae;g__Gracilibacter	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Peptostreptococcaceae;g__	
k__Bacteria;p__OP8;c__OP8_1;o__SHA-124;f__g__	
k__Bacteria;p__OP9;c__JS1;o__BA021;f__g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Epsilonproteobacteria;o__Campylobacteriales;f__Campylobacteraceae;g__Arcobacter	
k__Bacteria;p__Synergistetes;c__Synergistia;o__Synergistales;f__TTA_B6;g__E6	
k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Actinomycetales;f__Intrasporangiaceae;g__	
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Sphingobacteriia;o__Sphingobacteriales;f__Sphingobacteriaceae;g__Sphingobacterium	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Peptococcaceae;g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Veillonellaceae;g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Erysipelotrichi;o__Erysipelotrichales;f__Erysipelotrichaceae;g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Erysipelotrichi;o__Erysipelotrichales;f__Erysipelotrichaceae;g__Erysipelothrix	
k__Bacteria;p__OP11;c__OP11-3;o__f__g__	
k__Bacteria;p__OP8;c__OP8_1;o__f__g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Betaproteobacteria;o__Burkholderiales;f__Comamonadaceae;g__Hydrogenophaga	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Betaproteobacteria;o__Burkholderiales;f__Oxalobacteraceae;g__Oxalobacter	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Enterobacteriales;f__Enterobacteriaceae;g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Xanthomonadales;f__Xanthomonadaceae;g__Lysobacter	
k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Methanomicrobia;o__Methanomicrobiales;Other;Other	
k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Actinomycetales;f__Micrococcaceae;g__Arthrobacter	
k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Actinomycetales;f__Micrococcaceae;Other	
k__Bacteria;p__Armatimonadetes;c__SHA-37;o__f__g__	
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__ML635J-40;g__	
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__Dehalococcoidetes;o__Dehalococcoidales;f__g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Lachnospiraceae;g__Blaugia	

Microorganismo	Etapa
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Veillonellaceae;g__Aci daminococcus	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Betaproteobacteria;o__Hydrogenophilales;f__Hy drogenophilaceae;g__Thiobacillus	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Desulfobacterales;f__De sulfobulbaceae;g__Desulfobulbus	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Pseudomonadales;f__ Pseudomonadaceae;g__Pseudomonas	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Xanthomonadales;f__ Xanthomonadaceae;g__Arenimonas	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Xanthomonadales;f__ Xanthomonadaceae;g__Stenotrophomonas	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Xanthomonadales;f__ Xanthomonadaceae;g__Thermomonas	
k__Archaea;p__Crenarchaeota;c__MBGB;o__f__g__	
k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Methanomicrobia;o__Methanomicrobiales;f__g__	
k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Actinomycetales;f__Dietziacea e;g__Dietzia	
k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Thermoleophilia;o__Gaiellales;f__g__	
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Sphingobacteriia;o__Sphingobacteriales;f__Sphin gobacteriaceae;g__	
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__Anaerolineae;o__S0208;f__g__	
k__Bacteria;p__Cyanobacteria;c__Chloroplast;o__Streptophyta;f__g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__EtOH8;g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Veillonellaceae;g__Ana eromusa	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__SHA-98;f__g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Alphaproteobacteria;o__f__g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Alphaproteobacteria;o__Rhodobacterales;f__Rh odobacteraceae;g__Paracoccus	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Betaproteobacteria;o__Burkholderiales;Other;Ot her	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Desulfobacterales;f__De sulfobulbaceae;g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Epsilonproteobacteria;o__Campylobacterales;f__ Helicobacteraceae;g__Sulfurimonas	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__f__g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Alteromonadales;f__1 25ds10;g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Alteromonadales;f__A lteromonadaceae;g__Cellvibrio	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Methylococcales;f__M ethylococcaceae;Other	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Pseudomonadales;f__ Pseudomonadaceae;g__Serpens	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Xanthomonadales;f__ Sinobacteraceae;g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Xanthomonadales;f__ Sinobacteraceae;g__Steroidobacter	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__TA18;o__PHOS-HD29;f__g__	
k__Bacteria;p__Spirochaetes;c__Spirochaetes;o__Spirochaetales;f__Spirochaetace ae;g__	

