

JOSÉ ROBERTO ROSADO CORRÊA FILHO

**AERAÇÃO PRÉVIA AO TRATAMENTO POR LODOS ATIVADOS DE  
EFLUENTES DA INDÚSTRIA DE POLPA CELULÓSICA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Civil, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

VIÇOSA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2019

**Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade  
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa**

T

C824a  
2019

Corrêa Filho, José Roberto Rosado, 1986-  
Aeração prévia ao tratamento por lodos ativados de  
efluentes da indústria de polpa celulósica / José Roberto Rosado  
Corrêa Filho. – Viçosa, MG, 2019.  
xiv, 92 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Inclui apêndices.

Orientador: Cláudio Mudadu Silva.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f. 53-61.

1. Águas residuais - Purificação - Processo de lodo ativado.  
2. Polpação alcalina por sulfato. 3. Microbiologia. 4. Resíduos  
orgânicos. 5. Resíduos industriais - Purificação. 6. Águas  
residuais - Purificação - Tratamento biológico. 7. Águas  
residuais - Purificação - Aeração . I. Universidade Federal de  
Viçosa. Departamento de Engenharia Civil. Programa de  
Pós-Graduação em Engenharia Civil. II. Título.

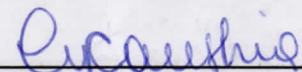
CDD 22. ed. 628.35

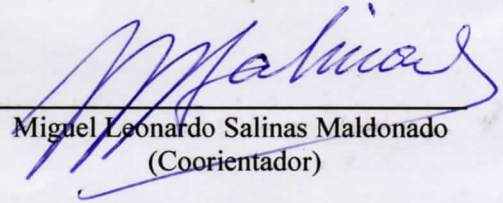
JOSÉ ROBERTO ROSADO CORRÊA FILHO

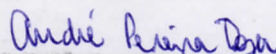
**AERAÇÃO PRÉVIA AO TRATAMENTO POR LODOS ATIVADOS DE  
EFLUENTES DA INDÚSTRIA DE POLPA CELULÓSICA**

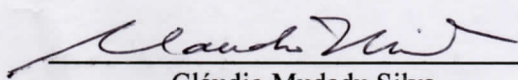
Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Civil, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 27 de março de 2019.

  
\_\_\_\_\_  
Cynthia Canêdo da Silva  
(Coorientadora)

  
\_\_\_\_\_  
Miguel Leonardo Salinas Maldonado  
(Coorientador)

  
\_\_\_\_\_  
André Pereira Rosa

  
\_\_\_\_\_  
Cláudio Mudadu Silva  
(Orientador)

Pelos meus pais.  
Se não fosse por sua luta,  
a minha não seria possível.

## AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus, criador de tudo, pela oportunidade de estar nesta grande escola.

À UFV por disponibilizar todas as condições para que este trabalho pudesse ser realizado.

Ao professor Cláudio Mudadu, pela orientação, paciência, dedicação, carinho, puxões de orelha quando precisei. Qualidades de um pai.

Aos meus pais, José Roberto e Tereza Maria, por todo amor e compreensão. Ao meu irmão Victor pela parceria. Aos primos e primas, tios e tias, avós, que fazem da minha caminhada mais iluminada.

Ao César, que com amor e paciência, me ajudou a levantar sempre que caí e celebrou comigo todas as minhas vitórias nessa trajetória. E também à sua família por todo carinho.

Aos amigos que fiz em Viçosa... Rubens, Bruna, Paulo e Raíssa. Família que escolhi. Aos meus amigos de toda a vida, em especial ao Josemir, por toda paciência.

Aos orientados do Cláudio, Daiane, Mariele, Rafles, Rogério, Tatiana e Caio. Irmãos de caminhada. E aos meus estagiários Thiago e Michelle. Minha passagem pelo mestrado foi muito melhor com vocês.

Aos amigos e colegas de mestrado por tornar essa caminhada um pouco mais leve e alegre.

Aos funcionários do Laboratório de Celulose e Papel, Laboratório de Resíduos e Laboratório de Engenharia Sanitária e Ambiental, e aos funcionários da secretaria da pós-graduação, em especial ao Luís Eduardo e à Priscila, que tanto me ajudaram.

Aos professores da pós-graduação da Engenharia Civil, que tanto contribuíram para meu crescimento.

Ao Laboratório de Microbiologia Aplicada do Departamento de Microbiologia da UFV, em especial a Lívia e a Deborah por todo o suporte na preparação e envio das amostras para análise microbiológica.

À professora Cynthia, por todo suporte com as questões microbiológicas.

Ao professor Miguel Salinas, pelas contribuições e experiência.

Ao Paulinho da marcenaria da UFV, pela disponibilidade e carinho na montagem dos reatores.

À Cenibra, em especial ao Deyvisson, que sempre esteve disponível para a coleta dos efluentes.

À CAPES, CNPq e à SIF, pelo apoio financeiro.

*“São as nossas escolhas, Harry,  
que revelam o que realmente somos,  
muito mais do que as nossas qualidades.”*

J. K. Rowling

## SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS .....	vii
LISTA DE TABELAS.....	ix
LISTA DE ABREVIATURAS E SÍMBOLOS .....	x
RESUMO.....	xi
ABSTRACT .....	xiii
1 INTRODUÇÃO.....	1
2 HIPÓTESES .....	3
3 OBJETIVOS.....	4
3.1 Objetivo geral .....	4
3.2 Objetivos específicos.....	4
4 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA .....	5
4.1 Geração e características dos efluentes da indústria de polpa celulósica kraft .....	5
4.2 Processo de tratamento por lodos ativados.....	6
4.2.1 Parâmetros operacionais.....	7
4.2.2 Microbiologia .....	9
4.2.3 Produção de lodo biológico no processo de lodos ativados .....	13
4.2.4 Seletores biológicos.....	16
4.3 Unidade de pré-aeração dos efluentes .....	17
4.3.1 Microbiologia na unidade de pré-aeração .....	18
5 METODOLOGIA.....	19
5.1 Montagem dos sistemas em escala laboratorial.....	19
5.2 Efluente industrial .....	20
5.3 Plano de monitoramento dos parâmetros físico-químicos e microbiológicos.....	21
5.4 Caracterização físico-química do efluente e monitoramento dos sistemas .....	23
5.5 Determinação da produção de lodo biológico .....	24
5.6 Análises microbiológicas.....	24
5.6.1 Formação dos flocos.....	24
5.6.2 Microbiologia da unidade de pré-aeração, seletores biológicos e reatores .....	25
5.6.2.1 Observação e contagem de protozoários e metazoários .....	25
5.6.2.2 Coleta e caracterização da comunidade bacteriana .....	25
5.7 Efeito da aeração do efluente na degradação da matéria orgânica.....	26

6 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	27
6.1 Caracterização dos efluentes .....	27
6.2 Tratamento biológico.....	27
6.3 Produção de lodo biológico .....	33
6.4 Análises Microbiológicas .....	36
6.4.1 Formação dos flocos e sedimentabilidade do lodo.....	36
6.4.2 Observação e contagem de protozoários e metazoários.....	38
6.4.3 Caracterização da comunidade bacteriana .....	40
6.5 Efeito da aeração do efluente na degradação da matéria orgânica.....	50
7 CONCLUSÕES .....	51
8 RECOMENDAÇÕES.....	52
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	53
APÊNDICE A – <i>Heat-map</i> com a abundância relativa dos filos observados nas análises de sequenciamento em todas as amostras.....	62
APÊNDICE B – Diagrama de Venn comparando-se os seletores dos sistemas com e sem UPA .....	63
APÊNDICE C – Diagrama de Venn comparando-se os tanques de aeração dos sistemas com e sem UPA.....	64
APÊNDICE D – Linhas de tendência para avaliação da geração de lodo biológico .....	65
APÊNDICE E – Índices de diversidade .....	66
APÊNDICE F – Classificação das sequências obtidas com o primer 27f/338r para o domínio <i>Bacteria</i> .....	67

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Representação esquemática de um sistema de tratamento por lodos ativados .....	6
Figura 2 - Floco ideal de um processo de lodos ativados.....	9
Figura 3 - Representação esquemática de um sistema de lodos ativados com uma unidade de pré-aeração.....	17
Figura 4 - Fluxograma com as etapas de realização do experimento .....	19
Figura 5 - Desenho esquemático dos tratamentos: (a) sem e (b) com a unidade de pré-aeração .....	20
Figura 6 - Pontos de coleta para análises físico-químicas e microbiológicas nos sistemas .....	21
Figura 7 - Variação de pH nos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA) .....	28
Figura 8 - Eficiência de remoção de DBO <sub>5</sub> e DQO <sub>s</sub> na unidade de pré-aeração .....	29
Figura 9 - Eficiência global de remoção de DQOs dos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA) .....	30
Figura 10 – Eficiência global de remoção de DBO <sub>5</sub> dos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA) .....	30
Figura 11 – Concentração média global de DQO <sub>s</sub> nos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA) .....	31
Figura 12 - Concentração de nutrientes nos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA). .....	32
Figura 13 - Concentração de sólidos suspensos voláteis (SSV) e fixos (SSF) nos tanques de aeração dos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA) .....	33
Figura 14 - Concentração de sólidos suspensos totais (SST) nos tanques de aeração dos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA) .....	34
Figura 15 - Peso em massa do lodo nas unidades dos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA).....	35
Figura 16 - Flocos biológicos observados em microscópio ótico com aumento final de 200X, no tanque de aeração do sistema com a UPA. (a) e (b) mostram flocos bem formados e (c) mostra presença de substâncias poliméricas extracelulares .....	36
Figura 17 - Flocos biológicos observados em microscópio ótico com aumento final de 200X, no tanque de aeração do sistema sem a UPA. Houve presença de substâncias poliméricas extracelulares (a) e excesso de bactérias filamentosas (b) e (c) .....	37

Figura 18 - Índice volumétrico de lodo dos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA) .....	38
Figura 19 - Protozoários e metazoários observados no sistema com a unidade de pré-aeração: ciliados rastejantes (a), nematoides (b), sarcodíneos (c), ciliados carnívoros (d), flagelados (e, i), ciliados pedunculados (f, g), rotíferos (h), ciliados nadadores livres (j).....	39
Figura 20 - Protozoários e metazoários observados no sistema sem a unidade de pré-aeração: ciliados rastejantes (a, b, c, f), ciliados pedunculados (d), ciliados nadadores livres (e), nematoides (g), rotíferos (h, i), sarcodíneos (j, k), ciliados carnívoros (l) .....	39
Figura 21 - Abundância relativa dos filos presentes no inóculo e em cada unidade dos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA). S1 = seletor 1; S2 = seletor 2; TA = tanque de aeração.....	41
Figura 22 - Abundância relativa das quatro ordens mais abundantes do filo Firmicutes na unidade de pré-aeração (UPA) .....	43
Figura 23 - Abundância relativa dos 15 gêneros mais abundantes observados para as amostras: (a) inóculo, (b) unidade de pré-aeração (UPA), (c) seletor 1 do sistema com UPA, (d) seletor 2 do sistema com UPA, (e) tanque de aeração do sistema com UPA, (f) seletor 1 do sistema sem UPA, (g) seletor 2 do sistema sem UPA, (h) tanque de aeração do sistema sem UPA.....	44
Figura 24 - Variação da abundância relativa dos 15 gêneros mais abundantes no sistema com a UPA nos dois períodos avaliados: (a) na UPA, (b) no seletor 1, (c) no seletor 2 e (d) no tanque de aeração .....	47
Figura 25 - Variação da abundância relativa dos 15 gêneros mais abundantes no sistema sem a UPA nos dois períodos avaliados: (a) no seletor 1, (b) no seletor 2 e (c) no tanque de aeração .....	48
Figura 26 - Análise de agrupamento das amostras do inóculo e das unidades dos sistemas de tratamento.....	49

**LISTA DE TABELAS**

Tabela 1 - Características típicas dos efluentes da indústria de polpa celulósica.....	5
Tabela 2 - Microrganismos indicadores das condições de depuração em um sistema de lodos ativados.....	12
Tabela 3 - Planejamento de coletas de amostras e análises.....	22
Tabela 4 - Métodos utilizados para análises físico-químicas .....	23
Tabela 5 - Caracterização do efluente industrial .....	27
Tabela 6 - Média de remoção de DQOs e DBO <sub>5</sub> nos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA).....	31
Tabela 7 - Concentração de sólidos suspensos totais nas unidades dos sistemas com e sem UPA .....	35
Tabela 8 - Contagem de protozoários e metazoários nos sistemas com e sem UPA .....	40
Tabela 9 - Abundância dos gêneros relacionados com micro predação nos sistemas com e sem UPA (%) .....	47
Tabela 10 - Concentração de DQO por tempo de aeração .....	50

**LISTA DE ABREVIATURAS E SÍMBOLOS**

$\mu$	Taxa de crescimento específica
AOX	Compostos halogenados orgânicos adsorvíveis
bp	Pares de base
CE	Condutividade elétrica
CO <sub>2</sub>	Gás carbônico
COT	Carbono orgânico total
COV	Carga orgânica volumétrica
DBO	Demanda bioquímica de oxigênio
DQO	Demanda química de oxigênio
ETE	Estação de tratamento de efluentes
IVL	Índice volumétrico de lodo
N	Nitrogênio
O	Oxigênio
P	Fósforo
Q	Vazão
Relação A/M	Relação alimento/microrganismo
S	Concentração do substrato
SST	Sólidos suspensos totais
SSV	Sólidos suspensos voláteis
TDH	Tempo de detenção hidráulico
TSA	Tonelada seca ao ar
UPA	Unidade de pré-aeração
V	Volume
Y	Coefficiente de produção celular
$Y_{obs}$	Coefficiente de produção celular observada
$\theta_c$	Idade do lodo
$\sigma$	Desvio padrão
$r^2$	Grau percentual da qualidade de ajuste do modelo

## RESUMO

CORRÊA FILHO, José Roberto Rosado, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, março de 2019. **Aeração Prévia ao Tratamento por Lodos Ativados de Efluentes da Indústria de Polpa Celulósica**. Orientador: Cláudio Mudadu Silva. Coorientadores: Cynthia Canêdo da Silva e Miguel Leonardo Salinas Maldonado.

A indústria de polpa celulósica possui um grande potencial poluidor hídrico. O tratamento por lodos ativados é o mais utilizado na indústria e gera expressiva quantidade de lodo biológico. O gerenciamento do lodo pode ser considerado como um dos maiores custos operacionais de uma estação de tratamento dos efluentes (ETE). A geração de lodo biológico pode ser reduzida através da manipulação dos fatores abióticos do reator biológico e a aeração prévia dos efluentes tem sido indicada como uma forma para se alcançar tal redução. Há uma lacuna no conhecimento sobre os mecanismos químicos e biológicos que ocorrem quando o efluente é previamente aerado e como induzem à minimização da geração do lodo. O presente trabalho objetivou avaliar os efeitos da aeração prévia dos efluentes de fábrica de celulose kraft branqueada em um sistema de lodos ativados na eficiência de remoção de matéria orgânica, na geração de lodo biológico e na microbiota do sistema. Foram construídos, em laboratório dois sistemas de lodos ativados constituídos por dois seletores biológicos com tempo de detenção hidráulico (TDH) igual a 42 minutos, um tanque de aeração com TDH igual a 8,3 h. Um dos sistemas foi provido de uma unidade de pré-aeração (UPA) com TDH igual a 42 minutos. Para avaliar a eficiência do tratamento, foi considerada a remoção de matéria orgânica (DQO<sub>s</sub> e DBO<sub>5</sub>). Para comparar a produção de lodo, foi realizado um balanço de massa dos sólidos suspensos voláteis (SSV). Para a caracterização da microbiota da UPA e dos reatores, foi realizada análises de diversidade microbiana do domínio *Bacteria*. Os resultados mostraram que a unidade de pré-aeração foi capaz de remover 25% da DQO solúvel e 32% da DBO<sub>5</sub>. Essa remoção não influenciou na eficiência global do sistema, já que a remoção de matéria orgânica global dos sistemas com e sem a UPA não variaram significativamente. O sistema com a UPA apresentou uma geração de lodo biológico 29% menor que o sistema sem a UPA, mas não foi observado crescimento expressivo de protozoários e metazoários neste sistema, refutando a hipótese inicial de predação. Com relação à população microbiana, foi observada uma especialização da comunidade na unidade de pré-aeração, com aumento da abundância dos gêneros *Clostridium*, *Acetivibrio* e *Bacteroides*, que estão relacionados com a degradação de compostos presentes nos efluentes da indústria de polpa celulósica. O aumento da abundância nas unidades do sistema com a UPA dos gêneros *Bdellovibrio*, *Microbulbifer*, *Luteimonas* e

*Lysobacter*, sendo estes relacionados com a micro predação, não justificou redução da geração de lodo, pois a diferença de abundância foi baixa. Esta redução pode ser melhor explicada quando avaliado o metabolismo dos microrganismos. Na UPA, um mecanismo muito presente foi a fermentação realizada pelos microrganismos anaeróbios aerotolerantes, que por serem menos eficiente que a respiração aeróbia, geram menos biomassa além de gerar gases, diminuindo a disponibilidade de carbono no sistema. Comparando-se a microbiota nos sistemas avaliados, concluiu-se que a unidade de pré-aeração foi capaz de alterar a microbiota e os processos biológicos no sistema com a UPA, modificando os processos bioquímicos, além de ter sido capaz de prevenir o surgimento do intumescimento filamentosos do lodo, demonstrando ser vantajosa contribuindo para a diminuição dos custos com tratamento de lodo biológico em estações de tratamento de efluentes.

## ABSTRACT

CORRÊA FILHO, José Roberto Rosado, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, March, 2019. **Previous Aeration for the Treatment of Effluents from the Cellulosic Pulp Industry by Activated Sludge.** Adviser: Cláudio Mudadu Silva. Co-advisers: Cynthia Canêdo da Silva and Miguel Leonardo Salinas Maldonado.

The pulp industry has a high water pollution. Activated sludge is the most used effluent treatment method in the sector and generates significant amounts of biological sludge. Sludge management is considered the highest operating cost of an activated sludge effluent treatment plant (ETP). Biological sludge generation can be reduced by manipulating the abiotic factors of the biological reactor and prior aeration of effluents has been indicated as a way to achieve such a reduction. There is little knowledge about the chemical and biological mechanisms that occur when the effluent is previously aerated and how they induce the minimization of sludge generation. The present work aimed to evaluate the effects of previous aeration of bleached kraft pulp mills effluents in an activated sludge system on the efficiency of organic matter removal, on the biological sludge generation and on the microbial community. Two lab-scale activated sludge systems consisted of two biological selectors with hydraulic retention time (HRT) equal to 42 minutes, an aeration tank with HRT equal to 8.3 h were assembled. One of these systems was provided with a pre-aeration unit (UPA) with TDH equal to 42 minutes. To evaluate the efficiency of the treatment, organic matter removal (soluble COD and BOD<sub>5</sub>) was considered. In order to compare the sludge production, a mass balance of volatile suspended solids (VSS) was performed. For the characterization of the microbiota of the UPA and the reactors, analyzes of microbial diversity of the *Bacteria* domain were carried out. The results showed that the pre-aeration unit was able to remove 25% of COD and 32% of BOD<sub>5</sub>. This removal did not influence the overall efficiency of the system, since the global removal of organic matter from the systems with and without UPA did not vary significantly. The system with UPA obtained a 29% lower biological sludge generation than the system without UPA, but no significant growth of protozoa and metazoa was observed in this system, refuting the initial hypothesis of predation. Concerning the microbial population, a community specialization was observed in the UPA, with an increase in the abundance of the *Clostridium*, *Acetivibrio* and *Bacteroides* genera, which are related to the degradation of compounds present in the effluents of the pulp industry. The increase of abundance in the units of the system with the UPA of the genera *Bdellovibrio*, *Microbulbifer*, *Luteimonas* and *Lysobacter*, related to the micro predation, did not justify the reduction of the sludge generation, since the difference of

abundance was low. This reduction can be better explained when evaluating the metabolism of microorganisms. In the UPA, an important observed mechanism was the fermentation carried out by aerotolerant anaerobic microorganisms, which, being less efficient than the aerobic respiration, produces less biomass, reducing the availability of carbon in the system. Comparing the microbiota in the evaluated systems, it was concluded that the pre-aeration unit was able to alter the microbiota and the biological processes in the system with the UPA, modifying the food chain and the biochemical processes, besides being able to prevent the appearance of filamentous bulking of the sludge, demonstrating to be advantageous contributing to the reduction of the costs of treatment of biological sludge in effluent treatment plants.

## 1 INTRODUÇÃO

No Brasil, a madeira é a principal matéria-prima utilizada na indústria de polpa celulósica, geralmente proveniente de eucalipto ou pinus. As fábricas podem produzir polpa celulósica ou serem integradas a fábricas de papel. Existem diferentes tipos de processos de polpação, sendo o principal, utilizado mundialmente, o processo kraft, que além de produzir uma polpa de alta resistência e baixo teor de lignina, recupera os produtos químicos utilizados no processo (FAVARO, 2015; GONZÁLEZ-GARCÍA *et al.*, 2009).

A produção de polpa celulósica possui um grande potencial poluidor, além do alto consumo de recursos naturais. Fábricas modernas consomem de 10 a 50 m<sup>3</sup> de água por tonelada seca ao ar (tsa) de polpa celulósica produzida, dependendo das tecnologias empregadas no processo, o que reflete em uma grande geração de efluentes (TOCZYŁOWSKA-MAMIŃSKA, 2017). O tratamento tradicional dos efluentes constitui no tratamento primário seguido por processos biológicos aeróbios (ASHRAFI; YERUSHALMI; HAGHIGHAT, 2015).

O processo de tratamento biológico por lodos ativados é o mais utilizado no mundo e gera expressiva quantidade de lodo biológico. Estima-se uma geração de 9 kg de lodo biológico seco por tonelada de polpa produzida (LARSSON *et al.*, 2015). O gerenciamento do lodo biológico, produzido continuamente no processo, constitui em um dos maiores custos operacionais de uma Estação de Tratamento de Efluentes – ETE (LOPES *et al.*, 2017). O lodo geralmente é desaguado, transportado e disposto em aterros ou incinerados (MEYER; EDWARDS, 2014).

A redução da geração de lodo em um processo de lodos ativados pode ser alcançada com o aumento da idade de lodo nos processos de aeração prolongada, embora exija reatores com maior volume, o que encarece a instalação da ETE (SAUNAMÄKI, 1997). Diversos estudos alcançaram bons resultados na diminuição da produção líquida de lodo biológico no processo de lodos ativados. Alguns deles utilizaram ozônio para desintegrar a biomassa no tanque de aeração e conseguiram entre 65 a 100% de redução da produção de lodo biológico (KAMIYA; HIROTSUJI, 1998; SAKAI *et al.*, 1997; YASUI *et al.*, 1996). Saby, Djafer e Chen (2002) conseguiram uma redução de 65% utilizando cloro no tanque de aeração. Mohammadi *et al.* (2011) e Zhang *et al.* (2007) conseguiram reduzir a produção líquida de lodo biológico entre 25 e 91% utilizando-se ondas ultrassônicas. Alguns trabalhos conseguiram uma redução de 12 a 75% utilizando-se predadores, protozoários e metazoários (BASIM; JAAFARZADEH; FARZADKIA, 2016; ZHU *et al.*, 2016). Apesar dos bons resultados encontrados nestes estudos, as técnicas utilizadas ainda possuem desvantagens que impossibilitam sua utilização

industrial, como alteração das características do efluente, alto custo para implementação e/ou operação, dificuldade de estabelecer a dosagem correta de compostos químicos ou o controle dos microrganismos dentro do reator (GUO *et al.*, 2013).

Segundo Lee e Welander (1996), a produção de lodo biológico pode ser reduzida através da manipulação de fatores abióticos do reator biológico. Os autores citam a aeração prévia dos efluentes como uma forma de reduzir a geração de lodo. Há uma lacuna no conhecimento sobre como esta pré-aeração afeta o sistema. Os poucos estudos científicos publicados não explicam de forma consistente os mecanismos químicos e biológicos que uma unidade de pré-aeração pode proporcionar para a redução da geração de lodo biológico no processo de lodos ativados. A hipótese descrita pelos autores baseia-se no princípio de que a unidade de pré-aeração dos efluentes promove o crescimento de bactérias dispersas que removem parte da matéria orgânica facilmente biodegradável e que servem de alimento para os protozoários e metazoários presentes no reator (LEE, N. M.; WELANDER, 1996; RENCKEN; VAN AARTSEN, 2008).

## 2 HIPÓTESES

1. A unidade de pré-aeração reduz a geração de lodo biológico no processo de lodos ativados empregados no tratamento de efluentes de fábricas de polpa celulósica kraft, sem comprometer a eficiência de remoção da matéria orgânica.
2. A unidade de pré-aeração proporciona o crescimento disperso de bactérias capazes de reduzir a DQO dos efluentes de fábricas de polpa celulósica kraft e estas são consumidas por protozoários e metazoários, reduzindo a geração de lodo biológico.

### **3 OBJETIVOS**

#### **3.1 Objetivo geral**

Verificar os efeitos da unidade de pré-aeração na geração de lodo biológico e na eficiência do tratamento de efluentes da indústria de polpa celulósica Kraft.

#### **3.2 Objetivos específicos**

- i) Avaliar a eficiência da unidade de pré-aeração em conjunto com o reator de lodos ativados quanto à remoção da matéria orgânica;
- ii) Comparar a produção de lodo biológico no sistema de lodos ativados com e sem a unidade de pré-aeração;
- iii) Caracterizar a microbiologia da unidade de pré-aeração;
- iv) Comparar a microbiota dos reatores biológicos em dois tratamentos: com e sem pré-aeração;
- v) Identificar os processos bioquímicos responsáveis pela redução da geração de lodo no sistema com a UPA.

## 4 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 4.1 Geração e características dos efluentes da indústria de polpa celulósica kraft

A indústria de produção de polpa celulósica tem um grande potencial poluidor devido à presença de vários compostos como a celulose e lignina, e outros persistentes e recalcitrantes, além do alto consumo de matérias-primas. Em fábricas modernas, o consumo típico de água é de 10 a 50 m<sup>3</sup> por tsa de polpa celulósica produzida. O volume de efluente gerado é de aproximadamente 80% do volume de água consumido, em torno de 8 a 40 m<sup>3</sup> por tsa (DHAKHWA *et al.*, 2012; TOCZYŁOWSKA-MAMIŃSKA, 2017).

Os principais parâmetros para caracterização do efluente da indústria polpa celulósica kraft são o pH, demanda bioquímica de oxigênio (DBO), demanda química de oxigênio (DQO), cor, sólidos suspensos totais (SST) e compostos halogenados orgânicos adsorvíveis (AOX) (POKHREL; VIRARAGHAVAN, 2004).

A Tabela 1 apresenta valores típicos de DQO, DBO e SST em efluentes da indústria de polpa celulósica.

**Tabela 1 - Características típicas dos efluentes da indústria de polpa celulósica**

DQO (mg/L)	DBO (mg/L)	SST (mg/L)
1000 - 2300	120 - 430	200 - 670

Fonte: (BAJPAL, 2010; POKHREL; VIRARAGHAVAN, 2004; THOMPSON *et al.*, 2001)

O grupo dos AOXs possui mais de 300 compostos organoclorados diferentes, sendo vários deles classificados como recalcitrantes, persistindo por longos períodos no meio ambiente, além de demonstrarem tendência à bioacumulação devido à sua natureza lipofílica, podendo provocar mutações genéticas e alterações endócrinas (HYÖTYLÄINEN; KNUUTINEN; VILEN, 1995; NIE *et al.*, 2016; WATTS; LOCKE, 1993).