Microorganismo	Etapa
k__Archaea;p__Crenarchaeota;c__MCG;o__B10;f__g__	
k__Archaea;p__Crenarchaeota;c__Thermoprotei;o__f__g__	
k__Bacteria;p__c__o__f__g__	
k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Acidimicrobiia;o__Acidimicrobiales;f__koll13;g__	
k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Actinomycetales;f__Actinomycetaceae;g__N09	
k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Actinomycetales;f__Intrasporangiaceae;g__Terracoccus	
k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Actinomycetales;f__Promicromonosporaceae;g__	
k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Actinomycetales;Other;Other	
k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__OPB41;o__f__g__	
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Bacteroidia;o__Bacteroidales;f__Porphyromonadaceae;g__Dysgonomonas	
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Cytophagia;o__Cytophagales;f__Cyclobacteriaceae;g__	
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__Cytophagia;o__Cytophagales;f__Cytophagaceae;g__	
k__Bacteria;p__Bacteroidetes;c__VC2_1_Bac22;o__f__g__	
k__Bacteria;p__Chlorobi;c__Ignavibacteria;o__Ignavibacteriales;f__[Melioribacteraceae];g__	
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__Anaerolineae;o__Anaerolineales;f__Anaerolinaceae;g__SHD-14	
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__Dehalococcoidetes;o__GIF9;f__g__	
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__SHA-26;o__f__g__	
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__Thermomicrobia;o__AKYG1722;f__g__	
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__Thermomicrobia;o__JG30-KF-CM45;f__g__	
k__Bacteria;p__Chloroflexi;c__TK17;o__f__g__	
k__Bacteria;p__Elusimicrobia;c__Elusimicrobia;o__Elusimicrobiales;f__g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__[Acidaminobacteraceae];g__Guggenheimella	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Caldicoprobacteraceae;g__Caldicoprobacter	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Clostridiaceae;g__SM B53	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Eubacteriaceae;g__A cetobacterium	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Eubacteriaceae;g__Pseudoramibacter_Eubacterium	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Gracilibacteraceae;g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Lachnospiraceae;g__Epulopiscium	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Peptococcaceae;g__Desulfosporosinus	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Ruminococcaceae;Other	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Erysipelotrichi;o__Erysipelotrichales;f__Erysipelotrichaceae;g__Coprobacillus	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Erysipelotrichi;o__Erysipelotrichales;f__Erysipelotrichaceae;g__L7A_E11	

Microorganismo	Etapa
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Erysipelotrichi;o_Erysipelotrichales;f_Erysipelotrichaceae;g_Sharpea	
k_Bacteria;p_NC10;c_12-24;o_JH-WHS47;f_;g__	
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Phycisphaerae;o_CCM11a;f_;g__	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_;g__	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Hyphomicrobiaceae;g_Devesia	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Phyllobacteriaceae;g__	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Rhizobiaceae;g_Agrobacterium	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Sphingomonadales;f_;g__	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Sphingomonadales;f_Erythrobacteraceae;g_Lutibacterium	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Sphingomonadales;f_Erythrobacteraceae;Other	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Sphingomonadales;f_Sphingomonadaceae;g__	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Sphingomonadales;f_Sphingomonadaceae;g_Kaistobacter	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Sphingomonadales;f_Sphingomonadaceae;g_Novosphingobium	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Burkholderiales;f_Comamonadaceae;g_Comamonas	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Methylophilales;f_Methylophilaceae;g__	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Methylophilales;Other;Other	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Nitrosomonadales;f_Nitrosomonadaceae;g__	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Rhodocyclales;f_Rhodocyclaceae;g__	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Rhodocyclales;f_Rhodocyclaceae;g_Thauera	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Epsilonproteobacteria;o_Campylobacteriales;f_Campylobacteraceae;g_Sulfurospirillum	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Aeromonadales;f_Succinivibrionaceae;g__	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Alteromonadales;f_[Chromatiaceae];Other	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Alteromonadales;f_Alteromonadaceae;g_Marinobacter	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Chromatiales;f_;g__	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Legionellales;f_Coxiellaceae;g_Rickettsiella	
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Pseudomonadales;f_Pseudomonadaceae;g__	
k_Bacteria;p_Spirochaetes;c_Spirochaetes;o_Spirochaetales;f_Spirochaetaceae;g_za29	
k_Archaea;p_Crenarchaeota;c_Thaumarchaeota;o_Nitrososphaerales;f_Nitrososphaeraceae;g_Candidatus Nitrososphaera	
k_Bacteria;p_[Thermi];c_Deinococci;o_Deinococcales;f_Deinococcaceae;g_Deinococcus	

Microorganismo	Etapa
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_[Chloracidobacteria];o_RB41;f_Ellin6075;g__	
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Acidobacteriia;o_Acidobacteriales;f_Koribacteraceae;g_Candidatus Koribacter	
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_S035;o_;f_;g__	
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Solibacteres;o_Solibacterales;f_AKIW659;g__	
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Acidimicrobiia;o_Acidimicrobiales;f_;g__	
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Actinomycetales;f_Actinomycetaceae;g_Actinomyces	
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Actinomycetales;f_Actinomycetaceae;g_Trueperella	
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Actinomycetales;f_Actinomycetaceae;Other	
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Actinomycetales;f_Bogoriellaceae;g_Georgenia	
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Actinomycetales;f_Brevibacteriaceae;g_Brevibacterium	
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Actinomycetales;f_Cellulomonadaceae;Other	
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Actinomycetales;f_Dietziaceae;Other	
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Actinomycetales;f_Gordoniaceae;g_Gordonia	
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Actinomycetales;f_Intrasporangiaceae;g_Phycococcus	
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Actinomycetales;f_Microbacteriaceae;g__	
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Actinomycetales;f_Microbacteriaceae;g_Leucobacter	
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Actinomycetales;f_Microbacteriaceae;Other	
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Actinomycetales;f_Tsukamurellaceae;g_Tsukamurella	
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Coriobacteriia;o_Coriobacteriales;f_Coriobacteriaceae;g_Atopobium	
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Thermoleophilia;o_Gaiellales;f_Gaiellaceae;g__	
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Thermoleophilia;o_Solirubrobacterales;f_;g__	
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_[Saprospirae];o_[Saprospirales];f_Chitinophagaceae;g__	
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_[Saprospirae];o_[Saprospirales];f_Chitinophagaceae;g_Sediminibacterium	
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_[Saprospirae];o_[Saprospirales];f_Saprospiraceae;g__	
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_[Odoribacteraceae];g_Butyricimonas	
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Prevotellaceae;g_Prevotella	
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Bacteroidia;o_Bacteroidales;f_Rikenellaceae;g_Blvi28	
k_Bacteria;p_Chlorobi;c_BSV26;o_C20;f_;g__	
k_Bacteria;p_Chlorobi;c_SJA-28;o_;f_;g__	
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_OPB11;f_;g__	
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_SBR1031;f_A4b;g__	

Microorganismo	Etapa
k__Bacteria;p__Elusimicrobia;c__Elusimicrobia;o__Elusimicrobiales;f__Elusimicrobiaeae;g__	
k__Bacteria;p__FCPU426;c__o__f__g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Bacilli;o__Bacillales;f__g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Bacilli;o__Bacillales;f__Planococcaceae;g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Bacilli;o__Bacillales;f__Staphylococcaceae;g__Jeotgalicoccus	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Bacilli;o__Lactobacillales;f__Enterococcaceae;g__Enterococcus	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Bacilli;o__Lactobacillales;f__Lactobacillaceae;g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__[Acidaminobacteraceae];g__	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__[Mogibacteriaceae];Other	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Eubacteriaceae;g__Anaerofustis	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Peptococcaceae;g__Desulfitobacter	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Peptococcaceae;g__Desulfurispora	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Veillonellaceae;g__Sporomusa	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Veillonellaceae;g__Succinispira	
k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Erysipelotrichi;o__Erysipelotrichales;f__Erysipelotrichaceae;g__Bulleidia	
k__Bacteria;p__Firmicutes;Other;Other;Other;Other	
k__Bacteria;p__Gemmatimonadetes;c__Gemm-3;o__f__g__	
k__Bacteria;p__Gemmatimonadetes;c__Gemm-5;o__f__g__	
k__Bacteria;p__Lentisphaerae;c__[Lentisphaeria];o__Z20;f__g__	
k__Bacteria;p__OP3;c__koll11;o__GIF10;f__g__	
k__Bacteria;p__OP8;c__o__f__g__	
k__Bacteria;p__Planctomycetes;c__Phycisphaerae;o__mle1-8;f__g__	
k__Bacteria;p__Planctomycetes;c__Phycisphaerae;o__Phycisphaerales;f__g__	
k__Bacteria;p__Planctomycetes;c__Phycisphaerae;o__SHUX583;f__g__	
k__Bacteria;p__Planctomycetes;c__Phycisphaerae;o__WD2101;f__g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Alphaproteobacteria;o__Caulobacterales;f__Caulobacteraceae;g__Phenylobacterium	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Alphaproteobacteria;o__RF32;f__g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Alphaproteobacteria;o__Rhizobiales;f__Bradyrhizobiaceae;g__Bradyrhizobium	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Alphaproteobacteria;o__Rhizobiales;f__Bradyrhizobiaceae;Other	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Alphaproteobacteria;o__Rhizobiales;f__Hyphomicrobiaceae;g__Hyphomicrobium	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Alphaproteobacteria;o__Rhizobiales;f__Phyllobacteriaceae;g__Aquamicrobium	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Alphaproteobacteria;o__Rhizobiales;f__Phyllobacteriaceae;g__Mesorhizobium	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Alphaproteobacteria;o__Rickettsiales;f__g__	