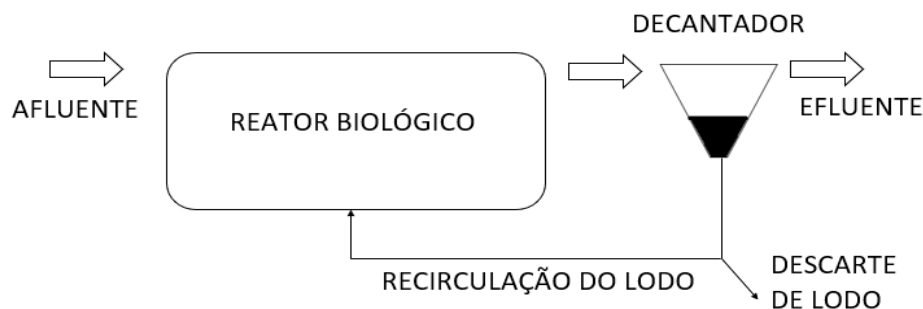
O índice de biodegradabilidade estimado pela razão DBO<sub>5</sub>/DQO é uma técnica simples e econômica e é amplamente utilizada para determinação da biodegradabilidade de efluentes (COSSU *et al.*, 2017). Para valores acima de 0,5, o efluente é considerado facilmente biodegradável e para valores abaixo de 0,3, o tratamento biológico não é recomendado, pois pode haver a presença de compostos tóxicos ou é necessária a presença de microrganismos aclimatados (METCALF & EDDY *et al.*, 2003). Os valores típicos desde índice de biodegradabilidade para efluentes da indústria de polpa celulósica são de aproximadamente 0,4

a 0,6, demonstrando que este tipo de efluente deve ser tratado biologicamente (ASHRAFI; YERUSHALMI; HAGHIGHAT, 2015).

#### 4.2 Processo de tratamento por lodos ativados

O processo de tratamento biológico por lodos ativados é o mais utilizado no mundo para tratamento de efluentes orgânicos, e também o mais utilizado na indústria de polpa celulósica (SCHOLZ, 2016).

O sistema é constituído por três componentes: i) reator aerado onde os microrganismos responsáveis pela degradação da matéria orgânica são mantidos em suspensão para que os flocos biológicos possam manter o máximo de contato com o efluente; ii) separador líquido-sólido (decantador secundário), onde a biomassa (lodo biológico) é sedimentada e o efluente clarificado sai do sistema; e iii) sistema de recirculação para retornar o lodo que foi separado no decantador secundário para o reator. O tratamento de efluentes de fabricas de polpa celulósica são dotados por um tratamento primário prévio ao tratamento biológico. A aeração pode ser feita com ar ou oxigênio puro, através de aeradores superficiais ou por difusores de ar (METCALF & EDDY *et al.*, 2003; SCHOLZ, 2016). A Figura 1 representa esquematicamente o processo de lodos ativados convencional.



**Figura 1 - Representação esquemática de um sistema de tratamento por lodos ativados**

Os efluentes das fábricas de polpa celulósica possuem quantidades pequenas de nutrientes (nitrogênio e fósforo) disponíveis para o crescimento biológico, sendo necessário, portanto, dosar esses nutrientes antes do tratamento biológico (JORDÃO; PESSÔA, 2014).

Existem algumas variações do processo de lodos ativados com relação à aeração e aos tipos de sistema. Com relação a aeração, o sistema pode ser convencional, de alta taxa, aeração prolongada. Com relação ao tipo de sistema podem ser: convencional - mistura completa,

convencional - fluxo em pistão, oxigênio puro e reator sequencial em batelada. O desenvolvimento de variações do sistema com objetivos específicos tem se tornado foco de pesquisa (LEE, D.-J. *et al.*, 2017).

#### 4.2.1 Parâmetros operacionais

Segundo Bitton (2011), os principais parâmetros operacionais de um sistema de lodos ativados são:

- a) Controle de sólidos suspensos totais (SST): é a quantidade de sólidos suspensos tanto minerais quanto orgânicos, incluindo os microrganismos. Os sólidos suspensos voláteis (SSV) compreendem a matéria orgânica e os microrganismos mortos e vivos presentes no reator, representando cerca de 65 a 75% do SST.
- b) Relação alimento/microrganismo (A/M): essa relação indica a carga orgânica no sistema de lodos ativados e é expressa em g DBO/g SSV.d. Esta relação é controlada pela descarga de excesso de lodo, sendo que quanto maior a descarga, maior será a relação A/M. Recomenda-se que este valor seja entre 0,3 a 0,8 g DBO/g SSV.d. Ela pode ser calculada pela Equação 1 a seguir:

$$\frac{A}{M} = \frac{Q \times S_0}{V \times X_v} \quad (1)$$

onde:

Q = vazão afluente (m<sup>3</sup>/d);

S<sub>0</sub> = concentração de DBO afluente (g/m<sup>3</sup>);

V = volume do reator (m<sup>3</sup>);

X<sub>v</sub> = concentração de SSV (g/m<sup>3</sup>).

- c) Tempo de detenção hidráulico (TDH): é o tempo médio gasto pelo afluente no reator biológico, podendo variar de 4 a 8 horas, no sistema convencional (METCALF & EDDY *et al.*, 2003). Pode ser calculado pela Equação 2 a seguir:

$$TDH = \frac{V}{Q} \quad (2)$$

onde:

V = volume do tanque de aeração (m<sup>3</sup>);

Q = vazão afluente (m<sup>3</sup>/d).

- d) Idade do lodo (θ<sub>c</sub>): é o tempo de residência dos microrganismos no sistema. Para remoção de DBO, os valores de θ<sub>c</sub> devem ser de 3 a 4 dias, dependendo da

temperatura. Para desenvolvimento de biomassa floculenta para tratamento de efluentes industriais, recomenda-se de 3 a 5 dias. Para completa nitrificação, recomenda-se de 3 a 18 dias. Para remoção biológica de fósforo, recomenda-se de 2 a 4 dias. Em geral, estima-se que o valor ideal esteja entre 5 a 15 dias (METCALF & EDDY *et al.*, 2003). Pode ser calculada pela Equação 3 a seguir:

$$\theta_c = \frac{X_V \times V}{Q_{EX} \times X_{VR} + [(Q - Q_{EX}) \times X_{VE}]} \quad (3)$$

onde:

$X_v$  = concentração de SSV ( $\text{g}/\text{m}^3$ );

$V$  = volume do reator ( $\text{m}^3$ );

$Q$  = vazão afluente ( $\text{m}^3/\text{d}$ );

$Q_{EX}$  = vazão de lodo descartado ( $\text{m}^3 \cdot \text{d}^{-1}$ );

$X_{VE}$  = concentração de SSV na saída do reator ( $\text{g}/\text{m}^3$ );

$X_{VR}$  = concentração de SSV no lodo de retorno ( $\text{g}/\text{m}^3$ ).

A carga orgânica volumétrica (COV) é a massa de matéria orgânica aplicada diariamente ao reator por unidade de seu volume. Os valores recomendados podem variar de 0,3 até mais de 3,0 kg DQO/ $\text{m}^3 \cdot \text{d}$ . Quanto maior o valor de COV, maior será a demanda de oxigênio dissolvido (METCALF & EDDY *et al.*, 2003). Para se calcular a COV, utiliza-se a Equação 4 (BRITO, 2006):

$$COV = \frac{Q \times S}{V} \quad (4)$$

onde:

COV = Carga orgânica volumétrica ( $\text{kg DQO}/\text{m}^3 \cdot \text{d}$ );

$Q$  = Vazão ( $\text{m}^3/\text{dia}$ );

$S$  = Concentração do substrato no afluente ( $\text{kg DQO}/\text{m}^3$ );

$V$  = Volume do reator ( $\text{m}^3$ ).

O índice volumétrico de lodo (IVL) é uma importante ferramenta para avaliar a decantabilidade e adensabilidade do lodo biológico e assim ter um maior controle operacional do processo para que não ocorra o carreamento de sólidos no efluente final. Um lodo com baixa decantabilidade e adensabilidade pode caracterizar um lodo intumescido, o chamado “bulking” filamentoso, e isto se dá devido a um aumento de bactérias filamentosas, que prejudicam a formação dos flocos. O IVL é definido como o volume em mL ocupado por 1g de lodo após decantação de 30 minutos. A qualidade do lodo pode ser classificada em: ótima para valores até 50 mL/g; boa para valores entre 50 e 100 mL/g; média quando os valores estão entre 100 e

200 mL/g; ruim, para valores entre 200 e 300 mL/g; e péssima para valores acima de 300 mL/g. O IVL pode ser calculado com Equação 5 (VON SPERLING, 2012):

$$IVL = \frac{H_{30} \times 10^6}{H_0 \cdot SS} \quad (5)$$

onde:

IVL = índice volumétrico de lodo (mL/g);

$H_{30}$  = altura da interface após 30 minutos (m);

$H_0$  = altura da interface no instante 0 (altura da lâmina da água no cilindro de decantação) (m);

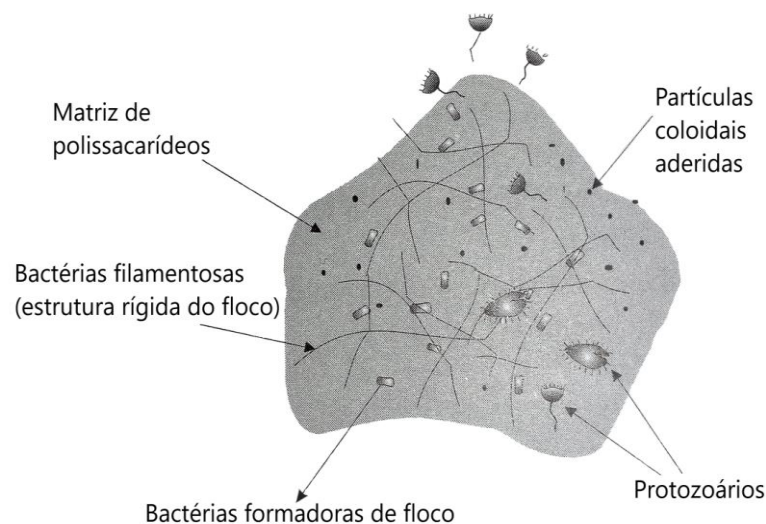
SS = concentração de sólidos suspensos da amostra (mg/L);

$10^6$  = conversão de mg para g, e de L para mL.

#### 4.2.2 Microbiologia

O sistema de lodos ativados tem duas funções principais: i) *oxidação* da matéria orgânica biodegradável, onde a matéria orgânica solúvel é convertida em novas células e gases e ii) *floculação e decantação* que é a separação da biomassa do efluente tratado no decantador secundário (SCHOLZ, 2016).

Segundo Bitton (2011), os flocos presentes no reator de lodos ativados são constituídos por células bacterianas e outros microrganismos, além de partículas orgânicas e inorgânicas (Figura 2).



**Figura 2 - Floco ideal de um processo de lodos ativados.**

Fonte: VON SPERLING (2012)

Os principais microrganismos que podem ser encontrados no reator de lodos ativados são (BITTON, 2011; CORDI, 2013; ZHOU *et al.*, 2008):

- **Bactérias:** podem estar aderidas aos flocos ou livre-nadantes. Nas regiões internas do floco (anaeróbias), há a presença de arqueas metanogênicas e bactérias redutoras de sulfato. São responsáveis pela oxidação da matéria orgânica e transformações dos nutrientes, produzem polissacarídeos e outros polímeros que auxiliam na floculação da biomassa microbiana. Podem ser encontrados os gêneros *Zooglea*, *Pseudomonas*, *Flavobacterium*, *Alcaligenes*, *Achromobacter*, *Corynebacterium*, *Comomonas*, *Brevibacterium*, *Acinetobacter* e *Bacillus*. Também são encontradas bactérias filamentosas, como as *Sphaerotilus*, *Beggiatoa* e *Vitreoscilla*, que são as responsáveis pelo intumescimento do lodo. Os gêneros *Nitrosomonas* e *Nitrobacter*, responsáveis pela nitrificação, também podem ser encontrados no reator.
- **Fungos:** as condições normais dos reatores de lodos ativados não favorecem o crescimento de fungos, mas sob condições específicas de pH, toxicidade e efluentes pobres em nitrogênio, pode ocorrer o aparecimento de gêneros como *Geotrichum*, *Penicillium*, *Cephalosporium*, *Cladosporium* e *Alternaria*. Além de realizar a nitrificação e desnitrificação, auxiliando na remoção de nitrogênio, também podem contribuir para o intumescimento do lodo.
- **Protozoários:** eles são significantes predadores de bactéria e podem ser:
  - **Ciliados:** possuem cílios responsáveis pela locomoção e captura de partículas de alimentos do meio. São os mais abundantes em um sistema de lodos ativados e capturam as bactérias dispersas livre-nadantes. Os gêneros mais comuns encontrados neste ambiente são *Chilodonella*, *Colpidium*, *Blepharisma*, *Euplotes*, *Paramecium*, *Lionotus*, *Trachelophyllum* e *Spirostomum*.
  - **Flagelados:** possuem um ou mais flagelos que são responsáveis pela sua locomoção. Eles se alimentam através de sua boca ou pela absorção através de sua parede celular. Os gêneros mais encontrados no sistema de lodos ativados são *Bodo*, *Pleuromonas*, *Monosiga*, *Hexamitus* e *Poteriodendron*.
  - **Rizópodes (*Amoebae*):** se movem vagarosamente através de pseudópodes. Podem ser subdivididos em dois grupos: as amebas, do

gênero *Amoeba* e as tecamoebas, que possuem uma carapaça, do gênero *Arcella*.

- **Rotíferos:** são metazoários que ficam ancorados nos flocos e possuem a capacidade de alongamento do próprio corpo. Ajudam na remoção de bactérias suspensas e outras pequenas partículas contribuindo para a clarificação do efluente, e contribuem com a formação dos flocos. Os quatro gêneros mais comuns encontrados no sistema de lodos ativados são *Lecane*, *Notommata*, *Philodina* e *Habrotrocha*.

O balanço entre os organismos filamentosos e os formadores de floco é delicado e deste balanço depende boa parte do sucesso operacional do processo de lodos ativados. Podem ocorrer três situações (VON SPERLING, 2012):

- *Equilíbrio entre organismos filamentosos e formadores de floco:* boa decantabilidade e adensabilidade do lodo.
- *Predominância dos organismos formadores de floco:* há insuficiente rigidez, gerando flocos pequenos e fracos, com má decantabilidade. Este fenômeno é denominado crescimento pulverizado.
- *Predominância de organismos filamentosos:* os filamentos se projetam para fora do floco, impedindo a aderência de outros flocos, e assim, na sedimentação, os flocos ocupam um grande volume. No decantador secundário, esse excesso de volume pode acarretar no aumento da manta de lodo e, conseqüentemente, na perda de sólidos no efluente final, reduzindo sua qualidade. Esse fenômeno é denominado intumescimento do lodo. As possíveis causas desse fenômeno podem ser *baixo oxigênio dissolvido, baixa relação A/M, deficiência de nutrientes e baixo pH*.

A presença ou predominância de um determinado tipo de microrganismo no sistema de lodos ativados pode indicar determinadas condições de depuração do sistema (Tabela 2).

**Tabela 2 - Microrganismos indicadores das condições de depuração em um sistema de lodos ativados**

<b>Microrganismos</b>	<b>Características do processo</b>
Predominância de flagelados e rizópodes	Lodo jovem, característico de início de operação, ou idade de lodo baixa.
Predominância de flagelados	Deficiência de aeração, má depuração e sobrecarga orgânica.
Predominância de ciliados	Boas condições de depuração.
Pedunculados e livres; presença de <i>Arcella</i> (rizópode com teca)	Boa depuração.
Presença de <i>Aspidisca costata</i> (ciliado livre)	Nitrificação.
Presença de <i>Trachelophyllum</i> (ciliado livre)	Idade do lodo alta.
Presença de <i>Vorticella micróstoma</i> (ciliado pedunculado) e baixa concentração de ciliados livres	Efluente de má qualidade.
Predominância de anelídeos do gênero <i>Aelosoma</i>	Excesso de oxigênio dissolvido.
Predominância de filamentos	Intumescimento do lodo.

Fonte: JORDÃO; PESSÔA (2014)

Atualmente, há diversos métodos para realizar a caracterização da microbiota dos reatores. Dentre os mais utilizados estão (BUSSE; DENNER; LUBITZ, 1996; ESCHENHAGEN; SCHUPPLER; RÖSKE, 2003; FAKRUDDIN; MANNAN, 2013; RANJBAR *et al.*, 2014; SIBLEY; PEIRANO; CHURCH, 2012; SPIEGELMAN; WHISSELL; GREER, 2005):

- Sequenciamento de DNA: O sequenciamento genômico é uma técnica que permite identificar, na ordem correta, a sequência de nucleotídeos de uma molécula de DNA ou RNA, visando conhecer a informação genética contida nesta estrutura. O princípio da metodologia Illumina® consiste no registro como imagem da fluorescência emitida após a incorporação de cada nucleotídeo, e no final, através de uma decodificação destas imagens, tem-se a sequência de interesse. Uma característica comum à maioria das tecnologias de sequenciamento atuais é a limitação do tamanho dos fragmentos de DNA sequenciados, ou seja, de forma geral os sequenciadores ainda são incapazes de

sequenciar fragmentos de DNA longos. A grande vantagem desta técnica consiste na possibilidade de identificação e caracterização de uma grande e complexa comunidade.

- DGGE: a eletroforese em gel de gradiente desnaturante (ou *denaturing gradient gel electrophoresis*) é um método de separação eletroforético baseado em diferenças no comportamento de desnaturação de fragmentos de DNA de cadeia dupla. É muito utilizado para visualizar os membros mais abundantes em uma comunidade microbológica. Além de uma cuidadosa calibração ser necessária antes de uma amostra ser submetida ao teste, as análises são limitadas a fragmentos de DNA abaixo de 500 bp (base pairs ou pares de base) e necessita de grandes quantidades de DNA com resolução efetiva para amostras com ambiente complexo.

#### 4.2.3 Produção de lodo biológico no processo de lodos ativados

Denomina-se metabolismo as transformações bioquímicas que podem ser catabólicas ou anabólicas. As reações catabólicas são exergônicas e liberam energia derivada de compostos orgânicos e inorgânicos. As reações anabólicas (por exemplo, biossíntese) são endergônicas, utilizando energia e intermediários químicos providos pelas reações catabólicas para a biossíntese de novas moléculas, manutenção da célula e crescimento. Organismos procariotos, como bactérias se reproduzem por fusão binária, isto é, uma célula-mãe se divide em duas células-filhas. O crescimento de uma população microbiana é definido como um aumento em número ou massa e a *taxa de crescimento* é o aumento do número de células ou massa microbiana por unidade de tempo. O lodo biológico é todo o conteúdo de células microbianas presentes no reator (BITTON, 2011).

A cinética do crescimento bacteriano e geração de lodo biológico é descrita a seguir (JORDÃO; PESSÔA, 2014; METCALF & EDDY *et al.*, 2003; VON SPERLING, 2012).

O crescimento da população bacteriana se dá pela remoção do substrato. O cálculo da produção bruta da biomassa pode ser feito em função do substrato (Equação 6), quando a quantidade de substrato disponível é o fator limitante, ou em função da concentração da biomassa (Equação 7), quando não há limitação de substrato.

$$\frac{dX_V}{dt} = Y \cdot \frac{d(S_0 - S)}{dt} \quad (6)$$

onde:

$X_V$  = concentração de SSV ( $\text{g}/\text{m}^3$ );

$Y$  = coeficiente de produção celular (massa de SSV produzido por unidade de massa de DBO removida) ( $\text{g}/\text{g}$ );

$S_0$  = concentração de  $\text{DBO}_5$  total afluente ( $\text{g}/\text{m}^3$ );

$S$  = concentração de  $\text{DBO}_5$  solúvel efluente ( $\text{g}/\text{m}^3$ );

$t$  = tempo (d).

$$\frac{dX_V}{dt} = \mu X_V \quad (7)$$

onde:

$\mu$  = taxa de crescimento específica ( $\text{d}^{-1}$ ).

Quando a concentração de substrato é reduzida, a taxa de crescimento é proporcional à concentração do substrato no meio, podendo ser expressa pela Equação 8:

$$\mu = \mu_{m\acute{a}x} \cdot \frac{S}{K_S + S} \quad (8)$$

onde:

$\mu_{m\acute{a}x}$  = taxa de crescimento específico máxima ( $\text{d}^{-1}$ );

$S$  = concentração do substrato limitante ( $\text{g DBO}_5/\text{m}^3$ );

$K_S$  = constante de saturação, a qual é definida como a concentração de substrato para a qual  $\mu = \mu_{m\acute{a}x} / 2$  ( $\text{g DBO}_5/\text{m}^3$ ).

O decaimento bacteriano, que é a perda de biomassa devido à morte de microrganismos (respiração endógena) e pode ser calculado pela Equação 9 a seguir:

$$\frac{dX_b}{dt} = -K_d \cdot X_b \quad (9)$$

onde:

$X_b$  = concentração de SSV biodegradáveis ( $\text{mg}/\text{L}$ );

$K_d$  = coeficiente de respiração endógena ( $\text{d}^{-1}$ ).

Para se calcular a produção líquida da biomassa, é preciso levar em consideração a produção bruta e o decaimento bacteriano. Então, a produção líquida pode ser calculada pelas equações a seguir:

Em função do substrato (Equação 10):

$$\frac{dX_V}{dt} = Y \frac{d(S_0 - S)}{dt} - K_d \cdot X_b \quad (10)$$

Em função da concentração da biomassa (Equação 11):

$$\frac{dX_V}{dt} = \mu X_V - K_d \cdot X_b \quad (11)$$

Substituindo o  $\mu$  (Equação 12):

$$\frac{dX_V}{dt} = \mu_{m\acute{a}x} \cdot \frac{S}{K_S + S} \cdot X_V - K_d \cdot X_b \quad (12)$$

Para se calcular a produo de lodo biolgico em um determinado perodo de tempo, pode-se usar a Equao 13 descrita a seguir:

$$\frac{\Delta X_V}{\Delta t} = Y \frac{(S_0 - S)}{t} - K_d \cdot X_b \quad (13)$$

O  $Y_{obs}$   o coeficiente de produo de lodo biolgico corrigido pela parcela de auto-oxidao, podendo ser calculado pela Equao 14:

$$Y_{obs} = Y - K_d \frac{X_V V}{(S_0 - S) Q} \quad (14)$$

Ou, substituindo-se o  $X_V$  (Equao 15):

$$Y_{obs} = \frac{Y}{1 + K_d \cdot \theta_c} \quad (15)$$

Fatores como idade do lodo e temperatura afetam a gerao lquida de lodo biolgico. O  $Y_{obs}$  diminui  medida que a idade do lodo aumenta, pois nas situaes de maior idade do lodo, a auto-oxidao dos microrganismos  maior. Com relao  temperatura, o  $Y_{obs}$  tambm diminui  medida que a temperatura  elevada, mas  necessrio precauo com relao a este parmetro, pois temperaturas altas demais podem comprometer o sistema (JORDO; PESSA, 2014).

No processo convencional de lodos ativados, a produo de lodo biolgico varia de 0,5 a 0,8 kg de lodo seco por quilograma de DBO<sub>5</sub> que  removida. Especificamente para os efluentes da indstria de polpa celulsica, a produo varia de 0,3 a 0,7 kg SST/kg DBO. Este lodo, porm,  constitudo por apenas de 0,5 a 2,0% de slidos secos, dando uma caracterstica de lama, o que facilita o seu bombeamento (SCHOLZ, 2016). Estima-se uma gerao de 9 kg de lodo biolgico seco por tonelada de polpa produzida (LARSSON *et al.*, 2015). J em processos de aerao prolongada, plantas com aproximadamente 24 horas de TDH e 20 a 50 dias de idade do lodo tem uma produo de lodo biolgico por volta de 0,1 kg de lodo seco por quilograma de DBO<sub>5</sub> removida (SAUNAMKI, 1997).

Abbassi, Dullstein e Rbiger (2000) avaliaram o efeito do oxignio dissolvido na produo de lodo biolgico em um sistema de lodos ativados. Aumentando a concentrao de oxignio dissolvido de 1,8 para 6,0 mg/L, houve uma reduo na produo de lodo de 0,28 para 0,2 mg SSV/mg DBO. O aumento da concentrao de oxignio promoveu uma profunda difuso do oxignio, aumentando o volume aerbio dentro dos flocos e fazendo com que a biomassa hidrolisada na matriz do floco pudesse ser degradada aerobiamente, reduzindo a

quantidade de lodo. Porém, segundo Niu *et al.* (2016), em altas concentrações de oxigênio dissolvido, a diversidade dos microrganismos é reduzida. Além disso, o custo operacional se elevaria para se alcançar a concentração de oxigênio dissolvido apontada.

A biomassa em um reator pode ser determinada por diversos métodos (SONNLEITNER; LOCHER; FIECHTER, 1992):

- i) concentração de massa celular, através do método do peso seco;
- ii) concentração numérica de células através do método de contagem celular;
- iii) substâncias intracelulares típicas, como DNA, lipídios e proteínas;
- iv) atividade celular;
- v) suspensões, através da turbidez e densidade ótica;
- vi) densidade;
- vii) propriedades elétricas, através da capacitância e condutividade;
- viii) filtração;
- ix) sensores.

O método mais utilizado é a concentração de massa celular, através do método do peso seco.

#### 4.2.4 Seletores biológicos

O seletor biológico é um reator ou uma série de reatores cinéticos instalados previamente ao tanque de aeração do sistema de lodos ativados, com um tempo de detenção hidráulico em torno de 30 a 60 minutos, onde o afluente é misturado ao lodo retornado e há uma rápida assimilação da DQO rapidamente biodegradável. Neste ambiente de alta taxa de crescimento, os microrganismos podem acumular o substrato como produtos de armazenamento interno nas células (MARTINS *et al.*, 2004; METCALF & EDDY *et al.*, 2003).

O seletor biológico aeróbio cria condições que favorecem o crescimento de bactérias formadoras de floco e suprimem o crescimento das bactérias filamentosas causadoras do intumescimento. As bactérias formadoras de floco crescem mais rapidamente que as bactérias filamentosas em um ambiente com alta concentração de DBO. Já em baixas concentrações de DBO, as filamentosas crescem mais rápido que as bactérias formadoras de floco. Basicamente, o objetivo do reator é a assimilação do máximo de matéria orgânica o mais rápido possível, prejudicando a fonte de alimento das bactérias filamentosas (AL-MUTAIRI, 2009; DE SOUSA *et al.*, 2005; METCALF & EDDY *et al.*, 2003).

Além das vantagens com relação ao floco, os seletores também auxiliam na remoção de nutrientes, como o nitrogênio e o fósforo (JORDÃO; PESSÔA, 2014; METCALF & EDDY *et al.*, 2003).

### 4.3 Unidade de pré-aeração dos efluentes

A redução da produção de lodo biológico em sistemas de tratamento de efluentes pode ser feita através da manipulação dos fatores abióticos dos reatores. Uma forma de manipular estes fatores em um sistema de tratamento de lodos ativados consiste na utilização de um reator com aeração constante previamente ao sistema (LEE, N. M.; WELANDER, 1996). Há uma lacuna no conhecimento com relação à eficiência do sistema e dos mecanismos que ocorrem nesta unidade.

A unidade de pré-aeração é fundamentalmente um seletor biológico, pois sua função principal é transformar a DQO facilmente biodegradável em biomassa através das bactérias dispersas. Estas bactérias dispersas (biomassa jovem) podem ser incorporadas a flocos novos ou se tornarem substrato para protozoários e metazoários (ciliados fixos, livres, flagelados) presentes nos seletores ou no tanque de aeração (LEE, N. M.; WELANDER, 1996; SALINAS; GONZÁLEZ; JIMÉNEZ, 2016).

Uma configuração que vem sendo utilizada é ilustrada no fluxograma mostrado na Figura 3 (ENVIRONMENT, 2005). Ele é composto por uma unidade de pré-aeração, onde ocorre a entrada do afluente, seguindo para dois seletores e um tanque de aeração. Todas as unidades do sistema, com exceção do decantador, recebem aeração e o lodo proveniente do decantador secundário é retornado para o primeiro seletor biológico (RENCKEN; VAN AARTSEN, 2008).

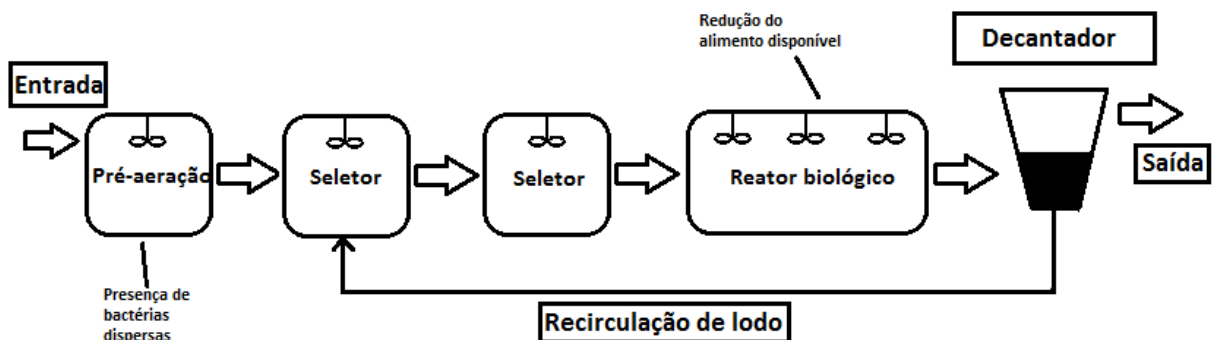


Figura 3 - Representação esquemática de um sistema de lodos ativados com uma unidade de pré-aeração

A unidade de pré-aeração atua como um tanque de equalização, reduzindo o impacto das variações do afluente, como DQO e pH, além de contribuir para o ajustamento do pH biologicamente, através da produção de ácidos orgânicos. A unidade possui um TDH curto, entre 0,5 a 2 horas, e deve receber aeração suficiente para se manter o oxigênio dissolvido entre 1,5 a 2,0 mg/L, além de ser o local onde os nutrientes (nitrogênio e fósforo) deverão ser dosados (SALINAS; GONZÁLEZ; JIMÉNEZ, 2016).