Microrganismo	Etapa
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Alphaproteobacteria;o__Rickettsiales;f__g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Alphaproteobacteria;o__Sphingomonadales;f__Sphingomonadaceae;g__Sphingopyxis	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Alphaproteobacteria;Other;Other;Other	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Betaproteobacteria;o__Burkholderiales;f__g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Betaproteobacteria;o__Burkholderiales;f__Alcaligenaceae;g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Betaproteobacteria;o__Burkholderiales;f__Comamonadaceae;g__Variovorax	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Betaproteobacteria;o__Methylophilales;f__g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Bdellovibrionales;f__Bdellovibrionaceae;g__Bdellovibrio	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Desulfuromonadales;f__Pelobacteraceae;g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Desulfuromonadales;f__Pelobacteraceae;g__Pelobacter	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Desulfuromonadales;f__Pelobacteraceae;Other	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Desulfuromonadales;Other;Other	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Myxococcales;f__Nannocystaceae;g__Plesiocystis	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Epsilonproteobacteria;o__Campylobacterales;f__Helicobacteraceae;g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Alteromonadales;f__211ds20;g__	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Alteromonadales;f__Alteromonadaceae;g__BD2-13	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Alteromonadales;f__HTCC2188;g__HTCC	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Alteromonadales;f__OM60;g__Congregibacter	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Oceanospirillales;f__Halomonadaceae;g__Halomonas	
k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Xanthomonadales;f__Xanthomonadaceae;g__Dokdonella	
k__Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__[Spartobacteria];o__[Chthoniobacterales];f__[Chthoniobacteraceae];g__DA101	
k__Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__Verrucomicrobiae;o__Verrucomicrobiales;f__Verrucomicrobiaceae;g__Prostheco bacter	
k__Bacteria;p__WWE1;c__[Cloacamonae];o__[Cloacamonales];f__[Cloacamonaceae];g__W22	
k__Bacteria;p__WWE1;c__[Cloacamonae];o__[Cloacamonales];f__CW-1;g__	

Fonte: PUC – IPR – 2016 apud SHUBEITA

ANEXO C - PH DOS ALIMENTOS

Item	pH aproximado
Abacate	6,27 – 6,58
Abacaxi	3,20 - 4,00
Abacaxi (suco)	3,30 - 3,60
Abacaxi enlatado	3,35 - 4,10
Abóbora	4,90 - 5,50
Agrião	5,88 - 6,18
Alface	5,80 - 6,15
Alho	5,8
Ameixa (néctar)	3,45
Ameixa (suco)	3,95 - 3,97
Ameixa amarela	3,90 - 4,45
Ameixa seca	3,58 - 3,83
Ameixa vermelha	3,60 - 4,30
Arroz branco cozido	6,00 - 6,70
Atum enlatado	5,90 - 6,20
Aveia cozida	6,20 - 6,60
Azeitona madura	6,00 - 7,50
Azeitona preta	6,00 - 7,00
Azeitona verde fermentada	3,60 - 4,60
Babosa	6,1
Babosa (suco)	6,00 – 6,80
Banana	4,50 – 5,29
Batata	5,40 - 5,90
Batata (purê)	5,1
Batata (sopa)	5,9
Batata doce	5,30 - 5,60
Berinjela	5,50 - 6,50
Beterraba	5,30 – 6,60
Beterraba cozida	5,23 – 6,50
Beterraba enlatada	4,90 – 5,80
Brigadeiro	5,30 - 6,50
Brócolis cozido	6,30 - 6,52
Brócolis enlatado	5,20 - 6,00
Caqui	4,42 - 4,70
Cebola amarela	5,32 - 5,60
Cebola branca	5,37 - 5,85
Cebola em conserva	3,70 - 4,60
Cebola vermelha	5,30 - 5,80
Cebolinha	5,20 - 6,31
Cenoura	5,88 - 6,40