Segundo Salinas, González e Jiménez (2016), a unidade de pré-aeração é capaz de remover de 40 a 60% da DQO solúvel do afluente, além de reduzir em 43,1% da produção média diária de lodo biológico, em comparação ao sistema sem a unidade. Rencken e van Aartsen (2008) ainda acrescentam que esta unidade de pré-aeração, em conjunto com o sistema de lodos ativados, obteve boa remoção de nitrogênio, fósforo e AOX na empresa onde a unidade foi avaliada (12%, 76% e 51%, respectivamente).

A eficiência de remoção da matéria orgânica e redução da produção líquida de lodo biológico pode acontecer devido a duas razões: a microbiologia do sistema ou a oxidação química dos compostos.

#### 4.3.1 Microbiologia na unidade de pré-aeração

No sistema de lodos ativados com uma unidade de pré-aeração, a cadeia alimentar é alterada, de forma que no primeiro estágio do sistema (unidade de pré-aeração) a presença de matéria orgânica solúvel, oxigênio e nutrientes favorece o surgimento de bactérias dispersas. No estágio seguinte do sistema (seletor biológico ou tanque de aeração) a presença das bactérias dispersas e de oxigênio favorece o aumento de protozoários e metazoários, tidos como responsáveis pela predação dessas bactérias (RENCKEN E VAN AARTSEN 2008). Com a falta de substrato disponível, as bactérias se tornam o alimento, aumentando a taxa de respiração endógena, e conseqüentemente, reduzindo a produção líquida de lodo biológico (MELARTI, 2014).

Salinas, González e Jiménez (2016) observaram que em um sistema de lodos ativados utilizando-se uma unidade de pré-aeração, os flocos ficaram melhores, com formas arredondadas, maiores e com estrutura mais compacta. Com relação à comunidade microbiana, houve redução das filamentosas, rotíferos e gástrótricos, e um aumento de flagelados, ciliados livres, ciliados fixos e ciliados rastejantes.

## 5 METODOLOGIA

O fluxograma da Figura 4 apresenta as etapas de realização do experimento.

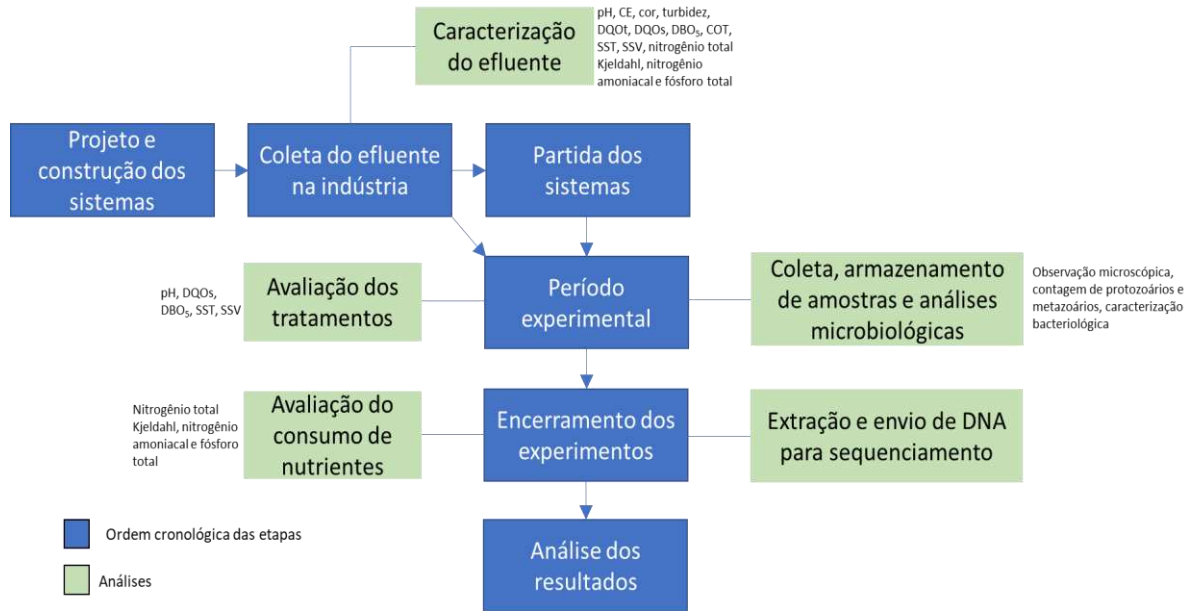


Figura 4 - Fluxograma com as etapas de realização do experimento

### 5.1 Montagem dos sistemas em escala laboratorial

O tratamento biológico foi realizado com reatores em escala de bancada em vidro e alimentação contínua, com uma vazão de alimentação de 9,3 mL/minuto. Foram montados dois sistemas em paralelo, sendo um deles operando com parâmetros típicos de um processo de lodos ativados, com dois seletores biológicos, e o outro adicionando-se a unidade de pré-aeração, antes dos seletores (Figura 5). O tanque de aeração foi projetado para um tempo de detenção hidráulico (TDH) de 8,3 horas. A unidade de pré-aeração e os seletores biológicos possuíram um TDH de 42 minutos. O experimento foi realizado à temperatura ambiente. Para suprir a necessidade de oxigênio, foram utilizados sopradores e difusores de bolhas finas e a concentração de oxigênio dissolvido foi mantida acima de 2,0 mg/L em todas as unidades de ambos os sistemas. A adição de nitrogênio e fósforo, em uma proporção de DQO:N:P igual a 200:5:1 (BASHAAR, 2004), baseada na composição empírica das células, foi feita no tanque de equalização antes do efluente entrar no sistema, bem como o ajuste do pH para uma faixa neutra utilizando-se ácido sulfúrico e hidróxido de sódio. O experimento teve duração de aproximadamente 2 meses.

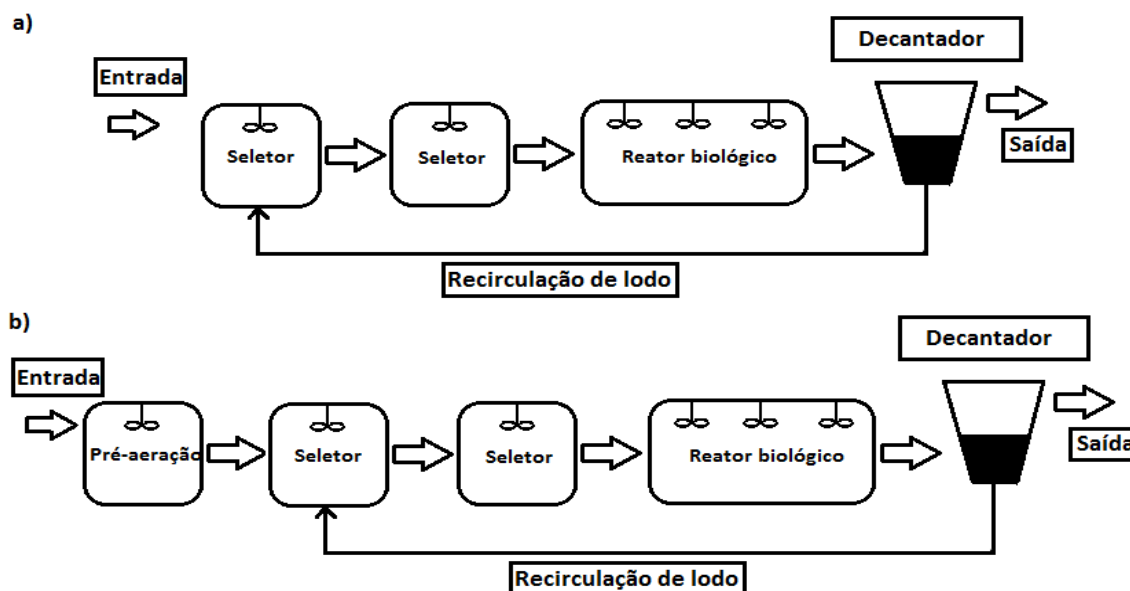


Figura 5 - Desenho esquemático dos tratamentos: (a) sem e (b) com a unidade de pré-aeração

Para a partida dos sistemas, foi utilizado um inóculo coletado na mesma fábrica onde foi coletado o efluente a partir do lodo recirculado, auxiliando na partida dos sistemas e provendo uma população diversificada de microrganismos (VAN DEN BROECK; VAN IMPE; SMETS, 2009).

A concentração de biomassa do reator foi determinada utilizando-se a concentração de sólidos suspensos voláteis (SSV) de acordo com o método do peso seco (APHA/AWWA/WEF, 2012), afim de se manter uma concentração ideal de 1500 a 3500 mg/L, para se manter a idade do lodo ( $\theta_c$ ) superior a 20 dias (PÉREZ-ELVIRA; NIETO DIEZ; FDZ-POLANCO, 2006).

A carga orgânica volumétrica aplicada foi de aproximadamente 2,32 kg DQO/m<sup>3</sup>.dia e 2,48 kg DQO/m<sup>3</sup>.dia para o sistema com a UPA e sem a UPA, respectivamente. A diferença se deu pela adição de mais uma unidade no sistema com a UPA ao sistema, aumentando seu volume total.

## 5.2 Efluente industrial

O efluente industrial foi coletado na Cenibra – Celulose Nipo-Brasileira S.A, na planta localizada na cidade de Belo Oriente, MG, sendo esta uma indústria de polpa celulósica kraft branqueada de eucalipto. Durante o período dos experimentos, o efluente foi coletado em quatro dias diferentes. O ponto de coleta foi após a torre de resfriamento, na entrada do tanque de aeração. O efluente coletado foi encaminhado à Universidade Federal de Viçosa, onde foi mantido resfriado a 5°C.

### 5.3 Plano de monitoramento dos parâmetros físico-químicos e microbiológicos

Os pontos de coleta dos sistemas foram definidos como mostrado na Figura 6 e a Tabela 3 apresenta a periodicidade de cada análise em cada ponto amostral.

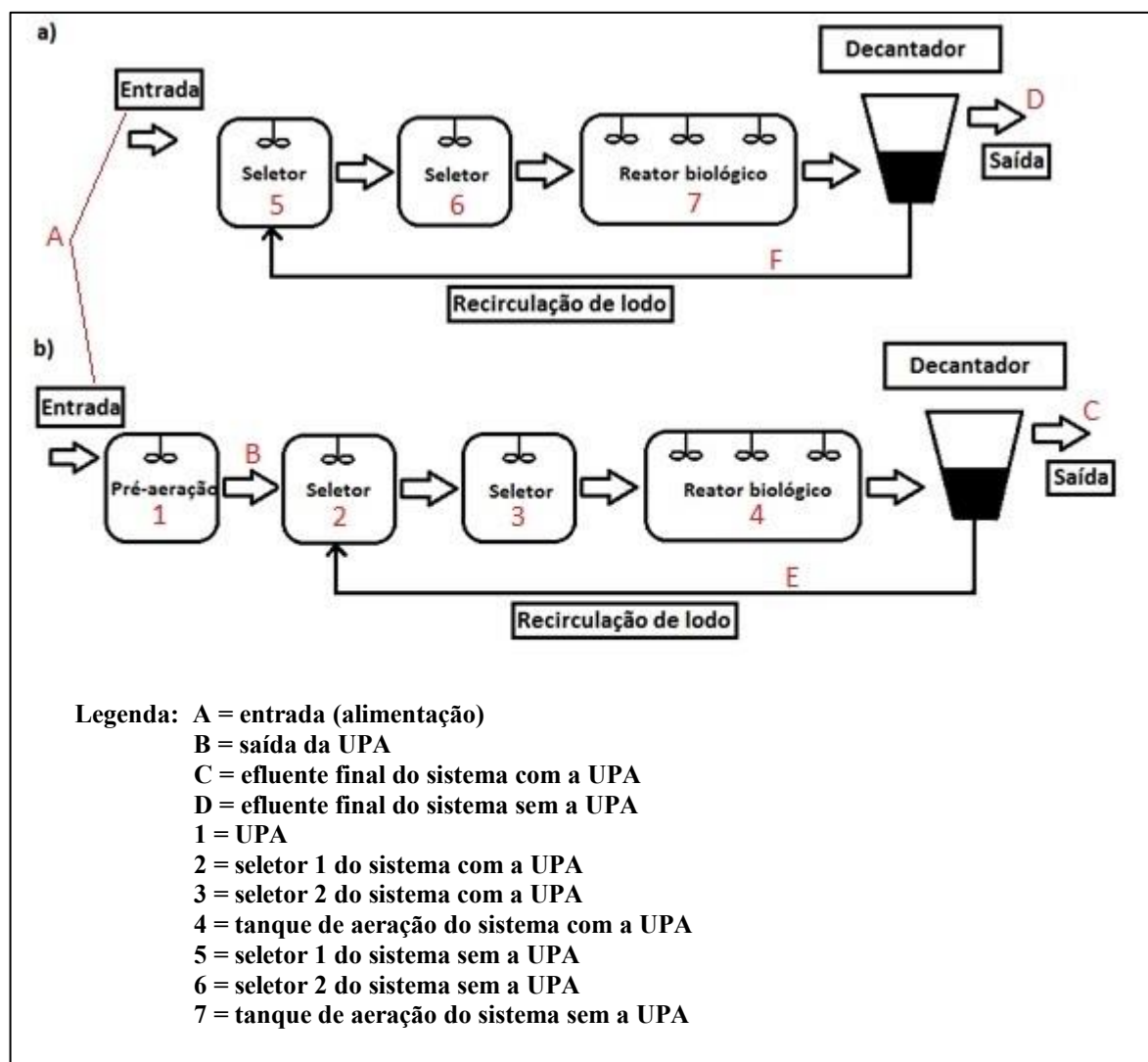


Figura 6 - Pontos de coleta para análises físico-químicas e microbiológicas nos sistemas

**Tabela 3 - Planejamento de coletas de amostras e análises**

Análise	Pontos													
	Novo efluente	A	B	C	D	E	F	1	2	3	4	5	6	7
pH	4	2/S	2/S	2/S	2/S	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Condutividade elétrica	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Cor	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Turbidez	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
DQO total	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
DQO solúvel	4	2/S	2/S	2/S	2/S	-	-	-	-	-	-	-	-	-
DBO <sub>5</sub>	4	Q	Q	Q	Q	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Carbono orgânico total	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Sólidos suspensos totais	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2/S	-	-	2/S
Sólidos suspensos voláteis	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2/S	-	-	2/S
Nitrogênio total Kjeldahl	4	1	1	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Nitrogênio amoniacal	4	1	1	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Fósforo total	4	1	1	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
IVL	-	-	-	-	-	Q	Q	-	-	-	-	-	-	-
Contagem de protozoários	-	-	-	-	-	-	-	2	2	2	2	2	2	2
Sequenciamento de DNA	-	-	-	-	-	-	-	2	2	2	2	2	2	2

Q = quinzenal; 2/S = duas vezes por semana; 1 = uma coleta; 2 = duas coletas; 4 = quatro coletas.

#### 5.4 Caracterização físico-química do efluente e monitoramento dos sistemas

As análises realizadas durante o experimento foram: pH, condutividade elétrica (CE), cor, turbidez, DQO total (DQO<sub>T</sub>), DQO solúvel (DQO<sub>S</sub>), DBO<sub>5</sub>, carbono orgânico total (COT), sólidos suspensos totais (SST), sólidos suspensos voláteis (SSV), nitrogênio total Kjeldahl, nitrogênio amoniacal e fósforo total (Tabela 4). Foram realizadas segundo os *Standard Methods for the Examination of Water and Wastewater* (APHA/AWWA/WEF, 2012), no Laboratório de Celulose e Papel, Laboratório de Resíduos Florestais e Laboratório de Engenharia Sanitária e Ambiental, localizados no campus da Universidade Federal de Viçosa em Viçosa, MG.

**Tabela 4 - Métodos utilizados para análises físico-químicas**

Análise	Método
pH	Eletrométrico
Condutividade Elétrica	Eletrométrico
Cor	Espectrofotométrico
Turbidez	Nefelométrico
Demanda Química de Oxigênio	Colorimétrico
Demanda Bioquímica de Oxigênio	DBO 5° dia
Carbono Orgânico Total	Combustão a alta temperatura
Sólidos Suspensos Totais	SST seco a 103-105 °C
Sólidos Suspensos Voláteis	SV calcinado a 550 °C
Nitrogênio Total Kjeldahl	Macro-Kjeldahl
Nitrogênio Amoniacal	Titrimétrico
Fósforo Total	Cloreto estanoso

Fonte: (APHA/AWWA/WEF, 2012)

Para a caracterização do efluente, foram analisados os parâmetros: pH, condutividade elétrica (CE), cor, turbidez, DQO total (DQO<sub>T</sub>), DQO solúvel (DQO<sub>S</sub>), DBO<sub>5</sub>, carbono orgânico total (COT), sólidos suspensos totais (SST), sólidos suspensos voláteis (SSV), nitrogênio total Kjeldahl, nitrogênio amoniacal e fósforo total. Estas análises foram realizadas após cada coleta de efluente na fábrica.

Para determinar a eficiência do tratamento dos sistemas, foram analisados os parâmetros: pH, DQO solúvel (DQO<sub>S</sub>), DBO<sub>5</sub>, sólidos suspensos totais (SST) e sólidos suspensos voláteis (SSV). As análises de pH e DQOs foram realizadas duas vezes por semana. Para SST e SSV, as análises foram realizadas semanalmente para que os sistemas não sofressem impacto devido à perda de biomassa.

Para avaliar o consumo de nutrientes, foram analisados: nitrogênio total Kjeldahl, nitrogênio amoniacal e fósforo total. Estas análises foram realizadas na finalização dos experimentos.

### 5.5 Determinação da produção de lodo biológico

A determinação da concentração do lodo biológico presente nos reatores foi determinada através do método do peso seco (APHA/AWWA/WEF, 2012), que consiste na determinação da concentração de sólidos suspensos voláteis.

Para estimar a geração de lodo biológico, foram utilizadas as equações cinéticas de crescimento bacteriano. O coeficiente de produção celular ( $Y$ ) foi obtido pela Equação 6. O cálculo foi efetuado levando-se em consideração a variação da concentração de SSV ( $X_V$ ), a variação da concentração da  $DBO_5$  ( $S$ ) e a variação do tempo ( $t$ ).

$$\frac{dX_V}{dt} = Y \cdot \frac{d(S_0 - S)}{dt} \quad (6)$$

Como a concentração de SSV nos tanques de aeração não apresentou crescimento linear, foi construído um gráfico relacionando estes valores e as equações das linhas de tendência foram utilizadas para o cálculo da geração de lodo.

### 5.6 Análises microbiológicas

As análises microbiológicas foram realizadas com o apoio do Laboratório de Microbiologia Aplicada do Departamento de Microbiologia da UFV.

#### 5.6.1 Formação dos flocos

Para se calcular o índice volumétrico de lodo (IVL) é necessário calcular o volume do lodo sedimentado por 30 minutos. Para isso, foi coletado um litro da amostra, colocando-a em uma proveta com agitação constante não maior que 4 rpm e medido o volume ocupado pelo sólido sedimentado no tempo de 30 minutos. O IVL foi calculado multiplicando-se o volume de lodo sedimentado por 1000, e dividindo-se pela concentração de sólidos suspensos (APHA/AWWA/WEF, 2012). Esta análise foi feita quinzenalmente, coletando-se as amostras dos tanques de aeração.

Para observação dos flocos formados, foi utilizado um microscópio óptico Leica, modelo DMLS, com aumento final de 200X (MORAIS; SILVA; BORGES, 2016).

#### 5.6.2 Microbiologia da unidade de pré-aeração, seletores biológicos e reatores

Foram realizadas observações microscópicas utilizando-se um microscópio óptico da marca Leica, modelo DMLS, para acompanhamento da formação de flocos biológicos.

##### 5.6.2.1 Observação e contagem de protozoários e metazoários

A observação de protozoários e metazoários foi realizada utilizando-se um microscópio óptico Leica, modelo DMLS, com aumento final de 200X.

Para a contagem de protozoários, foi utilizado o método de contagem de hemocitômetro modificado (ABSHER, 1973), utilizando-se uma câmara de Neubauer.

##### 5.6.2.2 Coleta e caracterização da comunidade bacteriana

Foram coletadas uma amostra do inóculo (tempo zero) e duas amostras em dois momentos distintos de cada unidade de ambos os sistemas, sendo uma com 30 dias de operação e outra com 45 dias de operação.

Para caracterização das comunidades microbianas, o DNA total das amostras foi extraído de acordo com o protocolo descrito em Silva e colaboradores (SILVA *et al.*, 2010). Após a extração, as amostras foram quantificadas e submetidas a eletroforese em gel de agarose 1% em tampão TBE 1X, para verificar a pureza e qualidade do material extraído. As amostras foram liofilizadas e enviadas para sequenciamento na empresa Mr. DNA (www.mrdnalab.com, Shallowater, TX, USA). O DNA genômico das amostras foi sequenciado utilizando os *primers* para a região variável V1-V2 do gene RNAr 16S, 27f/338r para o Domínio Bacteria. O sequenciamento foi realizado usando a plataforma MiSeq (Illumina), seguindo as orientações do fabricante.

Os dados de sequências foram processados utilizando o “*Mr DNA analysis pipeline*” onde as sequências menores que 150 bp (“base pairs” ou pares de base) foram retiradas e duplicidades removidas. As OTUs (“operational taxonomic units” ou unidades taxonômicas operacionais) foram definidas pelo agrupamento em 3% de divergência evolutiva (97% de

similaridade) e classificadas taxonomicamente utilizando BLASTn contra um banco de dados derivado de NCBI e RDP II ([www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov), <http://rdp.cme.msu.edu>).

A tabela de OTUs gerada foi utilizada para análise de agrupamento com o índice de similaridade de Bray-Curtis cujos valores variam de 0 a 1, onde quanto maior o valor, maior a similaridade das amostras, e construção de um “heat-map”, que é um recurso visual utilizado para demonstrar dados através de cores, com todos os filos encontrados nas amostras (Apêndice A). As comunidades foram comparadas utilizando-se gráficos de abundância relativa mostrando somente os quinze gêneros com maior abundância relativa. O “heat-map” e os gráficos foram confeccionados no Microsoft Excel ®.

Diagramas de *Venn*, foram gerados utilizando a ferramenta disponível na página <http://bioinfo.genotoul.fr/jvenn> (BARDOU *et al.*, 2014) para se comparar as OTUs das amostras (Apêndices B e C).

Os índices de diversidade de espécies foram obtidos pelo programa computacional Past® (<https://folk.uio.no/ohammer/past/>) utilizando como dados de entrada as informações de espécie de cada domínio.

### **5.7 Efeito da aeração do efluente na degradação da matéria orgânica**

Para avaliar se somente a aeração do efluente pode ser responsável pela degradação da matéria orgânica, foi utilizado um reator paralelo ao sistema, onde o efluente foi mantido em aeração constante, com concentração de oxigênio dissolvido acima de 2 mg/L. Amostras para análise de DQO foram coletadas no tempo 0, 30 e 60 minutos. Este teste foi realizado com 5 repetições.

## 6 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 6.1 Caracterização dos efluentes

A Tabela 5 mostra a média com o desvio padrão dos resultados obtidos na caracterização do efluente ( $\sigma$  = desvio padrão).

**Tabela 5 - Caracterização do efluente industrial**

Parâmetro (unidade)	Valor $\pm \sigma^*$
pH	7,67 $\pm$ 0,33
Condutividade elétrica ( $\mu\text{S/cm}$ )	2409 $\pm$ 1944
Cor real (UC)	1250 $\pm$ 465
Turbidez (UNT)	22,2 $\pm$ 7,96
DQO total (mg/L)	1126 $\pm$ 253
DQO solúvel (mg/L)	852 $\pm$ 159
DBO <sub>5</sub> solúvel (mg/L)	232 $\pm$ 94
Carbono orgânico total (mg/L)	275 $\pm$ 39,22
Sólidos suspensos totais (mg/L)	130 $\pm$ 119
Sólidos suspensos voláteis (mg/L)	125 $\pm$ 114
Nitrogênio total Kjeldahl (mg/L)	2,84 $\pm$ 1,74
Nitrogênio amoniacal (mg/L)	**
Fósforo total (mg/L)	6,96 $\pm$ 3,74

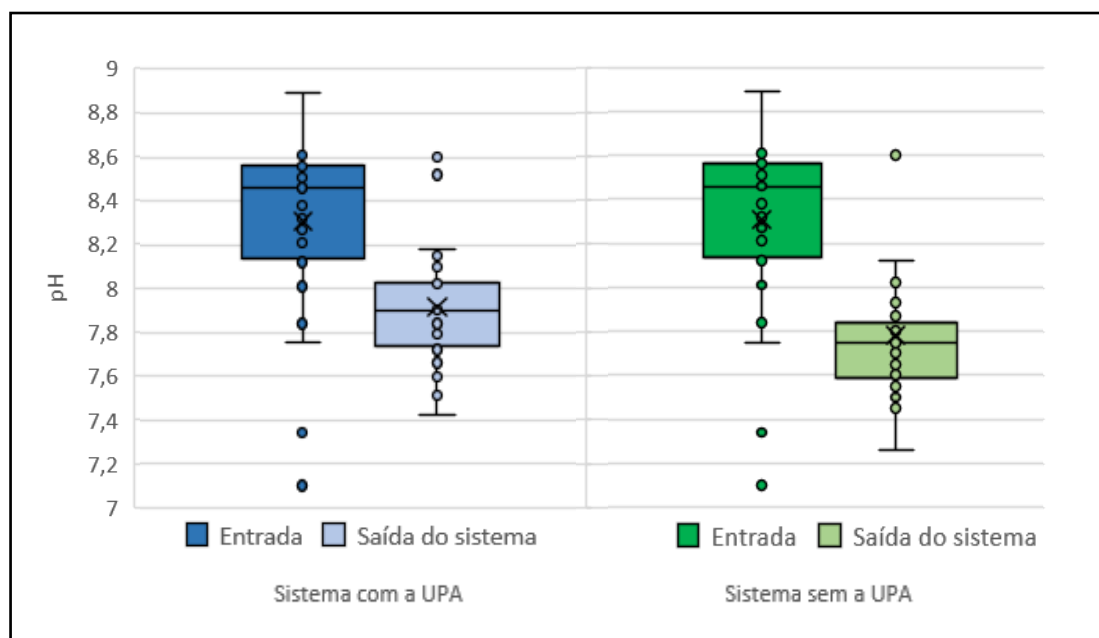
\* $n=4$ ; \*\*Valor abaixo do limite de detecção do método

Os valores de DQO, DBO, sólidos suspensos, condutividade elétrica e cor são típicos de fábricas de polpa celulósica kraft branqueada e estão próximos aos encontrados na literatura (BAJPAI, 2010; POKHREL; VIRARAGHAVAN, 2004). A baixa concentração de nutrientes (nitrogênio e fósforo) é característica de efluentes industriais de polpa celulósica, confirmando a necessidade de se dosar nutrientes previamente ao tratamento secundário (BASHAAR, 2004; THOMPSON *et al.*, 2001). A presença de matéria orgânica e o valor de pH na faixa neutra contribuem para o crescimento dos microrganismos e aponta para o tratamento biológico desses efluentes.

### 6.2 Tratamento biológico

Na Figura 7 pode-se observar o perfil do comportamento do pH nos sistemas no período avaliado. Durante todo o experimento, o pH se manteve na faixa de 7 a 9 nos dois sistemas,

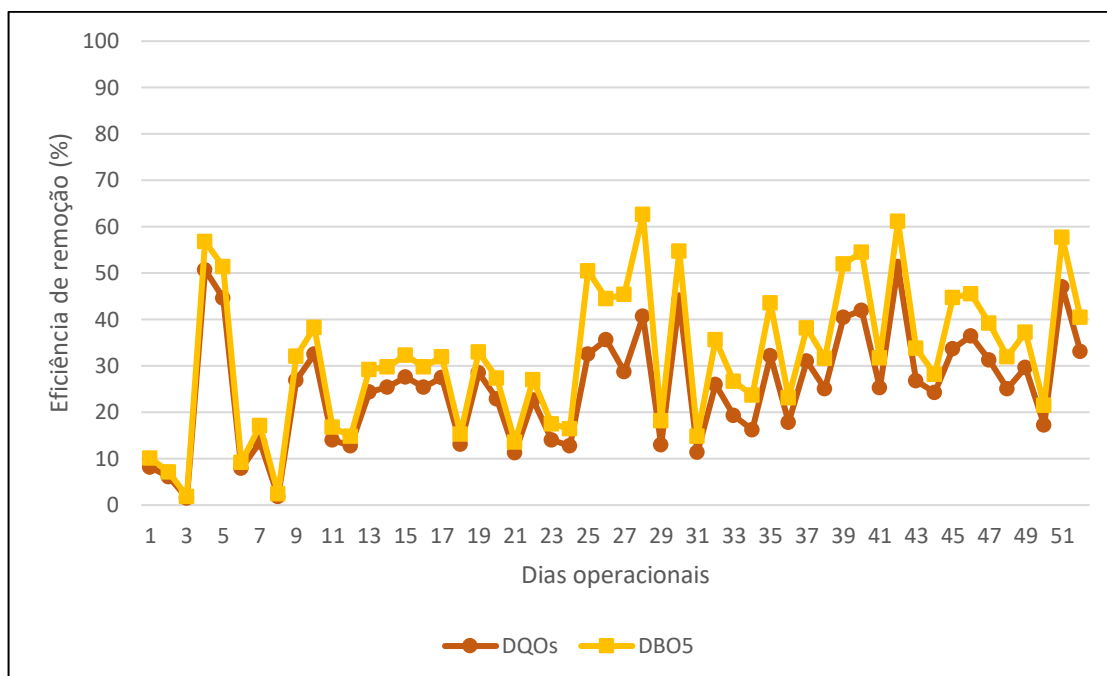
comportamento característico em sistemas de tratamento biológico onde se observa a capacidade dos microrganismos em tamponar o meio (DIEZ *et al.*, 2002; ECKENFELDER; O'CONNOR, 1961). Os valores de pH de saída dos sistemas com e sem UPA não apresentaram variações significativas, com avaliação em intervalo de confiança de 95% pelo método T de Student. A variação do pH de entrada é característica deste tipo de efluente.



**Figura 7 - Variação de pH nos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA)**

Quanto ao comportamento da matéria orgânica nos sistemas estudados, se observou dois fatos relevantes: i) a capacidade de remoção de DQO e DBO na unidade de pré-aeração; ii) a similaridade da remoção global nos dois sistemas.

A Figura 8 mostra as eficiências de remoção de DQO solúvel e DBO<sub>5</sub> na UPA durante o período de experimento, para avaliar a remoção de matéria orgânica por esta unidade. A UPA apresentou uma grande variação na remoção de DQOs e DBO<sub>5</sub> durante o período do experimento. Isso pode ser explicado pelo baixo TDH da unidade, que altera a microbiota e seu metabolismo (GONZALEZ-MARTINEZ *et al.*, 2016; XU *et al.*, 2018). Para DQOs, a remoção média foi de 25,27% ± 12,11 e para DBO<sub>5</sub>, a remoção média foi de 31,83% ± 15,55.



**Figura 8 - Eficiência de remoção de DBO<sub>5</sub> e DQOs na unidade de pré-aeração**

A remoção média de DQOs de 25,27% mostra que a UPA operou como um reator biológico com boa eficiência, mesmo não havendo inoculação intencional de microrganismos (recirculação de lodo) e com baixo TDH (42 minutos), quando comparado aos TDHs normalmente utilizados em reatores biológicos.

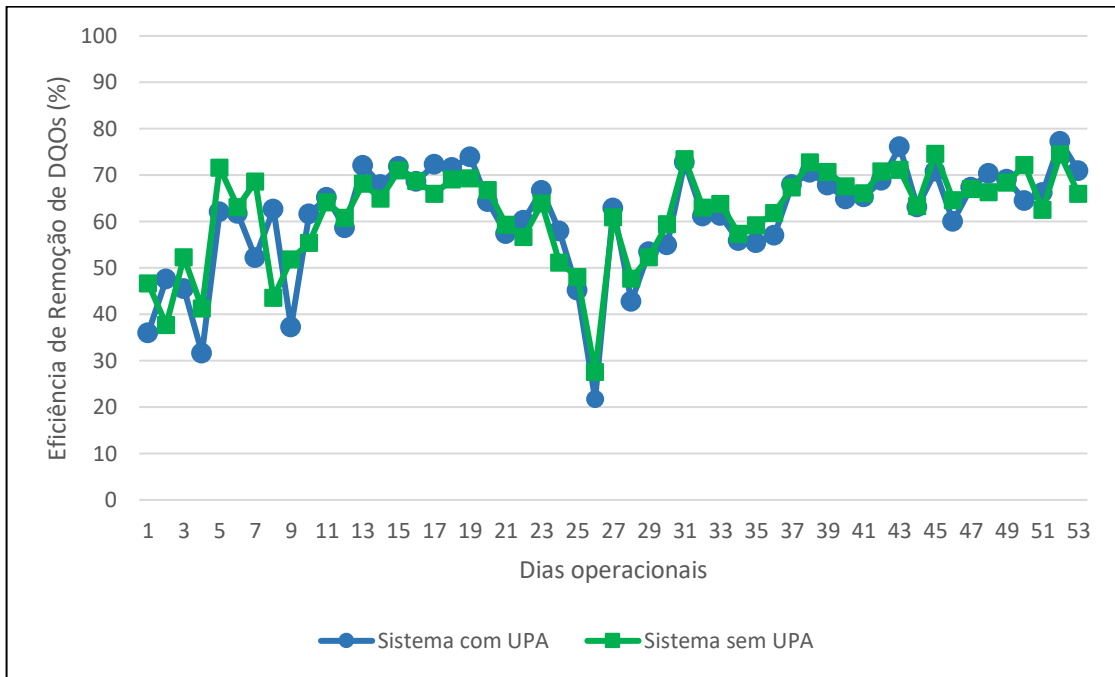
Valores de remoção de matéria orgânica em unidades de aeração prévia do efluente são reportados por Lee e Welander (1996), que alcançaram remoção de DQO de 53% para um TDH de 10 horas e 76% para um TDH de 3 horas.

A alta eficiência apresentada pela UPA pode ser explicada por se ela assemelhar a um seletor biológico, que apesar de não receber a recirculação de lodo biológico proveniente do decantador secundário, seu baixo TDH seleciona os organismos mais eficientes no consumo do substrato (menor  $K_s$ ), que se manterão na unidade (CHUDOBA; GRAU; OTTOVÁ, 1973; PARKER; MONTEITH; MELCER, 1995). A eficiência de remoção de matéria orgânica também está relacionada com a concentração de SSV (biomassa) como apontado por Ren e colaboradores (2005).

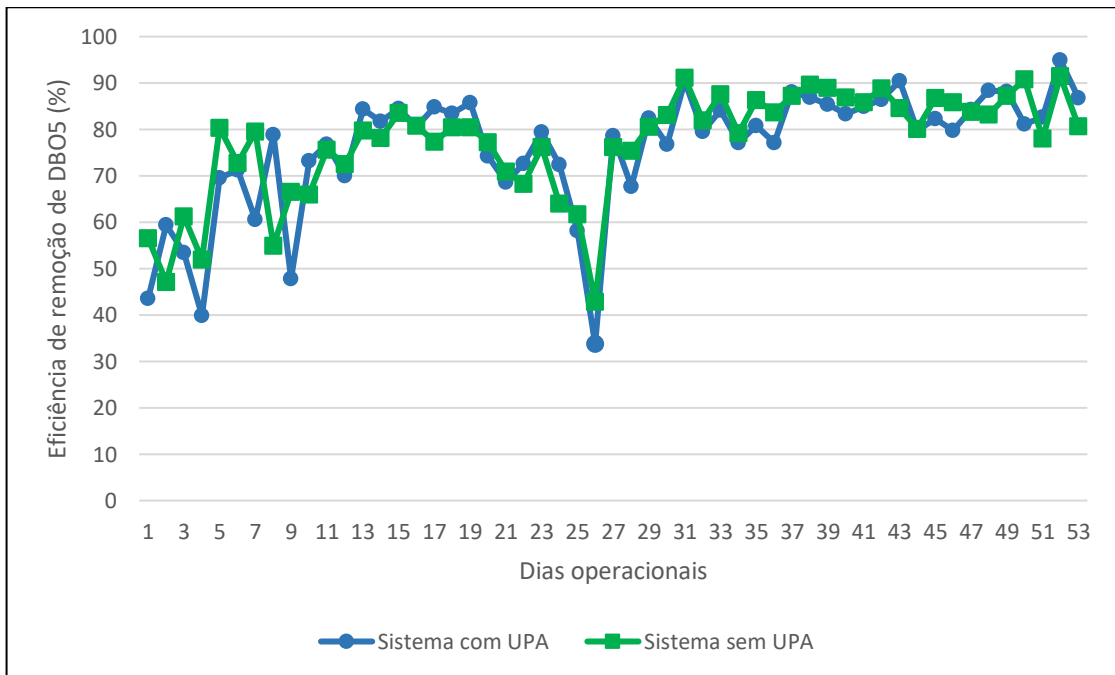
A Figura 9 e a Figura 10 apresentam, respectivamente, a eficiência global de remoção de DQOs e DBO<sub>5</sub> dos sistemas com e sem UPA.

A DQOs alcançou uma remoção global média de  $61,01\% \pm 11,63$  para o sistema com a UPA e  $61,77\% \pm 10,06$  para o sistema sem a UPA. Com relação à DBO<sub>5</sub>, a remoção global média foi de  $76,16\% \pm 13,25$  no sistema com a UPA e  $77,20\% \pm 11,46$  no sistema sem a UPA.

Os valores mínimos encontrados tanto para DQOs quanto para DBO<sub>5</sub> coincidiram na mesma coleta (26º dia operacional) devido ao mal funcionamento dos aeradores, que mesmo sendo solucionado rapidamente, foi perceptível nesta amostra.



**Figura 9 - Eficiência global de remoção de DQOs dos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA)**



**Figura 10 – Eficiência global de remoção de DBO<sub>5</sub> dos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA)**

Os valores de remoção de DQOs encontrados neste estudo estão próximos aos encontrados por Mahmood e Elliott (2006), Saunamäki (1997) e Bajpai (2010), sendo 60%, 57,1% e 55%, respectivamente. Já para os valores de DBO<sub>5</sub>, o valor médio encontrado neste estudo foi inferior. Nos mesmos estudos citados, os valores de remoção de DBO<sub>5</sub> encontrados foram, respectivamente, 95%, 93,8% e 91,5%, com TDHs próximos ao utilizado neste estudo. Em contrapartida, estes valores encontrados se assemelham ao valor máximo obtido neste estudo (95% para o sistema com a UPA e 92% para o sistema sem a UPA). Estes resultados sugerem que ambos os sistemas se comportam de maneira semelhante com relação à remoção da matéria orgânica.

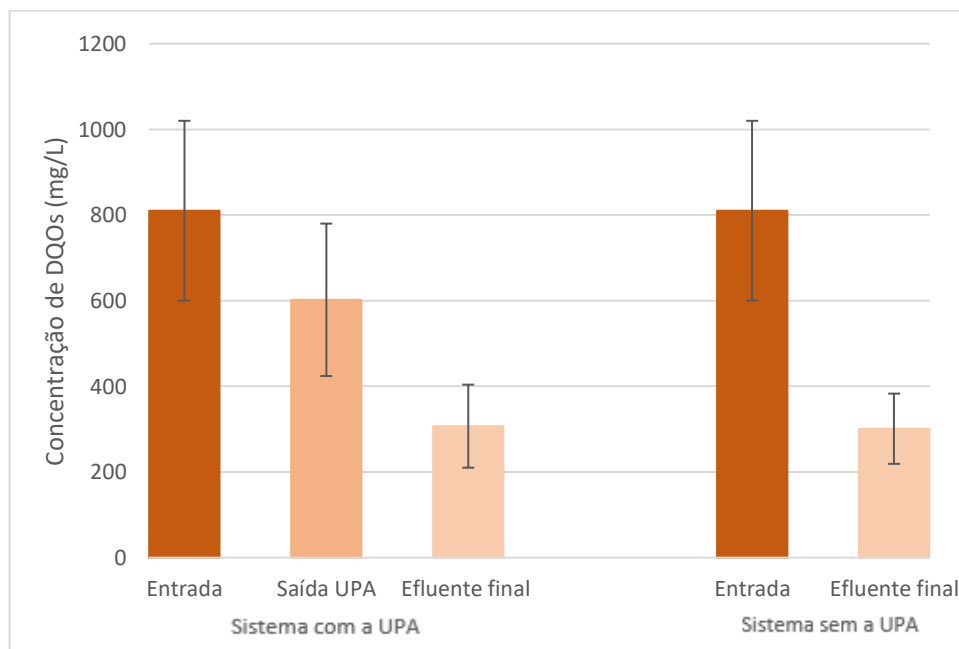
As médias de remoção de DQOs e DBO<sub>5</sub> encontradas durante o período avaliado estão sintetizadas na Tabela 6.

**Tabela 6 - Média de remoção de DQOs e DBO<sub>5</sub> nos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA)**

Parâmetro	Sistema com UPA		Sistema sem UPA
	Saída da UPA	Efluente final	Efluente final
<b>DQOs</b>	25,27 ± 12,11	61,01 ± 11,63	61,77 ± 10,06
<b>DBO<sub>5</sub></b>	31,83 ± 15,55	76,16 ± 13,25	77,20 ± 11,46

*n*=52

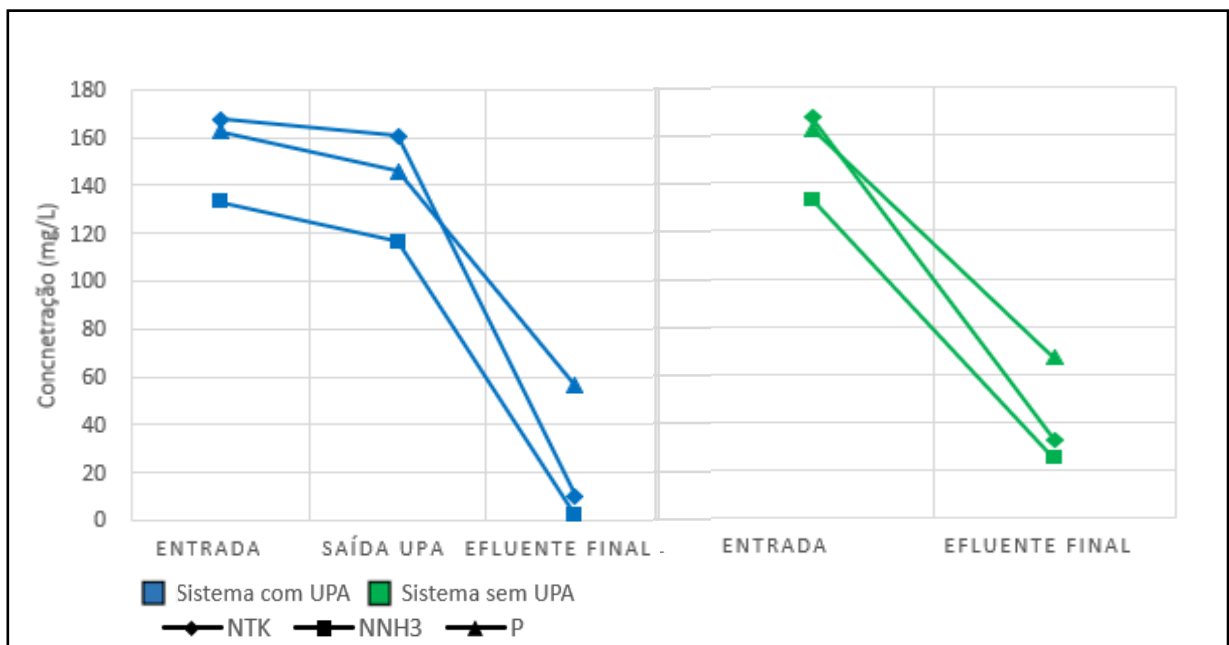
Na Figura 11 é apresentada a concentração média global de DQOs nos dois sistemas durante todo o experimento.



**Figura 11 – Concentração média global de DQOs, nos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA)**

Comparando-se os valores de eficiência global dos sistemas (com e sem a UPA) não houve variação significativa (teste T de Student, com 95% de confiança). Além disso, o comportamento da DQO<sub>s</sub> apresentado na Figura 11 mostra que a concentração média na saída de ambos os sistemas foi muito próxima. Nesse sentido, considerando a eficiência global de remoção de matéria orgânica (DQOs e DBO<sub>5</sub>), observou-se que a incorporação da UPA ao sistema de tratamento não afetou o desempenho do sistema, ou seja, não houve variação negativa ou positiva devido à presença da UPA.

A Figura 12 mostra a concentração de nutrientes na coleta realizada no final do experimento. Como mostrado, o consumo de nutrientes na UPA foi de 3,97% de nitrogênio total Kjeldahl, 12,51% de nitrogênio amoniacal e 10,23% de fósforo total. Os sistemas com UPA e sem UPA consumiram, respectivamente, 93,71% e 80,46% de nitrogênio total Kjeldahl, 98,33% e 81,25% de nitrogênio amoniacal e 65,27% e 58,76% de fósforo total, demonstrando que o sistema com a UPA realizou o maior consumo de nutrientes.



**Figura 12 - Concentração de nutrientes nos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA).**

**Nitrogênio total Kjeldahl = NTK; Nitrogênio amoniacal = NNH<sub>3</sub>; Fósforo = P**

Tanto o sistema com a UPA quanto o sistema sem a UPA apresentaram valores de consumo de nutrientes próximos aos encontrados em outros estudos. Diez *et al.* (2002) apresentou consumo de 87,3% de nitrogênio total Kjeldahl e 84,2% de fósforo total. Já Bajpai (2010) apresentou resultados com menor consumo, sendo 35% de nitrogênio total Kjeldahl e

62,5% de fósforo total. Estes resultados demonstram que ambos os sistemas obtiveram consumo satisfatório de nutrientes.

### 6.3 Produção de lodo biológico

A Figura 13 apresenta a concentração de sólidos suspensos voláteis (SSV) e fixos (SSF) nos tanques de aeração dos sistemas com e sem UPA.

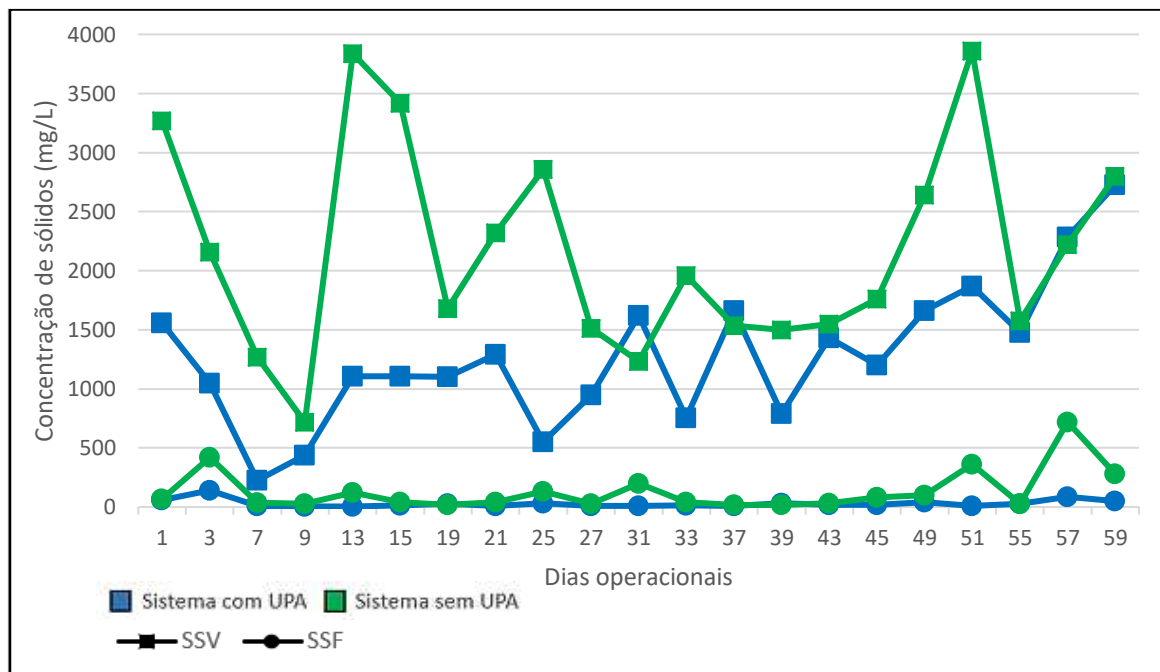


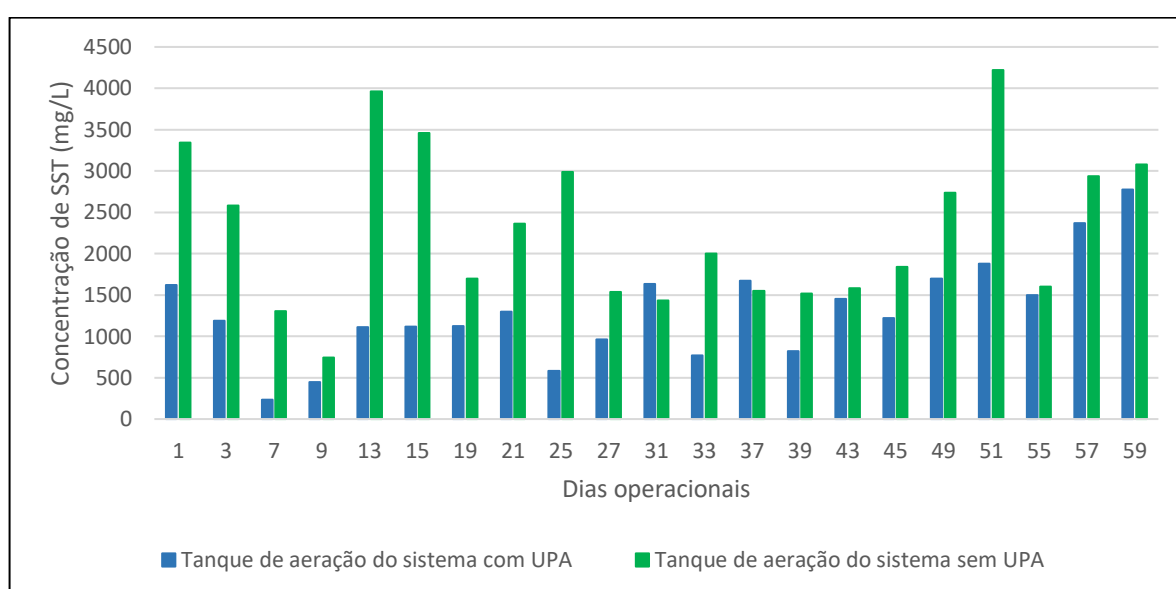
Figura 13 - Concentração de sólidos suspensos voláteis (SSV) e fixos (SSF) nos tanques de aeração dos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA)

Avaliando-se a concentração de sólidos suspensos voláteis, a concentração média no sistema com a UPA foi de  $1278 \text{ mg/L} \pm 596$ . Já no sistema sem a UPA, a concentração média foi de  $2175 \text{ mg/L} \pm 889$ . Com relação à concentração de sólidos suspensos fixos, a concentração média foi de  $30 \text{ mg/L} \pm 32$  para o sistema com a UPA e de  $133 \text{ mg/L} \pm 178$  para o sistema sem a UPA.

O sistema com a UPA apresentou um maior consumo de nutrientes conforme mostrado na Figura 12, indicando maior atividade microbológica (BASHAAR, 2004). Apesar da maior atividade, o sistema com a UPA se manteve com eficiência de remoção de matéria orgânica semelhante ao sistema sem a UPA, e uma menor concentração de sólidos suspensos. Esse fato pode ser explicado pela menor disponibilidade de matéria orgânica facilmente biodegradável

nos reatores posteriores à UPA, além de maior utilização da biomassa como fonte de alimento, favorecendo a respiração endógena (VIDAL; VIDELA; DIEZ, 2001).

Avaliando-se a concentração total de sólidos suspensos nos tanques de aeração dos sistemas com UPA e sem UPA, pode ser observado na Figura 14 que o sistema sem a UPA apresentou maior concentração durante o período de experimentos. A concentração média de SST no sistema com a UPA foi de  $1308 \text{ mg/L} \pm 606$  e de  $2309 \text{ mg/L} \pm 954$  no sistema sem a UPA. As baixas concentrações na amostra 3 no sistema com a UPA e na amostra 4 no sistema sem a UPA foram devido a problemas operacionais.



**Figura 14 - Concentração de sólidos suspensos totais (SST) nos tanques de aeração dos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA)**

Considerando a concentração média das três frações de sólidos suspensos, o sistema com a UPA apresentou menor concentração de SST em 56,66%, 58,77% para SSV e 22,25% para SSF, comparado ao sistema sem a UPA. Estes resultados apontam para uma menor geração líquida de lodo biológico no sistema com a UPA.

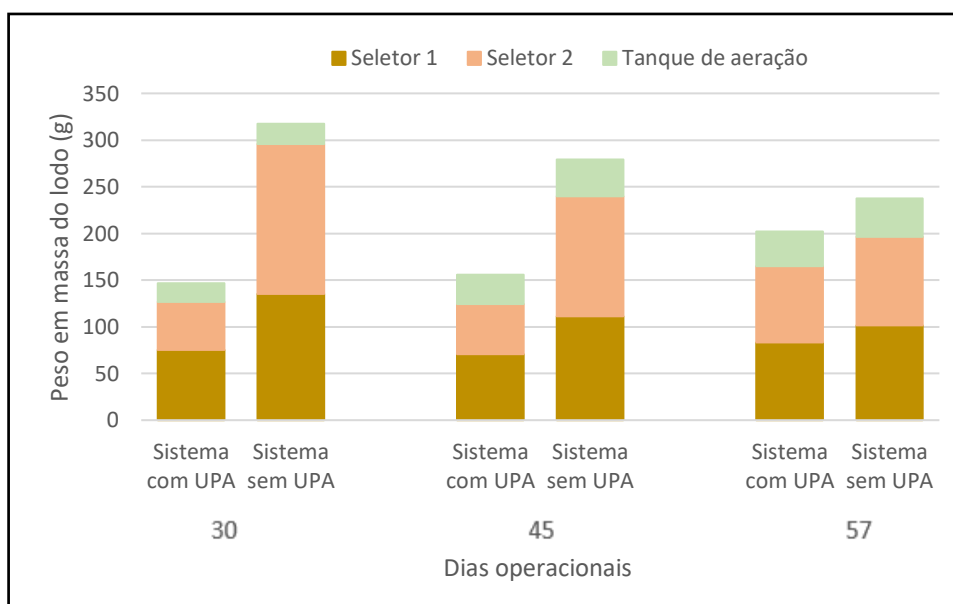
As linhas de tendência polinomial obtidas no gráfico de SSV (Apêndice D) possuíram grau percentual da qualidade de ajuste do modelo ( $r^2$ ) superior ao indicado por Quinino, Reis e Bessegato (1991) para linhas com uma variável regressora e tamanho amostral igual a dezoito, podendo-se considerar as suas equações para calcular a geração de lodo. Considerando o intervalo onde foi observado o crescimento de biomassa em ambos os sistemas, a geração de lodo ( $Y_{obs}$ ) no sistema com a UPA foi 29% inferior ao sistema sem a UPA.

A Tabela 7 mostra a concentração de SST em cada unidade de ambos os sistemas, em três períodos distintos e a Figura 15 mostra o peso em massa de lodo nas unidades dos sistemas com e sem UPA. Estes resultados corroboram que o sistema com a UPA apresenta menor produção líquida de lodo biológico em comparação ao sistema sem a UPA, pois, nas três amostragens, o peso de lodo presente em cada unidade no sistema sem a UPA foi superior comparando-se ao sistema com a UPA. Pode ser observado uma tendência de diminuição da diferença do peso de lodo dos sistemas no período avaliado.