Item	pH aproximado
Cenoura cozida	5,58 - 6,03
Cenoura enlatada	5,18 - 5,22
Cereja	3,25 - 4,54
Cevada cozida	5,19 - 5,32
Chá	7,2
Chuchu cozido	6,00 - 6,3
Coco	5,50 - 7,80
Couve-flor	5,6
Couve-flor cozido	6,45 - 6,80
Erva-doce (anis)	5,48 - 5,88
Ervilha (purê)	4,90 - 5,85
Ervilha (sopa)	5,7
Ervilha cozida	6,22 - 6,88
Ervilha enlatada	5,70 - 6,00
Espaguete cozido	5,97 - 6,40
Espinafre	5,50 - 6,80
Espinafre cozido	6,60 - 7,18
Feijão	5,05 - 6,60
Figo enlatado	4,92 - 5,00
Framboesa	3,22 - 3,95
Framboesa (geleia)	2,87 - 3,17
Gelatina	2,60 - 6,08
Gengibre	5,60 - 5,90
Goiaba (geleia)	3,73
Goiaba (néctar)	5,5
Goiaba enlatada	3,37 - 4,10
Ketchup	3,89 - 3,92
Laranja	3,00 - 4,34
Laranja (suco)	3,30 - 4,19
Leite (cabra)	6,48
Leite (soja)	7
Leite (vaca)	6,40 - 6,80
Leite condensado	6,33
Leite de côco	6,10 - 7,00
Lentilha (sopa)	5,8
Lentilha cozida	6,30 - 6,83
Lima	2,00 - 2,80
Maçã	3,30 - 4,00
Macarrão cozido	5,10 - 6,41
Mamão	5,20 - 6,00
Manga madura	3,40 - 4,80
Manga verde	5,80 - 6,00

Item	pH aproximado
Manteiga de amendoim	6,28
Melancia	5,18 - 5,60
Melão	5,78 – 6,67
Milho	5,90 - 7,30
Milho cozido	7,33 - 7,68
Milho cozido na espiga	6,22 - 7,04
Milho enlatado	5,90 - 6,50
Molho de queijo	5,8
Morango	3,00 - 3,90
Morango (geleia)	3,00 - 3,40
Morango congelado	3,21 - 3,32
Mostarda	3,55 - 6,00
Nabo	5,29 - 5,90
Nabo cozido	5,40 - 6,20
Noz	5,42
Ovo	6,58
Ovo (clara)	7,96
Ovo (gema)	6,1
Pão branco	5,00 – 6,20
Pão de centeio	5,20 – 5,90
Pão integral	5,47 – 5,85
Pepino	5,12 - 5,78
Pepino em conserva	4,20 - 4,60
Pêra	3,50 – 4,60
Pêra (néctar)	4,03
Pêra enlatada	4,00 – 4,07
Pêssego	3,30 - 4,05
Pêssego cozido com açúcar	3,55 - 3,72
Pêssego enlatado	3,70 - 4,20
Pimenta	4,65 - 5,45
Pimenta verde	5,20 - 5,93
Queijo cheddar	5,9
Queijo parmesão	5,20 - 5,30
Rabanete branco	5,52 - 5,69
Rabanete vermelho	5,85 - 6,05
Repolho branco	6,2
Repolho verde	5,50 - 6,75
Repolho vermelho	5,60 - 6,00
Romã	2,93 - 3,20
Salmão cozido	5,85 - 6,50
Salmão enlatado	6,07 - 6,16
Salmão grelhado	5,36 - 6,40

Item	pH aproximado
Salsinha	5,70 - 6,00
Sardinha	5,70 - 6,60
Sopa de legumes enlatada	5,16
Sopa de legumes picados	4,98 - 5,02
Suco de limão	2,00 - 2,60
Tangerina	3,32 - 4,48
Tomate	4,30 - 4,90
Tomate (suco)	4,10 - 4,60
Tomate enlatado	3,50 - 4,70
Uva	2,80 - 3,84
Uva enlatada	3,50 - 4,50
Uva sem semente	2,90 - 3,82
Vinagre	2,40 - 3,40

Fonte: FDA USA (2007)