**Tabela 7 - Concentração de sólidos suspensos totais nas unidades dos sistemas com e sem UPA**

Sistema com UPA			Sistema sem UPA		
Seletor 1	Seletor 2	Tanque de aeração	Seletor 1	Seletor 2	Tanque de aeração
5708	4644	2214	9300	8917	2540

Amostras coletadas nos dias operacionais 30, 45 e 57



**Figura 15 - Peso em massa do lodo nas unidades dos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA)**

Uma explicação para a redução da produção líquida de lodo biológico aponta para as alterações dos processos bioquímicos no sistema com a UPA. Com a inserção de uma unidade prévia ao sistema de tratamento com aeração constante, a matéria orgânica mais facilmente biodegradável é consumida rapidamente por bactérias que se encontram dispersas no meio, como apontado na Figura 8, selecionadas pela sua alta afinidade com as fontes de carbono presentes no afluente, ocorrendo o crescimento de biomassa. Estas bactérias podem se agregar aos flocos ou se tornarem substrato para predadores, como protozoários e metazoários. Além da predação, pode ocorrer a respiração endógena onde a biomassa jovem consome a biomassa

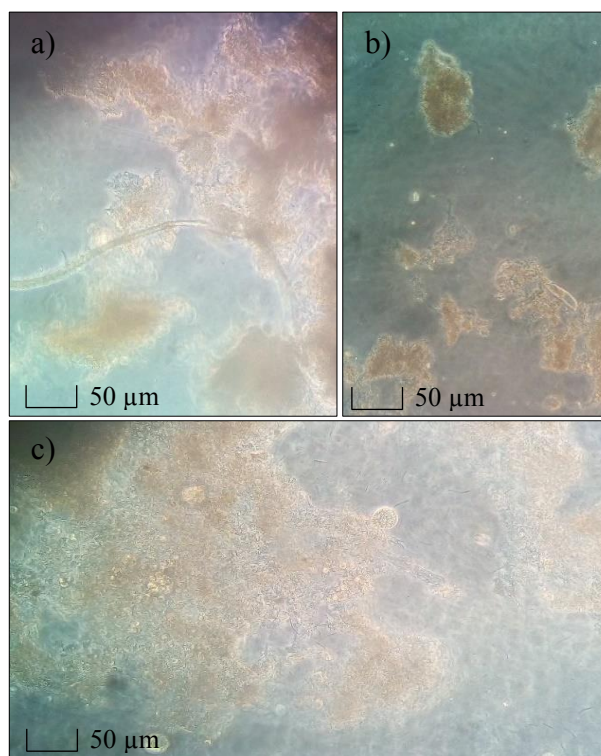
mais antiga (LEE, N. M.; WELANDER, 1996; MAHMOOD; ELLIOTT, 2006; SALINAS; GONZÁLEZ; JIMÉNEZ, 2016). As análises microbiológicas refutaram esta hipótese.

Considerando a boa eficiência da UPA e as desvantagens apresentadas por outras alternativas, esta torna-se uma opção vantajosa para redução da geração de lodo biológico.

## 6.4 Análises Microbiológicas

### 6.4.1 Formação dos flocos e sedimentabilidade do lodo

Para avaliar-se a formação dos flocos, foram analisadas amostras retiradas de ambos os sistemas. Na Figura 16, podem ser observados os flocos formados no tanque de aeração do sistema com a UPA.

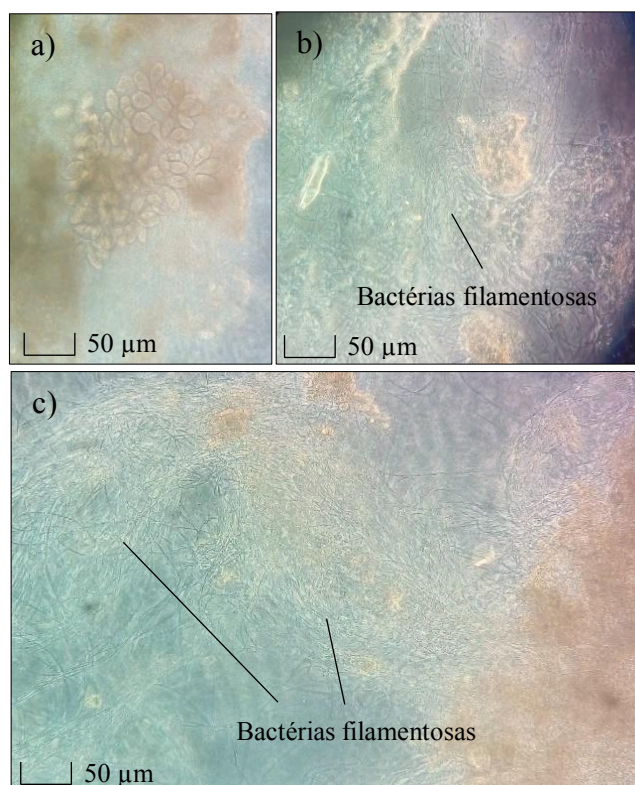


**Figura 16 - Flocos biológicos observados em microscópio óptico com aumento final de 200X, no tanque de aeração do sistema com a UPA. (a) e (b) mostram flocos bem formados e (c) mostra presença de substâncias poliméricas extracelulares**

Como pode ser observado nas Figuras 16a e 16b, os flocos formados no sistema com a UPA se apresentaram bem estruturados, com presença de pequenos filamentos, além de intensa presença de protozoários, considerados ideais conforme apontado por Bitton (2011) e Von

Sperling (2012). Na Figura 16c, pode ser observada a pequena presença de substâncias poliméricas extracelulares. Em excesso, estas substâncias podem causar o chamado intumescimento viscoso, prejudicando a eficiência do sistema (DA MOTTA *et al.*, 2001; JENKINS; RICHARD; DAIGGER, 2003; MESQUITA; AMARAL; FERREIRA, 2011).

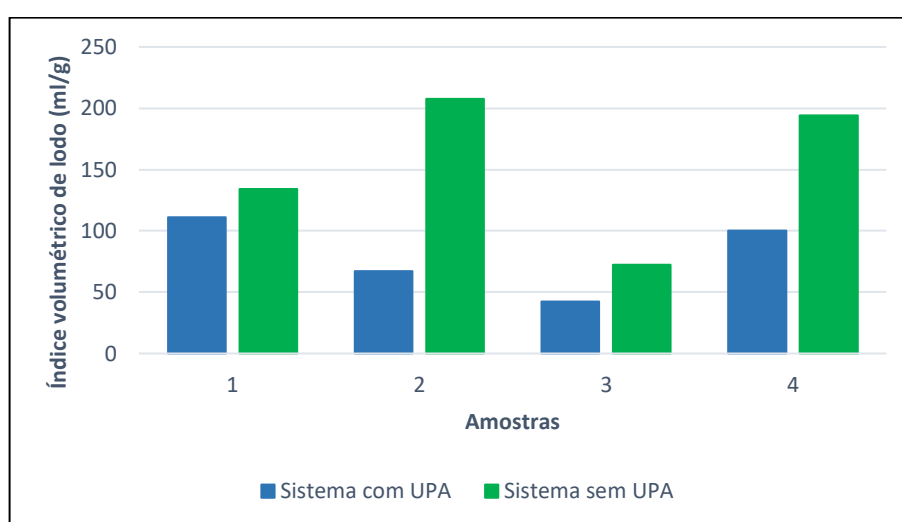
Na Figura 17, podem ser observados os flocos formados no tanque de aeração do sistema sem a UPA.



**Figura 17 - Flocos biológicos observados em microscópio ótico com aumento final de 200X, no tanque de aeração do sistema sem a UPA. Houve presença de substâncias poliméricas extracelulares (a) e excesso de bactérias filamentosas (b) e (c)**

No sistema sem a UPA, foi observada elevada presença de substâncias poliméricas extracelulares, como mostrado na Figura 17a e também a presença de bactérias filamentosas, como mostrado nas Figuras 17b e 17c, caracterizando possível intumescimento filamentoso, um dos problemas mais comuns em sistemas de lodos ativados, que pode acarretar na perda de sólidos na saída do sistema devido à baixa sedimentabilidade e adensabilidade do lodo. O efluente final com a presença de sólidos caracteriza-se como um efluente de baixa qualidade (DA MOTTA *et al.*, 2001; DANGCONG *et al.*, 1999; JENKINS; RICHARD; DAIGGER, 2003; SOUSA, 2002).

A qualidade dos flocos é refletida nas análises de índice volumétrico de lodo, mostrado na Figura 18. Para o sistema com a UPA, o IVL médio encontrado foi de 80 mL/g, com um desvio padrão de 31 mL/g. Já para o sistema sem a UPA, o IVL médio encontrado foi de 152 mL/g, com um desvio padrão de 62 mL/g. Conforme classificado por Von Sperling (2012), o sistema com a UPA apresenta uma boa sedimentabilidade do lodo (50-100 mL/g) e o sistema sem a UPA apresenta uma sedimentabilidade do lodo média (100-200 mL/g), o que corrobora os resultados encontrados com a observação dos flocos (DANGCONG *et al.*, 1999; JIN; WILÉN; LANT, 2003; PALM; JENKINS; PARKER, 1980).

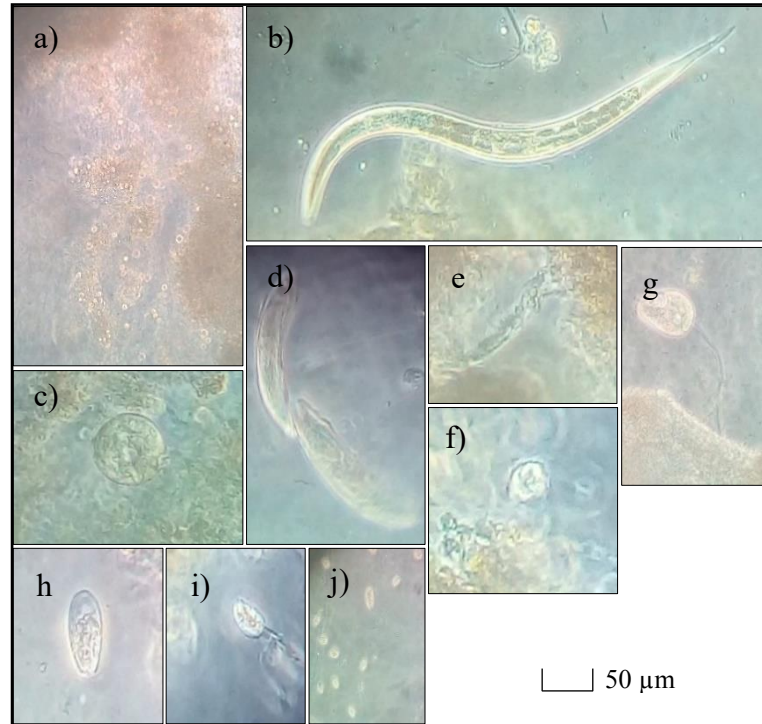


**Figura 18 - Índice volumétrico de lodo dos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA)**

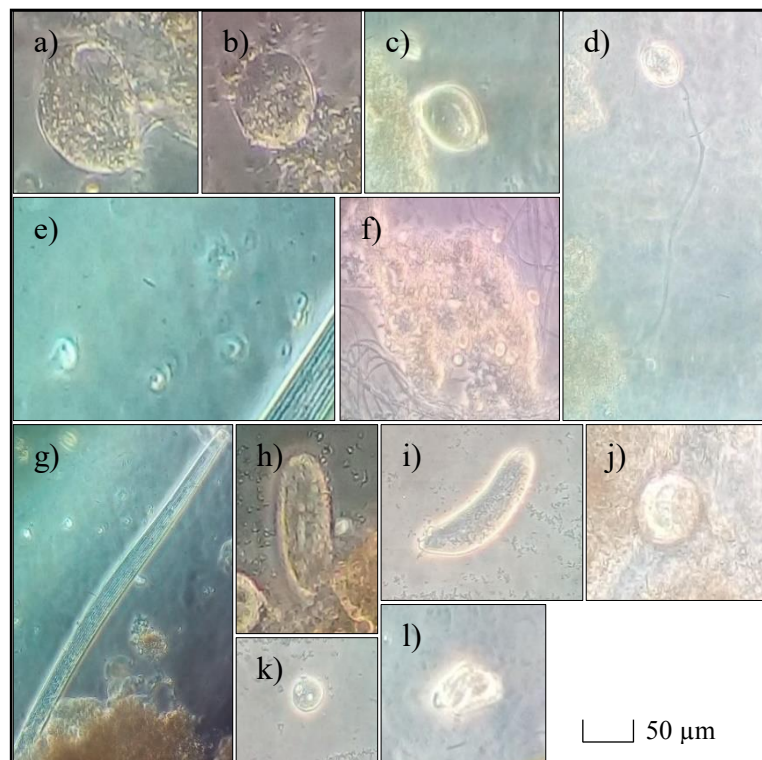
Considerando que ambos os sistemas foram operados nas mesmas condições e com o mesmo afluente, o sistema com a UPA apresentou lodo com melhores condições de adensabilidade e sedimentabilidade e melhor capacidade em evitar intumescimento do lodo.

#### 6.4.2 Observação e contagem de protozoários e metazoários

Nos sistemas com UPA (Figura 19) e sem UPA (Figura 20), foram encontrados protozoários e metazoários normalmente presentes em plantas de tratamento de lodos ativados (BITTON, 2011; CURDS; COCKBURN, 1970; GINORIS *et al.*, 2007). A presença de nematoides nos sistemas (Figura 19b e Figura 20g) apontam para uma alta idade do lodo e estão usualmente relacionados com maiores graus de purificação do efluente (POOLE, 1984).



**Figura 19 - Protozoários e metazoários observados no sistema com a unidade de pré-aeração: ciliados rastejantes (a), nematoides (b), sarcodíneos (c), ciliados carnívoros (d), flagelados (e, i), ciliados pedunculados (f, g), rotíferos (h), ciliados nadadores livres (j)**



**Figura 20 - Protozoários e metazoários observados no sistema sem a unidade de pré-aeração: ciliados rastejantes (a, b, c, f), ciliados pedunculados (d), ciliados nadadores livres (e), nematoides (g), rotíferos (h, i), sarcodíneos (j, k), ciliados carnívoros (l)**

A Tabela 8 apresenta os resultados da contagem de protozoários e metazoários realizada no inóculo e em dois momentos distintos em cada unidade de ambos os sistemas.

**Tabela 8 - Contagem de protozoários e metazoários nos sistemas com e sem UPA**

Ponto de amostragem	Contagem de protozoários ( $10^4/\text{mL}$ )	
	Sistema com UPA	Sistema sem UPA
UPA	$6,59 \pm 0,34$	-
Seletor 1	$6,83 \pm 0,60$	$7,17 \pm 0,17$
Seletor 2	$7,66 \pm 0,38$	$7,77 \pm 0,24$
Tanque de aeração	$8,03 \pm 0,76$	$8,39 \pm 0,62$
Média do sistema	$7,28 \pm 0,78$	$7,78 \pm 0,63$

Média e desvio padrão, com  $n=8$

Os resultados da contagem de protozoários e metazoários mostraram que o número de indivíduos aumentou de uma unidade para outra em ambos os sistemas, com crescimento médio de 17,33% para o sistema com a UPA e 14,17% para o sistema sem a UPA, comparando-se a primeira unidade com a última unidade de tratamento (Tabela 8).

Considerando o número médio de indivíduos em cada sistema, foram encontrados  $7,28 \times 10^4$  indivíduos/mL no sistema com a UPA e  $7,78 \times 10^4$  indivíduos/mL no sistema sem a UPA. Estes valores médios encontrados se equivalem aos valores médios encontrados em outros estudos (CHEN, S. *et al.*, 2004; GINORIS *et al.*, 2007; SALVADÓ; GRACIA, 1993; ZHOU *et al.*, 2008).

Comparando-se a média de indivíduos nos sistemas com e sem a UPA, podemos afirmar que houve variação significativa (teste T de Student, com 95% de confiança).

Levando em consideração a identificação dos protozoários e metazoários encontrados nos sistemas estudados, pode-se inferir que ambos os sistemas favoreceram o crescimento de indivíduos comumente encontrados em sistemas de lodos ativados. Já com relação à contagem, pode-se inferir que neste estudo a UPA não favoreceu o aumento de populações destes organismos, refutando a hipótese apresentada em que os protozoários seriam os responsáveis pela predação das bactérias dispersas.

#### 6.4.3 Caracterização da comunidade bacteriana

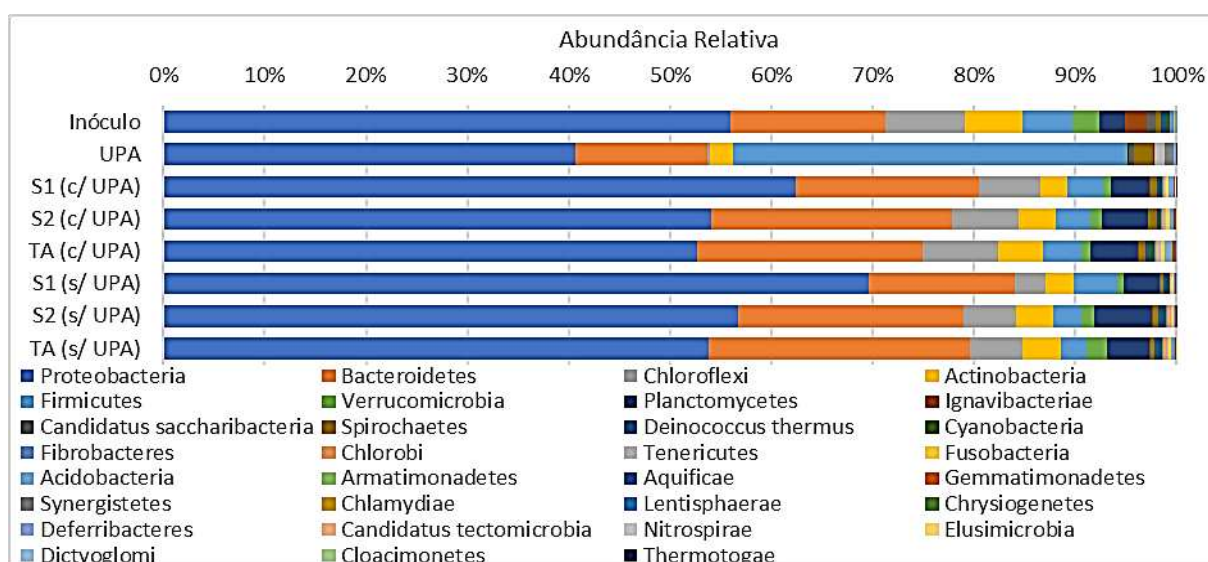
Os índices de diversidade de espécies referem-se à variedade e abundância de espécies de organismos vivos de uma determinada comunidade, habitat ou região. O índice de Shannon determina a riqueza da amostra e quanto maior o índice, mais rico em espécies é o ambiente e

mais uniformemente distribuídas elas são. O índice de dominância representa a prevalência de uma ou mais espécies sobre as demais em uma mesma amostra ou ambiente, onde o menor valor representa a maior equitatividade da amostra (ZHAI *et al.*, 2018). O Índice de equitabilidade J indica a uniformidade na distribuição dos indivíduos dentro cada amostra variando entre 0 e 1 onde valores mais próximos a 1 representam amostras mais uniformes (PIELOU, 1966).

Os resultados encontrados podem ser observados no Apêndice E. O índice de equitabilidade foi muito próximo em todas as amostras, aproximadamente 0,70, indicando que todas as amostras avaliadas demonstraram uniformidade e consequentemente baixa dominância na distribuição dos indivíduos. Os valores de dominância de todas as amostras foram abaixo de 0,03.

O índice de dominância e de Shannon são inversamente relacionados, onde o maior índice de dominância reflete em um menor índice de Shannon. Valores encontrados para o índice de Shannon foram superiores a 3,5, indicando alta diversidade (Apêndice E). Os altos valores encontrados para o índice de Shannon nos tanques de aeração em ambos os sistemas, se deve ao fato do TDH nos tanques de aeração ser superior ao da UPA e dos seletores, pois este parâmetro afeta positivamente na diversidade da comunidade microbológica (GONZALEZ-MARTINEZ *et al.*, 2016; XU *et al.*, 2018).

Em sistemas de lodos ativados, geralmente os filos mais abundantes são Proteobacteria, Bacteroidetes e Firmicutes, respectivamente (GILBRIDE; FULTHORPE, 2004; SHARAN, 2018; TAKADA *et al.*, 2018; YANG *et al.*, 2011). Na Figura 21 apresenta-se a abundância relativa dos filos presentes em cada unidade estudada.



**Figura 21 - Abundância relativa dos filos presentes no inóculo e em cada unidade dos sistemas com e sem unidade de pré-aeração (UPA). S1 = seletor 1; S2 = seletor 2; TA = tanque de aeração.**

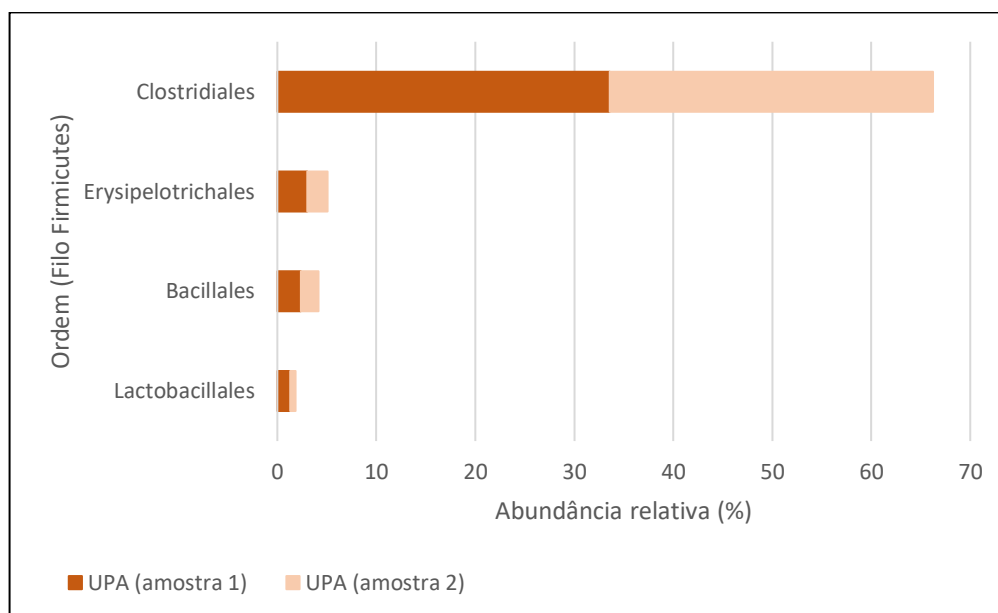
Observa-se que o inóculo e todas as unidades, com exceção da UPA, tiveram a maior abundância dos filos Proteobacteria e Bacterioidetes. Na UPA, houve uma redução da abundância do filo Proteobacteria e um aumento significativo do filo Firmicutes, quando comparada às demais amostras.

Acredita-se que os microrganismos pertencentes ao filo Proteobacteria sejam os principais envolvidos na remoção de poluentes orgânicos, como nitrogênio, fósforo e compostos aromáticos (YANG *et al.*, 2011), justificando o fato de este ser o mais abundante em todas unidades. Com exceção da UPA, o segundo filo mais abundante em todas as unidades e no inóculo foi o filo Bacteroidetes, que é um dos grupos de bactérias heterotróficas mais abundantes encontrados em ambientes aquáticos e possuem microrganismos que presumidamente produzem enzimas que degradam celulose e lignina (CHEN, J. *et al.*, 2014, VIKESLAND *et al.*, 2016).

O filo Firmicutes possui em sua grande maioria membros classificados como sintróficos, ou seja, organismos que necessitam de cooperação de outros organismos para catabolizar anaerobiamente uma substância que não é catabolizada por nenhum deles isoladamente. São tidos como responsáveis na degradação de compostos celulósicos e hemicelulósicos, permitindo que estes compostos estejam mais acessíveis para o consumo de outros microrganismos, sendo comumente encontrados em sistemas de lodos ativados e reatores anaeróbios (NI *et al.*, 2015; SHARAN, 2018; VIKESLAND *et al.*, 2016).

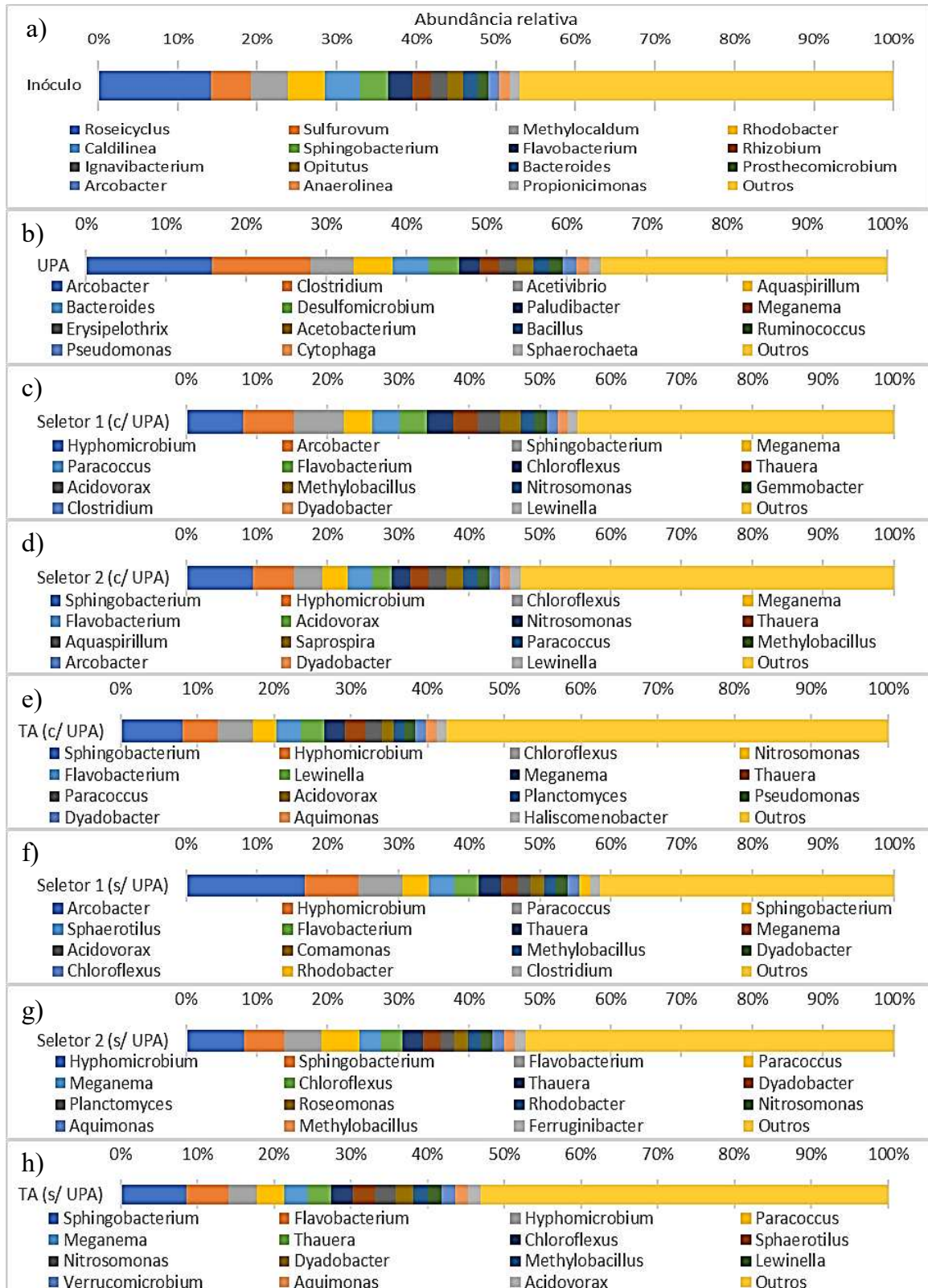
Na Figura 22 pode ser observada nas duas amostragens da UPA, a abundância relativa das quatro ordens mais abundantes pertencentes ao filo Firmicutes. Dentre as ordens, a Clostridiales foi mais abundante. Gêneros dessa ordem são anaeróbios e alguns deles são fermentativos e aerotolerantes, como *Clostridium* e *Eubacterium* (TALLY *et al.*, 1975; ZEEMAN *et al.*, 2015). As ordens Clostridiales e Bacillales são características por possuírem microrganismos que conseguem sobreviver em ambientes extremos através de um mecanismo chamado esporulação. Em situações de *starvation* (baixa concentração de matéria orgânica e nutrientes) e/ou *stress* ambiental, estes microrganismos produzem uma densa e resistente parede celular e se mantem continuamente monitorando o ambiente em busca de condições ideais de crescimento (PAREDES-SABJA; SETLOW; SARKER, 2011). A maior abundância da ordem Clostridiales na UPA, em comparação às outras unidades, pode ser explicada pelo processo de geração de efluente na indústria de polpa celulósica, o qual apresenta alta temperatura até chegar à torre de resfriamento. Possivelmente, esta alta temperatura tenha atuado como uma condição seletora da ordem Clostridiales, o qual possuem organismos capazes de formar endósporos, estruturas resistentes ao *stress* ambiental (KIM *et al.*, 2014). E

pela ausência de inoculação de lodo nesta unidade, estes organismos tenham se mantido em alta abundância na UPA.



**Figura 22 - Abundância relativa das quatro ordens mais abundantes do filo Firmicutes na unidade de pré-aeração (UPA)**

Para uma melhor compreensão da microbiota dos sistemas, foi construído um gráfico com os quinze gêneros mais abundantes em todas as unidades dos sistemas com e sem UPA e do lodo inoculado (Figura 23).



**Figura 23 - Abundância relativa dos 15 gêneros mais abundantes observados para as amostras: (a) inóculo, (b) unidade de pré-aeração (UPA), (c) seletor 1 do sistema com UPA, (d) seletor 2 do sistema com UPA, (e) tanque de aeração do sistema com UPA, (f) seletor 1 do sistema sem UPA, (g) seletor 2 do sistema sem UPA, (h) tanque de aeração do sistema sem UPA**

O gênero *Arcobacter*, encontrado em maior abundância na UPA e no seletor 1 do sistema sem a UPA, possui indivíduos quimiorganotróficos, microaerófilos ou aeróbios (MADIGAN *et al.*, 2014). São organismos robustos capazes de sobreviver em condições adversas (FERREIRA *et al.*, 2015), sendo reportado como um dos principais responsáveis pela remoção de matéria orgânica facilmente biodegradável em estágios iniciais de reatores biológicos (GONZALEZ-MARTINEZ *et al.*, 2016).

Os gêneros *Clostridium*, *Acetivibrio* e *Bacteroides*, mais abundantes na UPA comparando com as outras unidades (Figura 23b), estão relacionados com a degradação de celulose e atividade proteolítica, indicam uma especialização desta unidade em degradar este tipo de matéria orgânica (DISNARD; BEAULIEU; VILLEMUR, 2011; LEE, D.-J. *et al.*, 2017; ZEEMAN *et al.*, 2015). Os gêneros *Clostridium* e *Acetivibrio*, apesar de serem compostos por microrganismos anaeróbios, são capazes de tolerar ambientes aeróbios sem prejudicar seu metabolismo, através da ação de enzimas como peroxidase e superóxido dismutase (BREUIL; PATEL, 1981; TALLY *et al.*, 1975).

A alta abundância observada para o gênero *Clostridium*, pode explicar a rápida degradação da matéria orgânica observada na UPA (Figura 8 e Figura 23b). Indivíduos deste gênero formam endósporos, estruturas dormentes não reprodutivas formadas em condições de *starvation*, condição em que se acredita que os microrganismos Clostridiales tenham chegado à UPA. Portanto, quando encontraram alta concentração de matéria orgânica e nutrientes, ocorreu a germinação destes esporos e conseqüentemente o favorecimento do crescimento destes organismos (SETLOW, 2003). Trabalhos de microscopia podem ser realizados futuramente com o afluente da UPA estudada para verificar se há alta abundância de microrganismos esporulados.

A presença de *Aquaspirillum* pode explicar a formação de flocos observada na UPA, pois este gênero é composto por bactérias filamentosas com grande importância para estruturação dos flocos (LARSEN *et al.*, 2008; THOMSEN; KONG; NIELSEN, 2007), como pode ser observado no IVL (Figura 18). Nas outras unidades em ambos os sistemas, a biofloculação possa ser atribuída aos gêneros *Sphingobacterium*, *Chloroflexus* e *Flavobacterium*, que também possuem importante papel na sedimentabilidade do lodo (GONZALEZ-MARTINEZ *et al.*, 2016; LEE, J. *et al.*, 2013; LIU *et al.*, 2012). Além disso, espécies do gênero *Sphingobacterium* estão relacionadas com uma alta capacidade de degradar compostos ligno-celulósicos (WANG *et al.*, 2013).

O gênero *Hyphomicrobium* apresenta espécies relacionadas com a degradação de compostos de enxofre e juntamente com o gênero *Paracoccus* estão relacionados com o

processo de oxidação do nitrogênio, principalmente quando este está em excesso (BAJPAI, 2010; TIMMERMANS; VAN HAUTE, 1983; WAGNER *et al.*, 2002). A maior abundância do gênero *Hyphomicrobium* na segunda unidade em ambos os sistemas, sendo o seletor 1 no sistema com a UPA e o seletor 2 no sistema sem a UPA, demonstra que houve um deslocamento dos processos bioquímicos no sistema com a UPA. Outro fato que aponta para este deslocamento foi o aumento da abundância do gênero *Nitrosomonas* nas unidades posteriores à UPA, sendo que este é tido como um dos principais responsáveis na oxidação da amônia (QUARTAROLI *et al.*, 2017; YANG *et al.*, 2011).

O gênero *Meganema*, entre os dez mais abundantes em todas as unidades, é caracterizado por bactérias filamentosas com alta versatilidade no consumo de substratos solúveis, auxiliando na degradação da matéria orgânica (KRAGELUND *et al.*, 2005).

A abundância do gênero *Sphaerotilus* no seletor 1 do sistema sem a UPA, pode explicar a característica filamentosa do floco (Figura 17) e da viscosidade apresentada pelo lodo nesta unidade durante o experimento, já que este gênero é composto por microrganismos filamentosos capazes de produzir agregados viscosos (AL-MUTAIRI, 2009; BAJPAI, 2015; DE SOUSA *et al.*, 2005).

O gênero *Bdellovibrio*, característico pela presença de indivíduos com alta mobilidade capazes de predação de outras bactérias através da produção de enzimas capazes de entrar, matar e capturar as moléculas do interior de outras células (MATASSA *et al.*, 2016; RENDULIC *et al.*, 2004), foi encontrado com maior abundância em todas as unidades no sistema com a UPA, como pode ser observado na Tabela 9. Com menor abundância que o gênero anterior, os gêneros *Microbulbifer*, *Luteimonas*, *Lysobacter*, que também estão relacionados com micro predação bacteriana (GONZALEZ-MARTINEZ *et al.*, 2015; SATO *et al.*, 2016), também foram encontrados com maior abundância relativa nas unidades do sistema com a UPA (Tabela 9). Apesar da maior abundância destes gêneros ser observada no sistema com a UPA, a diferença dos valores de abundância entre os sistemas (3,70% para o sistema com a UPA e 2,95% para o sistema sem a UPA) foi baixa, não justificando a menor geração de lodo biológico observada no sistema com a UPA, como colocado por Shapiro, Kushmaro e Brenner (2010).

A menor geração de lodo no sistema com a UPA pode ser melhor explicada pelo metabolismo dos microrganismos presentes nesta unidade. Na UPA houve uma alta abundância de organismos anaeróbios fermentativos. A fermentação produz menos adenosina 5'-trifosfato (ATP – composto responsável pelo transporte de energia) que a respiração aeróbia, resultando em menos energia e conseqüentemente menor geração de biomassa microbiana. Além disso, dependendo do tipo de fermentação há liberação de gases, como o dióxido de carbono e o

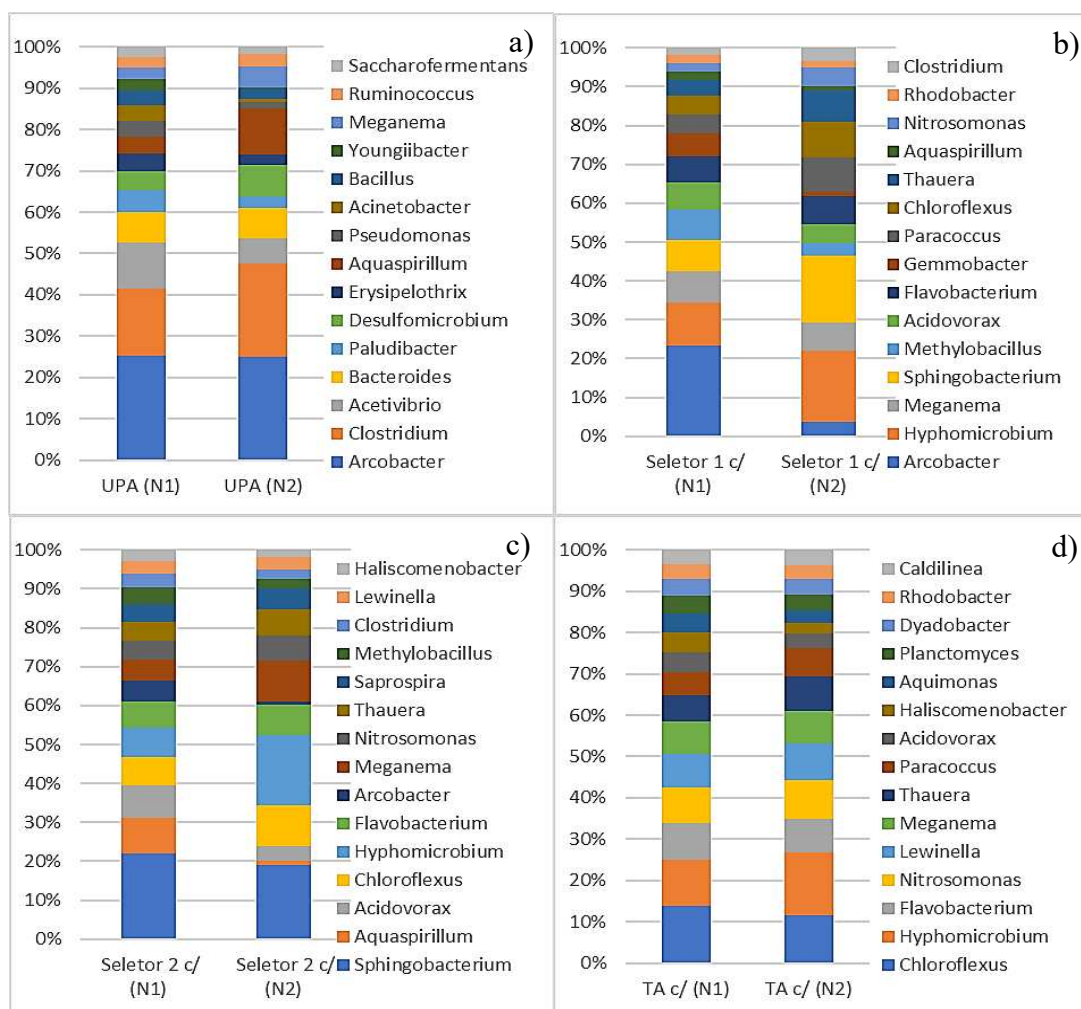
metano, resultantes da transformação da matéria orgânica, reduzindo a disponibilidade de carbono no sistema (LOW; CHASE, 1999).

**Tabela 9 - Abundância dos gêneros relacionados com micro predação nos sistemas com e sem UPA (%)**

GÊNERO	SISTEMA COM UPA				SISTEMA SEM UPA		
	UPA	S1	S2	TA	S1	S2	TA
<i>Bdellovibrio</i>	0,029	0,670	0,940	1,128	0,365	1,106	1,056
<i>Microbulbifer</i>	0,004	0,147	0,219	0,425	0,061	0,067	0,204
<i>Luteimonas</i>	0,039	0,012	0,009	0,021	0,011	0,010	0,017
<i>Lysobacter</i>	0,007	0,027	0,023	0,023	0,018	0,020	0,016

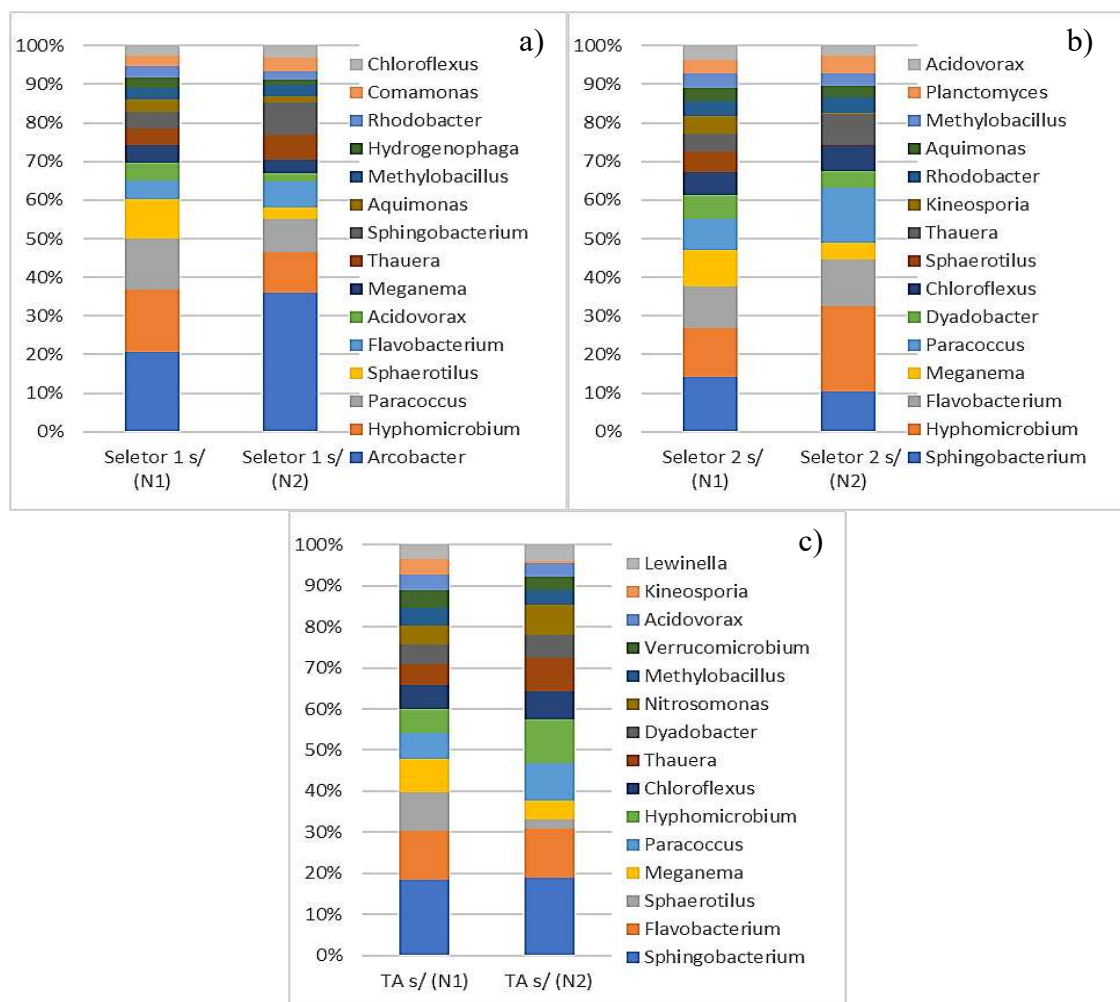
UPA = unidade de pré-aeração; S1 = seletor 1; S2 = seletor 2; TA = tanque de aeração

E para se observar a sucessão da comunidade microbiana nas unidades dos sistemas com e sem UPA, foi realizada uma análise comparativa de duas amostragens (Figura 24 e Figura 25).



**Figura 24 - Variação da abundância relativa dos 15 gêneros mais abundantes no sistema com a UPA nos dois períodos avaliados: (a) na UPA, (b) no seletor 1, (c) no seletor 2 e (d) no tanque de aeração**

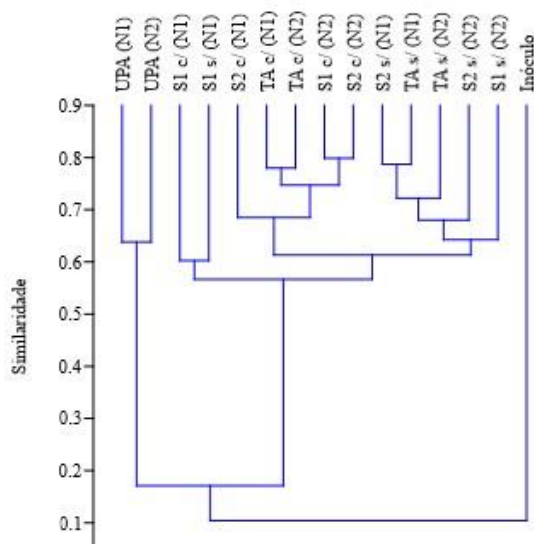
Pode-se observar as alterações principalmente na abundância do sistema com a UPA entre a primeira e segunda amostragens: na unidade UPA (Figura 24a), pelo aumento do gênero *Clostridium*, diminuição do gênero *Acetivibrio* e aumento do gênero *Acinetobacter*, no seletor 1 (Figura 24b), a redução de *Arcobacter*, aumento de *Hyphomicrobium*, *Sphingobacterium* e *Nitrosomonas*, no seletor 2 (Figura 24c), pelo aumento de *Hyphomicrobium* e *Meganema* e no tanque de aeração (Figura 24d), pelo pequeno aumento de *Hyphomicrobium*. Uma alteração importante ocorreu na UPA com o aumento da abundância do gênero *Acinetobacter*, que tem grande importância na degradação da lignina (LEE, D.-J. *et al.*, 2017; QUARTAROLI *et al.*, 2017). Importante ressaltar que no tanque de aeração a variação da microbiota foi menor que nas demais unidades avaliadas. Este resultado pode ser explicado pelo TDH nos TA serem superiores às outras unidades, fazendo com que ela se torne mais estável e menos sensível a alterações na comunidade microbiana (BARR; TAYLOR; DUFF, 1996).



**Figura 25 - Variação da abundância relativa dos 15 gêneros mais abundantes no sistema sem a UPA nos dois períodos avaliados: (a) no seletor 1, (b) no seletor 2 e (c) no tanque de aeração**

Já no sistema sem a UPA, pode-se verificar as alterações de abundância: no seletor 1 (Figura 25a), pelo aumento de *Arcobacter*, redução de *Hyphomicrobium*, e *Sphaerotilus*, no seletor 2 (Figura 25b), pelo aumento de *Hyphomicrobium* e redução de *Sphaerotilus* e no tanque de aeração (Figura 25c), pela redução de *Sphaerotilus*. Uma importante alteração neste sistema foi a diminuição do gênero *Sphaerotilus*. A redução da viscosidade do lodo e redução da população de bactérias filamentosas prejudiciais ao sistema pode ter promovido o aumento dos gêneros *Arcobacter* e *Hyphomicrobiun* neste sistema (CHEN, J. *et al.*, 2014; LEE, N. M.; WELANDER, 1996).

A análise de agrupamento com o índice de similaridade de Bray-Curtis mostrou que o inóculo possuiu baixa similaridade com as outras amostras (Figura 26). Evidenciou também que as duas amostragens da UPA foram mais similares entre si, com mais de 60% de similaridade, e resultado semelhante foi verificado também para os seletores (S1) com e sem unidade de pré-aeração. E em relação as demais amostras, observou-se a formação de dois grandes grupos com mais de 60% de similaridade, um formado pelas amostras das unidades com aeração e o outro pelas unidades das amostras sem aeração.



**Figura 26 - Análise de agrupamento das amostras do inóculo e das unidades dos sistemas de tratamento**

De acordo com os resultados apresentados nas análises microbiológicas, pode-se inferir que na UPA houve maior abundância de microrganismos especializados na degradação do efluente de indústrias de polpa celulósica kraft, com a alta abundância dos gêneros *Clostridium*, *Acetivibrio* e *Bacteroides*. A seleção ocorreu no processo de geração do efluente que envolveu altas temperaturas seguido de resfriamento e ausência de nutrientes. Estes microrganismos

selecionados encontraram condições de se reproduzir na UPA. Além disso, a presença da UPA alterou os processos bioquímicos envolvendo o consumo de nutrientes, bem como o aumento da abundância do gênero *Sphingobacterium* nas unidades subsequentes, que foi relacionado com a degradação de compostos ligno-celulósicos. A abundância dos gêneros responsáveis por micropredação nas unidades do sistema com a UPA, não pôde justificar a menor geração de lodo biológico neste sistema, devido à baixa diferença entre os valores de abundância observados nos dois sistemas estudados.

Após acessar a estrutura da microbiota, a hipótese deste trabalho para explicar a menor produção de lodo nos sistemas com UPA seria o tipo de metabolismo observado pelos microrganismos mais abundantes desta unidade. Estes microrganismos apresentaram em sua maioria a capacidade de fermentar compostos orgânicos para obtenção de energia. A fermentação gera menos energia para o crescimento microbiano que a respiração aeróbia, além de gerar gases, como dióxido de carbono e metano, que também pode ter contribuído para menor conservação de carbono no sistema. E acredita-se que estes microrganismos tenham sobrevivido na UPA, por serem microaerófilos ou aerotolerantes e, principalmente por não ter que competir com os microrganismos aeróbios por recursos, uma vez que os aeróbios não estavam presentes em abundância devido à ausência de recirculação de lodo nesta unidade.

### 6.5 Efeito da aeração do efluente na degradação da matéria orgânica

A Tabela 10 apresenta as concentrações de DQO encontradas no teste realizado onde se avaliou somente o efeito da aeração na remoção de DQO, nos tempos de 0, 30 e 60 minutos. A remoção média de DQO encontrada foi de 5,01%. A baixa remoção de DQO encontrada demonstrou que somente a aeração do efluente não é suficiente para remoção de matéria orgânica em efluentes da indústria de polpa kraft, o que é corroborado por estudos anteriores (CHAMORRO; XAVIER; VIDAL, 2005; LARREA; FORSTER; MELE, 1989a, b), indicando que a remoção da matéria orgânica se deu por mecanismos biológicos.

**Tabela 10 - Concentração de DQO por tempo de aeração**

<b>Tempo (minutos)</b>	<b>DQO (mg/L)</b>
0	979 ± 348,30
30	972 ± 176,81
60	930 ± 171,26

*n*=5

## 7 CONCLUSÕES

No período avaliado, a unidade de pré-aeração dos efluentes foi capaz de remover, em média, aproximadamente 25% da DQO solúvel e 32% da DBO do efluente da indústria de polpa celulósica kraft. Essa remoção inicial da matéria orgânica foi realizada biologicamente, pois foi observado um crescimento microbiológico nesta unidade. No entanto, a remoção de matéria orgânica inicialmente na UPA não influenciou a remoção de matéria orgânica global do sistema, sendo semelhante nos sistemas com e sem UPA.

A geração de lodo biológico no sistema com a UPA foi inferior ao sistema sem a UPA em aproximadamente 29%. No entanto, não foi observado um crescimento mais expressivo de protozoários e metazoários no sistema com a UPA, refutando a hipótese inicial em que estes organismos seriam responsáveis pela predação da biomassa. A redução na geração de lodo no sistema com a UPA pode ser melhor explicada quando se avalia o metabolismo dos microrganismos nos sistemas.

Foi observada uma especialização da microbiota na unidade de pré-aeração, com aumento da abundância dos gêneros *Clostridium*, *Acetivibrio* e *Bacteroides*, relacionados com a degradação de compostos ligno-celulósicos presentes nos efluentes da indústria de polpa celulósica, mostrando esta ser uma etapa importante para que estes compostos fossem inicialmente degradados. Ainda comparando-se a microbiota dos sistemas com e sem UPA, observou-se que apesar da maior abundância nas unidades do sistema com a UPA dos gêneros *Bdellovibrio*, *Microbulbifer*, *Luteimonas* e *Lysobacter* que estão relacionados com a micro predação, a pouca diferença de abundância entre os sistemas não justifica a redução da geração de lodo encontrada no período avaliado. A redução na geração pode ser melhor justificada pelo metabolismo de degradação da matéria orgânica na UPA realizado pelos microrganismos anaeróbios. A fermentação, além de ser menos eficiente na geração de energia e produzindo menos biomassa que a respiração aeróbia, pode liberar gases como metano e gás carbônico no final de sua reação, diminuindo a disponibilidade de carbono no sistema. Pode-se concluir que a presença da unidade de pré-aeração alterou a microbiota nas unidades subsequentes e conseqüentemente alterou os processos bioquímicos, além de ter prevenido o intumescimento filamentososo do lodo.

A unidade de pré-aeração demonstrou ser vantajosa como tratamento de efluentes da indústria de polpa celulósica, que sem perder eficiência na remoção da matéria orgânica, apresentou redução na geração de lodo biológico, contribuindo para a diminuição dos custos com tratamento de lodo biológico em estações de tratamento de efluentes.

## 8 RECOMENDAÇÕES

Com os resultados obtidos neste trabalho, foi possível abrir novos questionamentos para serem avaliados em trabalhos futuros, dentre eles:

- Os sistemas, ao longo do tempo, irão se igualar em relação à geração de lodo?
- Como é a comunidade microbiana do afluente da UPA?
- Como o efluente pode ser alterado quimicamente por ação da aeração?
- Como seria o comportamento do sistema utilizando-se outros tipos de efluentes, tanto industriais quanto domésticos?

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABBASSI, B.; DULLSTEIN, S.; RÄBIGER, N. Minimization of excess sludge production by increase of oxygen concentration in activated sludge flocs; experimental and theoretical approach. *Water Research*, v. 34, n. 1, p. 139–146, 2000.
- ABSHER, M. CHAPTER 1 - Hemocytometer Counting. In: KRUSE, P. F.; PATTERSON, M. K. (Org.). *Tissue Culture*. [S.l.]: Academic Press, 1973. p. 395–397.
- AL-MUTAIRI, N. Z. Aerobic selectors in slaughterhouse activated sludge systems: A preliminary investigation. *Bioresource Technology*, v. 100, n. 1, p. 50–58, 2009.
- APHA/AWWA/WEF. Standard Methods for the Examination of Water and Wastewater. *Standard Methods*, p. 541, 2012.
- ASHRAFI, O.; YERUSHALMI, L.; HAGHIGHAT, F. Wastewater treatment in the pulp-and-paper industry: A review of treatment processes and the associated greenhouse gas emission. *Journal of Environmental Management*, v. 158, p. 146–157, 2015.
- BAJPAI, P. *Environmentally Friendly Production of Pulp and Paper*. [S.l.: s.n.], 2010.
- BAJPAI, P. *Pulp and Paper Industry: Microbiological Issues in Papermaking*. [S.l.: s.n.], 2015.
- BARDOU, P. *et al.* Jvenn: An interactive Venn diagram viewer. *BMC Bioinformatics*, v. 15, n. 1, p. 1–7, 2014.
- BARR, T. A.; TAYLOR, J. M.; DUFF, S. J. B. Effect of HRT, SRT and temperature on the performance of activated sludge reactors treating bleached kraft mill effluent. *Water Research*, v. 30, n. 4, p. 799–810, 1996.
- BASHAAR, Y. A. Nutrients requirements in biological industrial wastewater treatment. *African Journal of Biotechnology*, v. 3, n. 4, p. 236–238, 2004.
- BASIM, Y.; JAAFARZADEH, N.; FARZADKIA, M. A Novel Biological Method for Sludge Volume Reduction by Aquatic Worms. *International Journal of Environmental Science and Development*, v. 7, n. 4, p. 253–256, 2016.
- BITTON, G. *Wastewater Microbiology*. 4th. ed. Hoboken, NJ, USA: John Wiley & Sons, Inc., 2011.
- BREUIL, C.; PATEL, G. B. Effect of pH and Oxygen on Growth and Viability of *Acetivibrio cellulolyticus*. *Microbiology*, v. 125, n. 1, p. 41–46, 1981.
- BRITO, M. F. *Determinação das frações orgânicas de efluentes de reatores UASB*. 2006.100 f. Universidade de São Paulo. 2006.
- BUSSE, H.-J.; DENNER, E. B. M.; LUBITZ, W. Overview of methods used in bacterial systematics. *Journal of Biotechnology*, v. 47, n. 96, p. 3–38, 1996.

CHAMORRO, S.; XAVIER, C. R.; VIDAL, G. Behavior of aromatic compounds contained in kraft mill effluents treated by an aerated lagoon. *Biotechnology Progress*, v. 21, n. 5, p. 1567–1571, 2005.

CHEN, J. *et al.* Impacts of different nanoparticles on functional bacterial community in activated sludge. *Chemosphere*, v. 104, p. 141–148, 2014.

CHEN, S. *et al.* The activated-sludge fauna and performance of five sewage treatment plants in Beijing, China. *European Journal of Protistology*, v. 40, n. 2, p. 147–152, 2004.

CHUDOBA, J.; GRAU, P.; OTTOVÁ, V. Control of activated-sludge filamentous bulking-II. Selection of microorganisms by means of a selector. *Water Research*, v. 7, n. 10, p. 1389–1406, 1973.

CORDI, L. Identification of Microbiota for Activated Sludge Acclimated By Paper Mill Effluent Kraft E1 Bioremediation. *Journal of Bioremediation and Biodegradation*, v. 03, n. 12, 2013.

COSSU, R. *et al.* Further steps in the standardization of BOD 5 /COD ratio as a biological stability index for MSW. *Waste Management*, v. 68, p. 16–23, 2017.

CURDS, C. R.; COCKBURN, A. Protozoa in biological sewage-treatment processes-I. A survey of the protozoan fauna of British percolating filters and activated-sludge plants. *Water Research*, v. 4, n. 3, p. 225–236, 1970.

DA MOTTA, M. *et al.* Characterisation of Activated Sludge by Automated Image Analysis: Validation of Full-Scale Plants. *IFAC Proceedings Volumes*, v. 34, n. 5, p. 427–431, 2001.

DANGCONG, P. *et al.* Aerobic Granula Sludge - A case report. *Water Research*, v. 33, n. 3, p. 890–893, 1999.

DE SOUSA, C. A. *et al.* Uso de seletores biológicos em planta de lodos ativados de fábrica de papel reciclado para controle de intumescimento filamentoso. In: ABES - Associação Brasileira de Engenharia Sanitária e Ambiental, 23., 2005, Campo Grande.

DHAKHWA, S. *et al.* Efficacy of Chemical Oxidation and Coagulation for COD and Color Reduction from Pulp Mill Effluent. *Journal of Environmental Engineering*, v. 138, n. 12, p. 1194–1199, 2012.

DIEZ, M. C. *et al.* Operational factors and nutrient effects on activated sludge treatment of *Pinus radiata* kraft mill wastewater. *Bioresource Technology*, v. 83, n. 2, p. 131–138, 2002.

DISNARD, J.; BEAULIEU, C.; VILLEMUR, R. Composition of the bacterial biota in slime developed in two machines at a Canadian paper mill. *Canadian Journal of Microbiology*, v. 57, n. 2, p. 91–104, 2011.

ECKENFELDER, W. W.; O'CONNOR, D. J. Biological waste treatment. *Biological waste treatment*. [S.l.]: Pergamon Press, 1961. .

ENVIRONMENT, Veolia. Advanced technology for effluent treatment and sludge dewatering. In: CONGRESSO ANUAL ABTCP - Associação Brasileira Técnica de Celulose e Papel, 38., 2005, São Paulo.

ESCHENHAGEN, M.; SCHUPPLER, M.; RÖSKE, I. Molecular characterization of the microbial community structure in two activated sludge systems for the advanced treatment of domestic effluents. *Water Research*, v. 37, n. 13, p. 3224–3232, 2003.

FAKRUDDIN, M.; MANNAN, K. S. BIN. Methods for Analyzing Diversity of Microbial Communities in Natural Environments. *Ceylon Journal of Science (Biological Sciences)*, v. 42, n. 1, p. 19, 2013.

FAVARO, J. S. C. Estudos da Polpação Kraft, Branqueamento e Refino de *Eucalyptus grandis* x *Eucalyptus urophylla*. p. 178, 2015.

FERREIRA, S. *et al.* Insights in the pathogenesis and resistance of *Arcobacter*: A review. *Critical Reviews in Microbiology*, v. 42, n. 3, p. 364–383, 2015.

GILBRIDE, K. A.; FULTHORPE, R. R. A survey of the composition and diversity of bacterial populations in bleached kraft pulp-mill wastewater secondary treatment systems. *Canadian Journal of Microbiology*, v. 50, n. 8, p. 633–644, 2004.

GINORIS, Y. P. *et al.* Development of an image analysis procedure for identifying protozoa and metazoa typical of activated sludge system. *Water Research*, v. 41, n. 12, p. 2581–2589, 2007.

GONZÁLEZ-GARCÍA, S. *et al.* Environmental impact assessment of total chlorine free pulp from *Eucalyptus globulus* in Spain. *Journal of Cleaner Production*, v. 17, n. 11, p. 1010–1016, 2009.

GONZALEZ-MARTINEZ, A. *et al.* Comparison of bacterial communities of conventional and A-stage activated sludge systems. *Scientific Reports*, v. 6, n. January, p. 1–11, 2016.

GONZALEZ-MARTINEZ, A. *et al.* Microbial community analysis of a full-scale DEMON bioreactor. *Bioprocess and Biosystems Engineering*, v. 38, n. 3, p. 499–508, 2015.

GUO, W. Q. *et al.* Minimization of excess sludge production by in-situ activated sludge treatment processes - A comprehensive review. *Biotechnology Advances*. [S.l.: s.n.], 2013

HYÖTYLÄINEN, J.; KNUUTINEN, J.; VILÉN, E. Characterization Of High Molecular Mass Fractions Of Receiving Waters And Sediments Of A Pulp Mill By CuO-Oxidation And RPLC. *Chemosphere*, v. 30, n. 5, 1995.

JENKINS, D.; RICHARD, M. G.; DAIGGER, G. T. *Manual on the causes and control of activated sludge bulking, foaming, and other solids separation problems*. [S.l.]: Crc Press, 2003.

JIN, B.; WILÉN, B. M.; LANT, P. A comprehensive insight into floc characteristics and their impact on compressibility and settleability of activated sludge. *Chemical Engineering Journal*, v. 95, n. 1–3, p. 221–234, 2003.

JORDÃO, E. P.; PESSÔA, C. A. *Tratamento de Esgotos Domésticos*. 7a. ed. Rio de Janeiro: ABES, 2014.

KAMIYA, T.; HIROTSUJI, J. New combined system of biological process and intermittent ozonation for advanced wastewater treatment. *Water Science and Technology*, v.38, p. 145–153, 1998.

KIM, Y. M. *et al.* Identification of the bacterial community of a pilot-scale thermophilic aerobic bioreactor treating sewage sludge. *International Biodeterioration and Biodegradation*, v. 92, p. 66–70, 2014.

KRAGELUND, C. *et al.* Ecophysiology of the filamentous Alphaproteobacterium *Meganema perideroedes* in activated sludge. *FEMS Microbiology Ecology*, v. 54, n. 1, p. 111–122, 2005.

LARREA, L.; FORSTER, C. F.; MELE, D. Changes in lignin during diffused air activated sludge treatment of kraft effluents. *Water Research*, v. 23, n. 9, p. 1073–1080, 1989a.

LARREA, L.; FORSTER, C. F.; MELE, D. Kraft lignin behaviour in diffused aeration of Kraft effluents. *Water Science and Technology*, v. 21, n. 4–5 pt 1, p. 241–253, 1989b.

LARSEN, P. *et al.* Amyloid-like adhesins produced by floc-forming and filamentous bacteria in activated sludge. *Applied and Environmental Microbiology*, v. 74, n. 5, p. 1517–1526, 2008.

LARSSON, M. *et al.* Techno-economic assessment of anaerobic digestion in a typical Kraft pulp mill to produce biomethane for the road transport sector. *Journal of Cleaner Production*, v. 104, p. 460–467, 2015.

LEE, D.-J. *et al.* *Current Developments in Biotechnology and Bioengineering: Biological Treatment of Industrial Effluents*. [S.l: s.n.], 2017.

LEE, J. *et al.* Microalgae-associated bacteria play a key role in the flocculation of *Chlorella vulgaris*. *Bioresource Technology*, v. 131, p. 195–201, 2013.

LEE, N. M.; WELANDER, T. Reducing sludge production in aerobic wastewater treatment through manipulation of the ecosystem. *Water Research*, v. 30, n. 8, p. 1781–1790, 1 ago. 1996.

LIU, J. *et al.* Effect of earthworms on the performance and microbial communities of excess sludge treatment process in vermifilter. *Bioresource Technology*, v. 117, p. 214–221, 2012.

LOPES, A. D. C. P. *et al.* Biogas production from thermophilic anaerobic digestion of kraft pulp mill sludge. *Renewable Energy*, p. 1–10, 2017.

LOW, E. W.; CHASE, H. A. Reducing production of excess biomass during wastewater treatment. *Water Research*, v. 33, n. 5, p. 1119–1132, 1999.

MADIGAN, M. T. *et al.* *Brock Biology Of Microorganisms*. 13th. ed. San Francisco: Pearson Education, Inc., 2014.

MAHMOOD, T.; ELLIOTT, A. Activated Sludge Process Modification for Sludge Yield Reduction Using Pulp and Paper Wastewater. *Journal of Environmental Engineering*, v. 132, n. 9, p. 1019–1027, 2006.

MARTINS, A. M. P. *et al.* Filamentous bulking sludge - A critical review. *Water Research*, v. 38, n. 4, p. 793–817, 2004.

MATASSA, S. *et al.* Autotrophic nitrogen assimilation and carbon capture for microbial protein production by a novel enrichment of hydrogen-oxidizing bacteria. *Water Research*, v. 101, p. 137–146, 2016.

MELARTI, T. *Report of the Equipment and Spare Parts for the Departments of Wood Processing and Wastewater Treatment*. 2014. 44 f. Centria University of Applied Sciences, 2014.

MESQUITA, D. P.; AMARAL, A. L.; FERREIRA, E. C. Identifying different types of bulking in an activated sludge system through quantitative image analysis. *Chemosphere*, v. 85, n. 4, p. 643–652, 2011.

METCALF & EDDY *et al.* *Wastewater engineering: Treatment and reuse*. 4th. ed. New York: McGraw Hill Companies, Inc., 2003. v. 3.

MEYER, T.; EDWARDS, E. A. Anaerobic digestion of pulp and paper mill wastewater and sludge. *Water Research*, v. 65, p. 321–349, 2014.

MOHAMMADI, A. R. *et al.* Excess sludge reduction using ultrasonic waves in biological wastewater treatment. *Desalination*, v. 275, n. 1–3, p. 67–73, 2011.

MORAIS, I. L. H.; SILVA, C. M.; BORGES, C. P. Aerobic granular sludge to treat paper mill effluent: organic matter removal and sludge filterability. *Desalination and Water Treatment*, v. 57, n. 18, p. 8119–8126, 2016.

NIE, S. *et al.* Absorbable Organic Halide (AOX) Reduction in Elemental Chlorine-Free (ECF) Bleaching of Bagasse Pulp from the Addition of Sodium Sulphide. *BioResources*, v. 11, n. 1, p. 713–723, 2016.

NI, B.-J. *et al.* Dissecting microbial community structure and methane-producing pathways of a full-scale anaerobic reactor digesting activated sludge from wastewater treatment by metagenomic sequencing. *Microbial Cell Factories*, v. 14, n. 1, p. 1–11, 2015.

NIU, T. *et al.* Effects of dissolved oxygen on performance and microbial community structure in a micro-aerobic hydrolysis sludge in situ reduction process. *Water Research*, v. 90, p. 369–377, 2016.

PALM, J. C.; JENKINS, D.; PARKER, D. S. Relationship between organic oxygen sludge dissolved loading, and concentration in the completely settleability mixed activated process sludge. *Journal WPCF*, v. 52, n. 10, p. 2484-06, 1980.

PAREDES-SABJA, D.; SETLOW, P.; SARKER, M. R. Germination of spores of Bacillales and Clostridiales species: Mechanisms and proteins involved. *Trends in Microbiology*, v. 19, n. 2, p. 85–94, 2011.

PARKER, W.; MONTEITH, H.; MELCER, H. Preliminary assessment of the removal of volatile organic compounds in a biological selector process. *Water Environment Research*, v. 67, n. 5, 1995.

PÉREZ-ELVIRA, S. I.; NIETO DIEZ, P.; FDZ-POLANCO, F. Sludge minimisation technologies. *Reviews in Environmental Science and Biotechnology*, v. 5, n. 4, p. 375–398, 2006.

PIELOU, E. C. The measurement of diversity in different types of biological collections. *Journal of Theoretical Biology*, v. 13, n. C, p. 131–144, 1966.

POKHREL, D.; VIRARAGHAVAN, T. Treatment of pulp and paper mill wastewater - A review. *Science of the Total Environment*, v. 333, n. 1–3, p. 37–58, 2004.

POOLE, J. E. P. A study of the relationship between the mixed liquor fauna and plant performance for a variety of activated sludge sewage treatment works. *Water Research*, v. 18, n. 3, p. 281–287, 1984.

QUARTAROLI, L. *et al.* Ammonium removal from high-salinity oilfield-produced water: assessing the microbial community dynamics at increasing salt concentrations. *Applied Microbiology and Biotechnology*, v. 101, n. 2, p. 859–870, 2017.

QUININO, R. C.; REIS, E. A.; BESSEGATO, L. F. O Coeficiente de Determinação R<sup>2</sup> como Instrumento Didático para Avaliar a Utilidade de um Modelo de Regressão Linear Múltipla. n. 1991, p. 1–14, 1991.

RANJBAR, R. *et al.* DNA-based typing methods. p. 1–15, 2014.

REN, N. *et al.* Removal of organic pollutants and analysis of MLSS–COD removal relationship at different HRTs in a submerged membrane bioreactor. *International Biodeterioration & Biodegradation*, v. 55, n. 4, p. 279–284, 2005.

RENCKEN, G. E.; VAN AARTSEN, J. Secondary Wastewater Treatment Plant For Mondi Business Paper In Richards Bay. 2008, [S.l: s.n.], 2008.

RENDULIC, S. *et al.* A Predator Unmasked: Life Cycle of Bdellovibrio bacteriovorus from a Genomic Perspective. *Science*, v. 303, n. 5658, p. 689–692, 2004.

SABY, S.; DJAFER, M.; CHEN, G. H. Feasibility of using a chlorination step to reduce excess sludge in activated sludge process. *Water Research*, v. 36, n. 3, p. 656–666, 2002.

SAKAI, Y. *et al.* An activated sludge process without excess sludge production. *Water Science and Technology*, v. 36, n. 11, p. 163–170, 1997.

SALINAS, M.; GONZÁLEZ, M.; JIMÉNEZ, Á. *Proceso MBP en la calidad de los lodos activados*. [S.l: s.n.], 2016

SALVADÓ, H.; GRACIA, M. P. Determination of organic loading rate of activated sludge plants based on protozoan analysis. *Water Research*, v. 27, n. 5, p. 891–895, maio 1993.

SATO, Y. *et al.* Effects of Organic-Loading-Rate Reduction on Sludge Biomass and Microbial Community in a Deteriorated Pilot-Scale Membrane Bioreactor. *Microbes and environments*, v. 31, n. 3, p. 361–364, 2016.

SAUNAMÄKI, R. Activated sludge plants in Finland. *Water Science and Technology*, v. 35, n. 2–3, p. 235–243, 1997.

SCHOLZ, M. *Wetlands for Water Pollution Control*. [S.l: s.n.], 2016.

SETLOW, P. Spore germination. *Current Opinion in Microbiology*, v. 6, n. 6, p. 550–556, 2003.

SHAPIRO, O. H.; KUSHMARO, A.; BRENNER, A. Bacteriophage predation regulates microbial abundance and diversity in a full-scale bioreactor treating industrial wastewater. *ISME Journal*, v. 4, n. 3, p. 327–336, 2010.

SHARAN, A. A. *Functional Metagenomics and Consolidated Bioprocessing for Valorization of Pulp and Paper Mill Sludge*. 2018. 154 f. The University of British Columbia, 2018.

SIBLEY, C. D.; PEIRANO, G.; CHURCH, D. L. Molecular methods for pathogen and microbial community detection and characterization: Current and potential application in diagnostic microbiology. *Infection, Genetics and Evolution*, v. 12, n. 3, p. 505–521, 2012.

SILVA, C. C. *et al.* Investigation of bacterial diversity in membrane bioreactor and conventional activated sludge processes from petroleum refineries using phylogenetic and statistical approaches. *Journal of Microbiology and Biotechnology*, v. 20, n. 3, p. 447–449, 2010.

SONNLEITNER, B.; LOCHER, G.; FIECHTER, A. Biomass determination. *Journal of Biotechnology*, v. 25, n. 1–2, p. 5–22, 1992.

SOUSA, C. A. DE. *Controle do intumescimento filamentoso em um sistema de lodos ativados utilizando seletores biológicos*. 2002. 101 f. Universidade Federal de Viçosa, 2002.

SPIEGELMAN, D.; WHISSELL, G.; GREER, C. W. A survey of the methods for the characterization of microbial consortia and communities. *Canadian Journal of Microbiology*, v. 51, n. 5, p. 355–386, 2005.

TAKADA, K. *et al.* Cake layer bacterial communities during different biofouling stages in full-scale membrane bioreactors. *Bioresource Technology*, v. 259, n. January, p. 259–267, 2018.

TALLY, F. P. *et al.* Oxygen tolerance of fresh clinical anaerobic bacteria. *Journal of Clinical Microbiology*, v. 1, n. 2, p. 161–164, 1975.

THOMPSON, G. *et al.* The treatment of pulp and paper mill effluent: A review. *Bioresource Technology*, v. 77, n. 3, p. 275–286, 2001.

THOMSEN, T. R.; KONG, Y.; NIELSEN, P. H. Ecophysiology of abundant denitrifying bacteria in activated sludge. *FEMS Microbiology Ecology*, v. 60, n. 3, p. 370–382, 2007.

TIMMERMANS, P.; VAN HAUTE, A. Denitrification with methanol. Fundamental study of the growth and denitrification capacity of *Hyphomicrobium* sp. *Water Research*, v. 17, n. 10, p. 1249–1255, 1983.

TOCZYŁOWSKA-MAMIŃSKA, R. Limits and perspectives of pulp and paper industry wastewater treatment – A review. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, v. 78, n. November 2016, p. 764–772, 2017.

VAN DEN BROECK, R. M. R.; VAN IMPE, J. F. M.; SMETS, I. Y. M. Assessment of activated sludge stability in lab-scale experiments. *Journal of Biotechnology*, v. 141, n. 3–4, p. 147–154, 2009.

VIDAL, G.; VIDELA, S.; DIEZ, M. C. Molecular weight distribution of *Pinus radiata* kraft mill wastewater treated by anaerobic digestion. *Bioresource Technology*, v. 77, n. 2, p. 183–191, 2001.

VIKESLAND, P. J. *et al.* Biodegradation of nanocrystalline cellulose by two environmentally-relevant consortia. *Water Research*, v. 104, p. 137–146, 2016.

VON SPERLING, M. *Lodos Ativados (Princípios do Tratamento Biológico de Águas Residuárias; vol. 4)*. 3a. ed. Belo Horizonte: Editora UFMG, 2012.

WAGNER, M. *et al.* Microbial community composition and function in wastewater treatment plants. *Antonie van Leeuwenhoek, International Journal of General and Molecular Microbiology*, v. 81, n. 1–4, p. 665–680, 2002.

WANG, D. *et al.* Optimization and characterization of lignosulfonate biodegradation process by a bacterial strain, *Sphingobacterium* sp. HY-H. *International Biodeterioration and Biodegradation*, v. 85, p. 365–371, 2013.

WATTS, G. B.; LOCKE, B. R. Nonpurgeable Total Organic Halide Analysis and the Characterization of River Water Quality Adjacent to the Discharge from a Kraft Mill. *Environmental Science and Technology*, v. 27, n. 12, p. 2311–2317, 1993.

XU, H. *et al.* Granulation Process in an Expanded Granular Sludge Blanket (EGSB) Reactor for Domestic Sewage Treatment : Impact of Extracellular Polymeric Substances Compositions and Evolution of Microbial Population Bioresource Technology Revision submitted on August 20 th , 2018. *Bioresource Technology*, 2018.

YANG, C. *et al.* Phylogenetic diversity and metabolic potential of activated sludge microbial communities in full-scale wastewater treatment plants. *Environmental Science and Technology*, v. 45, n. 17, p. 7408–7415, 2011.

YASUI, H. *et al.* A full-scale operation of a novel activated sludge process without excess sludge production. *Water Science and Technology*, v. 34, n. 3–4–4 pt 2, p. 395–404, 1996.

ZEEMAN, G. *et al.* Presence and Role of Anaerobic Hydrolytic Microbes in Conversion of Lignocellulosic Biomass for Biogas Production. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, v. 45, n. 23, p. 2523–2564, 2015.

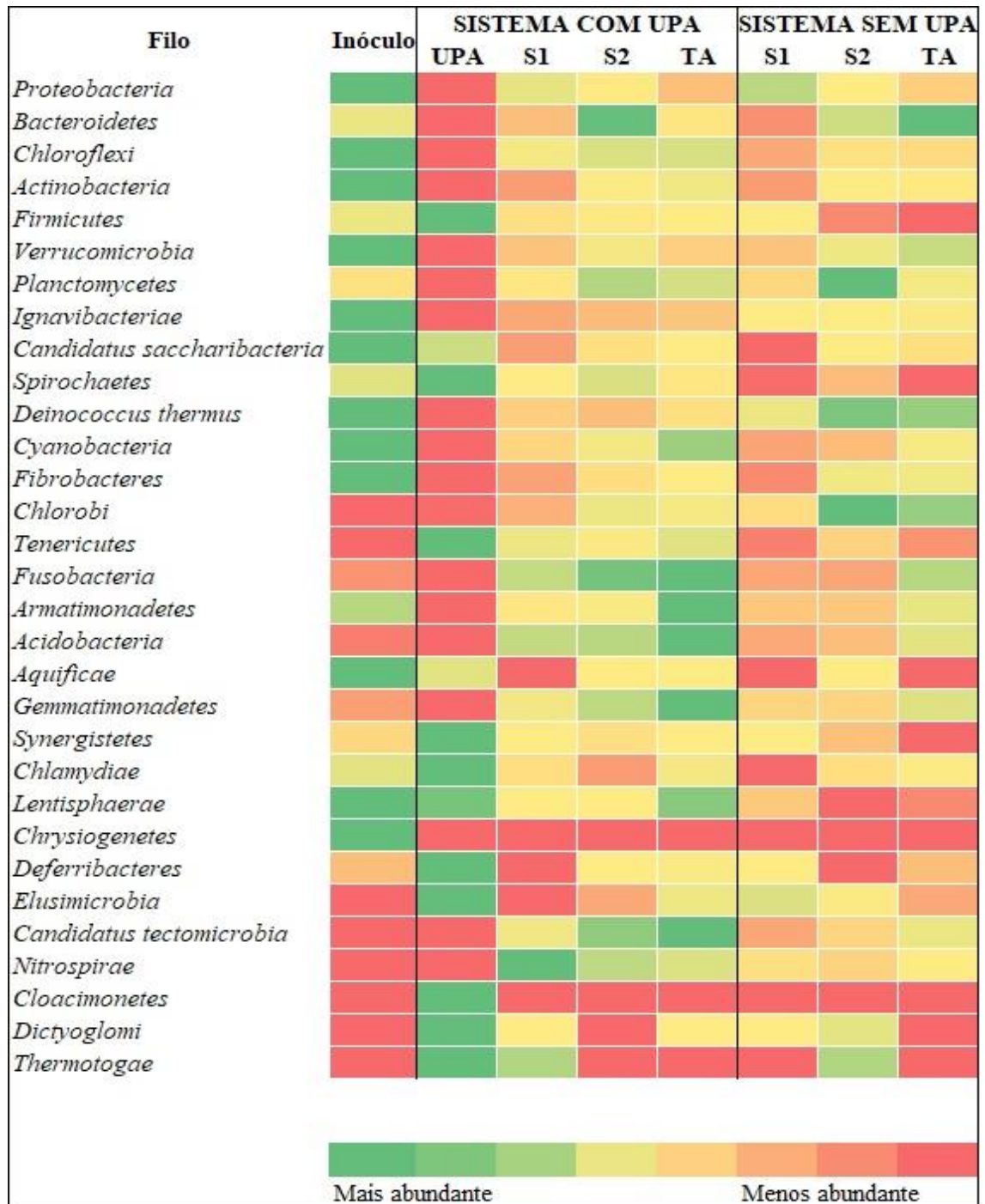
ZHAI, Y. *et al.* A review on airborne microorganisms in particulate matters: Composition, characteristics and influence factors. *Environment International*, v. 113, n. February, p. 74–90, 2018.

ZHANG, G. *et al.* Ultrasonic reduction of excess sludge from the activated sludge system. *Journal of Hazardous Materials*, v. 145, n. 3, p. 515–519, 2007.

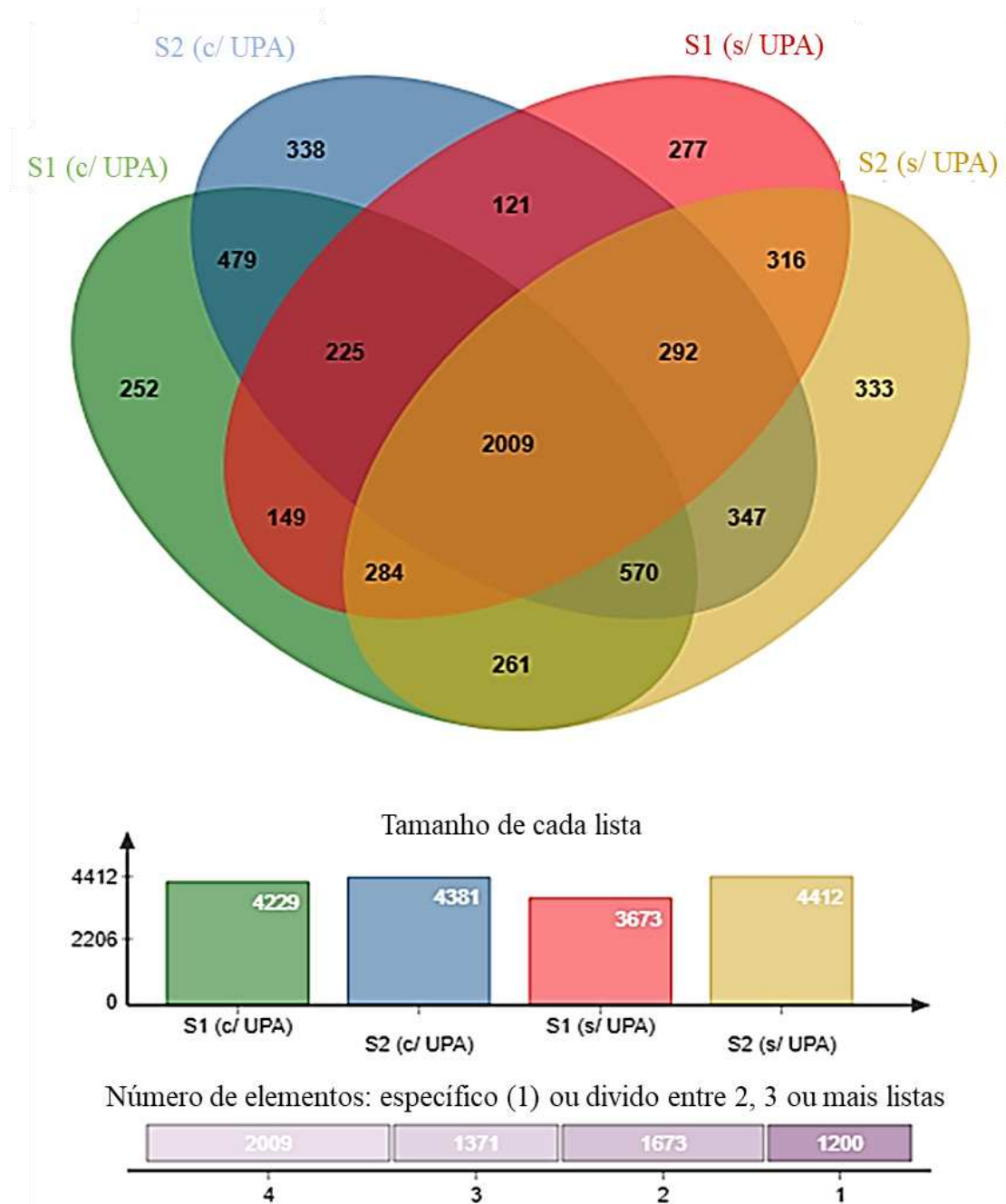
ZHOU, K. *et al.* Characteristics of microfauna and their relationships with the performance of an activated sludge plant in China. *Journal of Environmental Sciences*, v. 20, n. 4, p. 482–486, jan. 2008.

ZHU, X. *et al.* Effect of Worm Predation on Changes in Waste Activated Sludge Properties. *Water Environment Research*, v. 88, n. 5, p. 387–393, 2016.

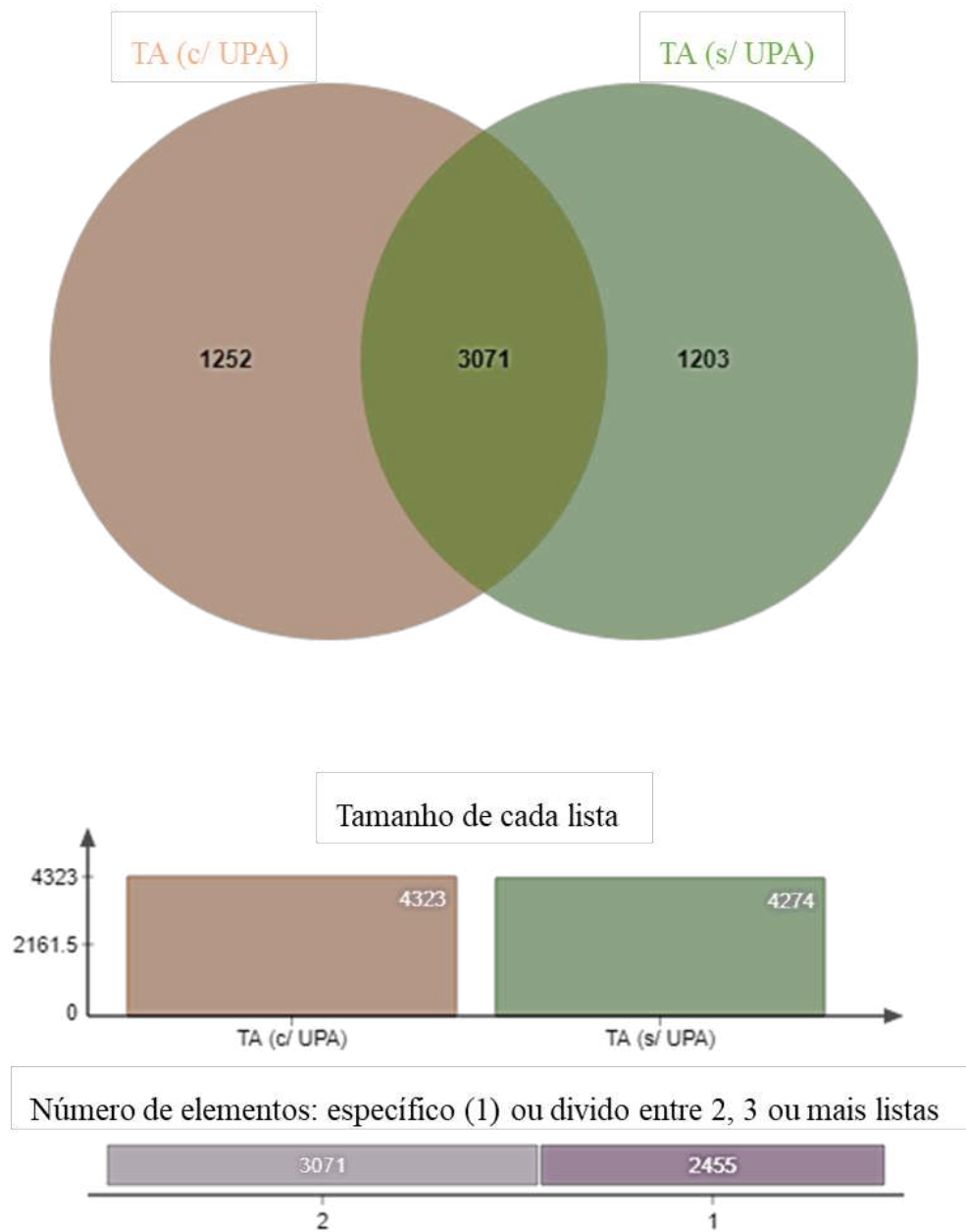
APÊNDICE A – *Heat-map* com a abundância relativa dos filos observados nas análises de sequenciamento em todas as amostras



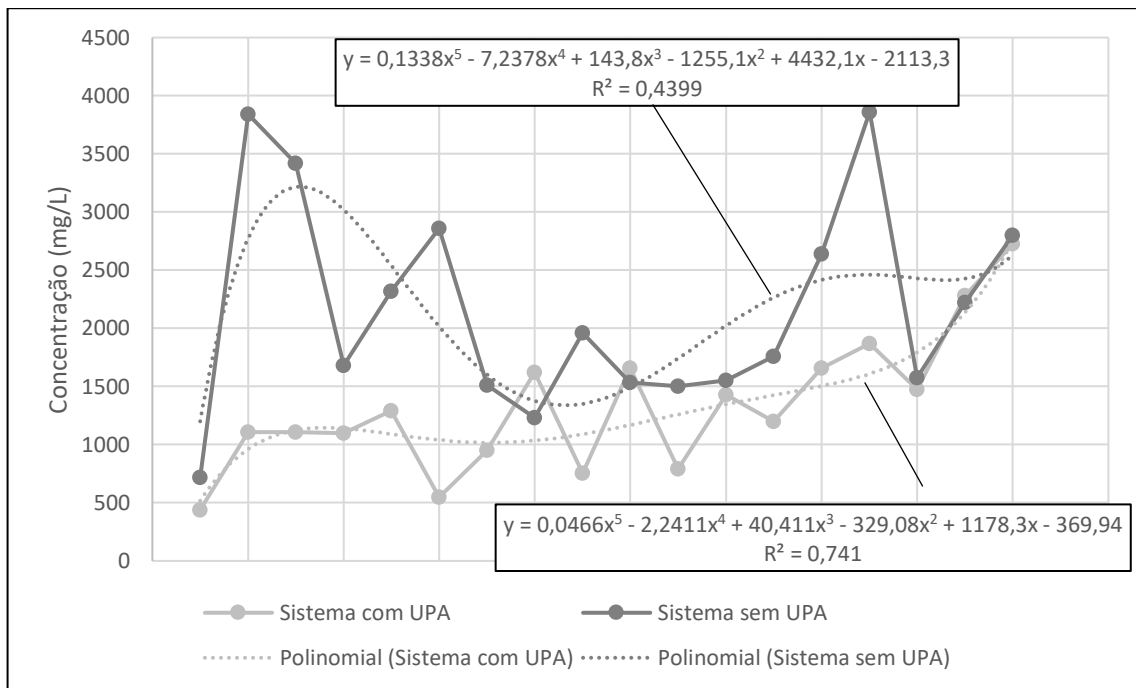
**APÊNDICE B – Diagrama de Venn comparando-se os setores dos sistemas com e sem UPA**



**APÊNDICE C – Diagrama de Venn comparando-se os tanques de aeração dos sistemas com e sem UPA**



### APÊNDICE D – Linhas de tendência para avaliação da geração de lodo biológico



## APÊNDICE E – Índices de diversidade

**Índices de diversidade calculados pelo programa PAST®**

Amostra		Índice de diversidade		
		<i>Dominância</i>	<i>Shannon</i>	<i>Equitabilidade J</i>
Inóculo	N1	0,0282	5,3060	0,6864
UPA	N1	0,0203	5,2650	0,6943
	N2	0,0156	5,4000	0,7078
S1 (c/ UPA)	N1	0,0255	5,3790	0,6734
	N2	0,0143	5,5920	0,6921
S2 (c/ UPA)	N1	0,0138	5,6260	0,6943
	N2	0,0110	5,7680	0,7149
TA (c/ UPA)	N1	0,0089	5,9890	0,7354
	N2	0,0092	5,9150	0,7407
S1 (s/ UPA)	N1	0,0185	5,2790	0,6892
	N2	0,0248	5,3340	0,6652
S2 (s/ UPA)	N1	0,0088	5,9350	0,7275
	N2	0,0117	5,6830	0,7065
TA (s/ UPA)	N1	0,0109	5,7960	0,7160
	N2	0,0091	5,8160	0,7246

**APÊNDICE F – Classificação das sequências obtidas com o primer 27f/338r para o domínio *Bacteria***

**Classificação e quantidade de sequências obtidas a nível de filo do domínio *Bacteria***

FILO	NÚMERO DE LEITURAS														
	Inóculo	UPA (N1)	UPA (N2)	S1 c/ (N1)	S1 c/ (N2)	S2 c/ (N1)	S2 c/ (N2)	TA c/ (N1)	TA c/ (N2)	S1 s/ (N1)	S1 s/ (N2)	S2 s/ (N1)	S2 s/ (N2)	TA s/ (N1)	TA s/ (N2)
<i>Proteobacteria</i>	47530	19254	20783	35633	36909	32523	35432	30843	28116	37498	42366	32025	36466	31706	30523
<i>Bacteroidetes</i>	12986	6555	6227	7456	13604	15581	14233	13051	11770	4958	11614	14003	12810	15868	14016
<i>Chloroflexi</i>	6663	150	194	2150	4857	3087	5141	4610	3702	1486	2016	2799	3409	2743	3132
<i>Actinobacteria</i>	4823	972	1228	1422	1710	1964	2655	2996	1983	2015	1092	2967	1548	2875	1594
<i>Firmicutes</i>	4213	19479	18703	1761	2397	2381	1877	1996	2314	2436	2498	1758	1497	1810	1087
<i>Verrucomicrobia</i>	2272	40	85	353	511	927	483	601	361	182	685	816	728	1427	968
<i>Planctomycetes</i>	2178	63	62	1745	2741	2495	3217	3152	2095	365	3630	2945	3930	2175	2608
<i>Ignavibacteriae</i>	1844	4	5	15	15	10	27	22	18	7	57	47	72	81	85
<i>Candidatus Saccharibacteria</i>	686	137	331	13	19	15	23	28	20	10	17	17	23	13	25
<i>Spirochaetes</i>	490	860	1084	206	552	441	604	319	415	180	157	328	269	204	122
<i>Deinococcus Thermus</i>	424	15	10	194	211	105	238	262	203	303	242	394	395	495	233
<i>Cyanobacteria</i>	343	11	41	88	103	56	198	304	209	72	57	106	54	101	143
<i>Fibrobacteres</i>	258	25	10	33	27	32	54	63	34	23	27	76	52	82	46
<i>Chlorobi</i>	46	29	68	47	123	57	206	93	155	69	148	239	242	200	197
<i>Tenericutes</i>	45	210	605	146	112	101	105	184	127	52	56	116	54	101	22
<i>Fusobacteria</i>	44	10	17	75	226	208	221	254	203	52	62	81	31	148	175
<i>Armatimonadetes</i>	27	0	0	19	22	17	26	28	40	7	24	15	16	12	34
<i>Acidobacteria</i>	27	4	4	152	319	199	309	429	346	78	69	133	58	185	192
<i>Aquificae</i>	27	5	6	0	0	0	1	0	2	0	0	0	1	0	0
<i>Gemmatimonadetes</i>	26	3	1	73	62	66	141	174	160	59	37	55	41	69	93
<i>Synergistetes</i>	15	196	643	15	19	12	19	14	25	8	35	4	23	10	5
<i>Chlamydiae</i>	9	19	35	5	4	1	3	7	6	0	0	4	5	7	4

<i>Lentisphaerae</i>	7	1	12	5	1	2	4	5	7	0	5	0	2	1	2
<i>Chrysiogenetes</i>	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Deferribacteres</i>	2	100	99	1	1	1	5	3	10	0	6	0	2	4	0
<i>Elusimicrobia</i>	0	1	39	0	0	0	1	0	6	1	10	0	3	1	0
<i>Candidatus Tectomicrobia</i>	0	0	0	10	7	15	19	26	16	5	2	11	1	17	1
<i>Nitrospirae</i>	0	0	0	5	157	14	60	7	38	0	10	4	5	2	10
<i>Cloacimonetes</i>	0	8	12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Dictyoglomi</i>	0	4	3	1	0	0	0	1	0	0	1	2	0	0	0
<i>Thermotogae</i>	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0

**Classificação e quantidade de seqüências obtidas a nível de gênero do domínio *Bacteria***

GÊNERO	NÚMERO DE LEITURAS														
	Inóculo	UPA (N1)	UPA (N2)	S1 c/ (N1)	S1 c/ (N2)	S2 c/ (N1)	S2 c/ (N2)	TA c/ (N1)	TA c/ (N2)	S1 s/ (N1)	S1 s/ (N2)	S2 s/ (N1)	S2 s/ (N2)	TA s/ (N1)	TA s/ (N2)
<i>Roseicyclus</i>	12043	9	19	12	3	3	12	13	12	9	13	16	19	13	19
<i>Sulfurovum</i>	4249	6	8	7	1	3	3	7	2	5	3	3	4	4	3
<i>Methylocaldum</i>	4034	4	3	3	0	0	5	3	9	6	3	7	11	10	5
<i>Rhodobacter</i>	3942	108	99	605	582	474	755	787	593	855	773	1004	1159	783	753
<i>Caldilinea</i>	3748	20	21	372	799	370	938	785	655	507	422	700	966	511	563
<i>Sphingobacterium</i>	2956	327	749	2463	5659	6704	5246	4608	4460	1290	3040	3838	3034	5435	4568
<i>Flavobacterium</i>	2591	454	214	2073	2333	2119	2108	1985	1475	1407	2467	2930	3462	3487	2839
<i>Rhizobium</i>	1963	29	55	121	180	110	183	165	131	348	257	288	333	208	220
<i>Ignavibacterium</i>	1844	4	5	15	15	10	27	22	18	7	57	47	72	81	85
<i>Opitutus</i>	1597	12	29	44	36	68	70	97	55	19	43	67	47	106	74
<i>Bacteroides</i>	1591	2237	2246	187	221	230	155	148	225	149	424	264	231	248	153
<i>Prosthecomicrobium</i>	1164	1	7	51	82	69	147	90	112	105	84	140	185	99	107
<i>Arcobacter</i>	1143	7784	7712	7135	1172	1630	239	273	1184	6105	13167	297	796	613	686

<i>Anaerolinea</i>	1095	27	26	30	56	31	89	74	91	11	25	36	43	42	51
<i>Propionicimonas</i>	1046	59	52	15	14	6	24	22	18	28	28	26	36	22	18
<i>Fusibacter</i>	1002	7	2	11	0	16	3	12	1	24	4	21	1	35	2
<i>Polyangium</i>	885	20	2	47	11	20	16	26	4	14	30	37	20	50	79
<i>Prolixibacter</i>	848	5	18	2	1	0	2	0	4	1	2	1	3	2	2
<i>Sphaerotilus</i>	848	18	7	565	30	91	27	65	18	3033	1097	1461	59	2738	556
<i>Roseomonas</i>	837	17	28	454	745	479	1029	552	590	620	587	954	1340	430	592
<i>Thauera</i>	803	337	307	1287	2679	1474	1795	1358	1503	1325	2338	1232	2266	1489	1992
<i>Leifsonia</i>	717	8	17	35	57	52	107	68	56	30	70	140	147	65	88
<i>Candidatus Alysiosphaera</i>	694	3	0	3	0	0	1	3	1	0	0	1	0	2	1
<i>Neorhizobium</i>	693	3	0	4	0	0	0	2	1	1	5	2	5	5	3
<i>Candidatus Saccharimonas</i>	686	137	331	13	19	15	23	28	20	10	17	17	23	13	25
<i>Alicyclobacillus</i>	686	0	1	1	0	0	2	0	3	1	3	1	0	3	2
<i>Chloroflexus</i>	671	58	62	1428	2923	2229	2880	3024	2053	770	1131	1654	1916	1684	1654
<i>Aciditerrimonas</i>	658	6	8	139	137	154	298	339	236	114	65	126	97	149	131
<i>Paracraurococcus</i>	654	1	3	1	1	0	1	4	2	4	0	0	5	1	1
<i>Niastella</i>	642	3	3	28	38	90	51	46	77	6	66	16	50	32	134
<i>Clostridium</i>	637	5055	7007	591	1092	1098	623	563	589	719	906	577	636	766	512
<i>Roseiflexus</i>	631	1	4	54	54	31	116	183	137	80	51	85	78	77	86
<i>Saccharibacter</i>	574	31	76	12	23	21	33	31	25	15	22	15	18	19	26
<i>Ruminococcus</i>	539	795	927	129	73	120	103	139	115	127	207	81	102	79	52
<i>Fluviicola</i>	537	28	27	118	31	88	50	174	31	40	136	158	163	198	159
<i>Planctomyces</i>	534	17	14	562	560	525	897	971	680	153	1402	989	1351	771	881
<i>Devosia</i>	522	12	27	229	434	262	571	475	382	410	263	580	645	373	363
<i>Iamia</i>	514	10	12	245	312	287	623	705	539	294	137	262	201	330	265
<i>Defluviimonas</i>	491	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	2	1	2	0
<i>Aquiflexum</i>	485	10	7	144	300	216	319	226	213	128	347	584	663	301	348
<i>Cellulomonas</i>	469	251	97	42	33	34	38	58	30	64	65	62	49	80	37
<i>Hyphomicrobium</i>	461	75	61	3396	6054	2225	4983	2435	2694	4813	3871	3434	6455	1727	2555

<i>Lewinella</i>	450	20	15	244	1315	948	897	1828	1602	326	417	923	132	1062	994
<i>Flexibacter</i>	445	33	11	11	12	7	18	19	11	4	13	12	19	8	7
<i>Mesorhizobium</i>	437	11	5	128	464	210	402	401	336	297	188	323	384	241	295
<i>Terrimonas</i>	425	3	0	51	148	84	164	94	123	37	82	91	161	67	104
<i>Haliscomenobacter</i>	418	9	6	439	477	911	515	1053	435	182	433	900	351	835	448
<i>Thermus</i>	405	5	3	30	20	31	30	61	57	14	19	73	64	49	26
<i>Ancalomicrobium</i>	401	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	0
<i>Dysgonomonas</i>	396	500	426	36	14	13	8	13	22	31	88	20	20	10	5
<i>Treponema</i>	386	142	137	43	78	39	68	61	64	13	17	13	21	11	9
<i>Sulfuricurvum</i>	376	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	1
<i>Nocardioides</i>	372	0	1	2	4	2	6	3	5	6	6	4	6	3	4
<i>Verrucomicrobium</i>	372	17	10	285	438	786	365	428	269	153	608	703	662	1224	831
<i>Bythopirellula</i>	363	4	0	98	152	101	108	112	72	29	178	260	339	137	156
<i>Bdellovibrio</i>	357	17	11	326	459	399	796	666	595	189	228	478	865	639	582
<i>Hydrogenophaga</i>	355	230	143	488	672	733	662	548	533	857	501	758	651	866	534
<i>Ochrobactrum</i>	339	0	2	33	38	34	44	69	54	55	12	64	58	46	25
<i>Pirellula</i>	339	10	15	327	445	330	572	502	374	67	637	540	722	404	441
<i>Coprococcus</i>	331	28	8	1	0	1	0	0	3	4	2	0	1	1	1
<i>Nannocystis</i>	327	1	1	24	5	41	10	25	1	11	4	7	9	17	4
<i>Amaricoccus</i>	323	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	1	0	1	1
<i>Hydrogenophilus</i>	295	50	38	3	2	5	1	1	5	7	11	4	7	1	2
<i>Simplicispira</i>	289	0	1	10	8	12	6	10	6	5	2	10	5	3	5
<i>Serratia</i>	288	1	0	2	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Fibrobacter</i>	258	25	10	33	27	32	54	63	34	23	27	76	52	82	46
<i>Sinorhizobium</i>	257	349	214	113	265	141	212	201	164	567	346	352	383	366	208
<i>Sphingomonas</i>	247	31	27	106	75	426	135	278	114	51	128	104	238	118	115
<i>Zavarzinella</i>	245	0	0	1	0	1	0	0	0	0	2	0	0	0	0
<i>Tistrella</i>	245	0	0	0	1	0	2	0	0	1	1	0	0	0	0
<i>Paludibacter</i>	229	1697	878	123	22	17	6	28	58	120	155	158	32	136	19

<i>Gemmata</i>	228	1	3	104	114	128	192	203	104	20	186	208	228	121	124
<i>Xanthobacter</i>	219	0	2	5	13	3	13	2	4	17	14	11	22	8	26
<i>Pseudomonas</i>	208	1215	422	395	293	615	451	771	832	359	555	318	107	716	800
<i>Phycisphaera</i>	198	0	0	8	4	5	7	12	8	2	13	10	4	7	10
<i>Prostheco bacter</i>	194	0	1	21	33	56	36	72	29	10	27	39	12	84	53
<i>Tabrizicola</i>	192	1	2	6	11	13	11	21	17	13	14	33	8	25	26
<i>Magnetospirillum</i>	188	41	10	156	157	167	158	134	108	41	51	50	33	40	40
<i>Rhodococcus</i>	176	9	9	13	22	13	19	32	24	29	14	17	31	25	25
<i>Cyanothece</i>	172	0	0	9	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Desulfomicrobium</i>	167	1385	2326	66	163	85	108	133	159	47	23	29	19	68	32
<i>Pedomicrobium</i>	162	0	1	25	28	18	34	38	27	28	13	42	33	20	18
<i>Anaerovorax</i>	159	478	487	65	57	48	86	105	88	84	23	29	12	58	14
<i>Candidatus Microthrix</i>	156	0	15	30	47	38	80	59	51	21	32	60	50	42	74
<i>Roseivirga</i>	153	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
<i>Paracoccus</i>	147	87	184	1520	2968	830	1826	1235	1183	3978	3145	2188	4154	1886	2170
<i>Thermanaerotherix</i>	142	3	3	53	68	45	81	40	44	24	18	60	41	46	23
<i>Ideonella</i>	140	4	4	122	120	209	124	247	86	95	74	148	96	167	156
<i>Candidatus Chloroploca</i>	137	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>Microvirga</i>	136	2	4	6	23	16	24	24	12	14	9	31	16	25	26
<i>Candidatus Aquirestis</i>	134	0	1	33	35	37	59	87	63	25	40	49	44	52	80
<i>Rubrimonas</i>	133	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Blastochloris</i>	131	0	0	13	38	16	45	65	24	21	8	23	27	20	21
<i>Halothermothrix</i>	130	0	0	6	2	4	6	12	5	2	2	13	10	6	12
<i>Trabulsiella</i>	127	52	53	45	76	80	132	383	383	49	48	33	74	105	89
<i>Defluviicoccus</i>	124	1	0	3	1	0	2	2	4	1	0	2	1	1	0
<i>Mariniphaga</i>	122	126	138	20	22	13	26	19	25	11	17	9	2	17	14
<i>Bartonella</i>	121	0	2	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	1	0
<i>Candidatus Kuenenia</i>	112	7	1	207	113	645	124	473	148	10	130	184	86	198	206
<i>Pelagibacterium</i>	111	3	2	1	1	1	5	3	5	1	1	3	3	2	0

<i>Chitinophaga</i>	110	1	3	31	71	57	90	68	63	15	89	60	133	49	116
<i>Methylocystis</i>	106	8	23	119	489	346	597	307	364	282	410	608	642	300	470
<i>Singulisphaera</i>	104	3	6	34	65	52	92	93	46	8	110	116	125	78	84
<i>Dechloromonas</i>	103	17	44	5	9	6	4	6	7	2	4	5	1	5	2
<i>Bellilinea</i>	102	12	17	38	87	49	131	83	99	18	82	55	104	56	117
<i>Sorangium</i>	102	4	4	86	75	137	71	166	50	40	261	142	279	181	278
<i>Kineococcus</i>	99	0	0	1	0	1	2	0	0	1	0	0	0	0	0
<i>Zoogloea</i>	99	0	0	2	0	4	0	0	1	1	0	0	0	0	0
<i>Leptothrix</i>	97	3	4	36	43	55	52	82	38	23	31	62	38	58	46
<i>Acidovorax</i>	95	497	136	2149	1584	2549	1027	1058	658	1361	804	984	758	1163	760
<i>Desulfovibrio</i>	95	194	361	13	12	6	23	7	24	2	18	11	24	10	6
<i>Geoalkalibacter</i>	95	0	2	17	6	26	8	29	7	8	4	27	5	22	6
<i>Levilinea</i>	92	6	12	4	6	6	6	17	7	0	2	3	1	6	6
<i>Rhodopseudomonas</i>	91	0	2	0	0	0	0	2	0	0	0	1	1	0	1
<i>Novosphingobium</i>	89	13	15	141	329	262	529	459	452	261	158	332	82	299	342
<i>Burkholderia</i>	85	230	157	549	955	695	916	756	729	497	702	680	760	873	920
<i>Microbacterium</i>	85	10	17	16	42	31	62	49	37	24	21	32	50	19	22
<i>Paenirhodobacter</i>	84	0	0	20	4	1	2	2	5	0	3	0	1	1	1
<i>Oceanicola</i>	82	3	0	93	52	86	63	153	93	116	35	124	26	177	61
<i>Cyanobacterium</i>	81	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1
<i>Steroidobacter</i>	81	0	0	11	24	26	37	36	32	14	13	7	9	16	28
<i>Ancylobacter</i>	81	2	6	2	11	1	7	10	6	4	2	9	10	1	1
<i>Tepidimonas</i>	80	185	94	7	8	5	7	10	17	23	31	13	18	9	3
<i>Rhodomicrobium</i>	79	0	0	8	5	19	7	47	15	5	3	3	5	1	6
<i>Ferrimicrobium</i>	78	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0
<i>Vasilyevaea</i>	77	1	3	11	11	3	16	17	12	15	7	20	27	19	16
<i>Marispirillum</i>	76	0	0	3	4	4	3	8	9	5	5	7	10	6	13
<i>Meganema</i>	75	877	1519	2484	2304	1578	2902	1722	1382	1360	1305	2538	1267	2405	1126
<i>Anabaena</i>	75	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0

<i>Roseovarius</i>	74	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Haematobacter</i>	72	3	10	27	94	24	64	30	33	25	23	47	46	17	18
<i>Saccharofermentans</i>	71	736	563	40	26	24	19	39	46	44	19	20	3	21	10
<i>Thiorhodospira</i>	68	0	0	24	50	55	57	100	70	26	24	24	17	57	59
<i>Chelativorans</i>	67	1	0	10	17	8	24	15	10	7	10	26	13	5	14
<i>Sulfurospirillum</i>	62	171	95	13	1	4	2	4	6	7	14	6	1	3	0
<i>Spirillospora</i>	60	0	1	5	1	1	11	11	6	2	15	16	14	9	5
<i>Pleomorphomonas</i>	60	106	91	13	3	4	5	5	21	80	92	35	36	18	16
<i>Starkeya</i>	59	0	0	4	0	1	1	0	1	1	0	3	3	1	0
<i>Gemmobacter</i>	59	28	11	1801	350	292	251	270	237	273	241	243	259	253	291
<i>Phaeospirillum</i>	58	1	2	0	0	4	1	1	0	3	10	13	4	15	12
<i>Caulobacter</i>	56	5	6	31	63	37	83	99	99	88	105	172	16	267	296
<i>Derxia</i>	56	8	11	354	582	556	575	749	615	313	346	460	375	450	569
<i>Agrococcus</i>	54	0	0	5	14	22	18	19	13	3	10	25	17	12	8
<i>Anaerofustis</i>	54	24	12	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0
<i>Anaeromyxobacter</i>	54	0	0	5	8	2	16	13	10	11	7	36	8	21	10
<i>Mycoplana</i>	53	1	2	8	30	13	35	24	16	13	9	12	15	1	20
<i>Gelria</i>	53	1	1	41	19	42	54	106	42	6	45	100	71	43	25
<i>Methyloligella</i>	52	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>Nitratireductor</i>	52	1	0	49	59	63	73	75	76	45	39	104	44	50	40
<i>Methylosinus</i>	52	1	0	10	29	18	39	26	37	5	17	31	41	22	33
<i>Candidatus Odysella</i>	52	30	52	16	22	28	60	37	59	24	19	54	48	33	26
<i>Chondromyces</i>	52	0	0	1	0	0	1	1	0	0	4	2	4	4	8
<i>Nesterenkonia</i>	51	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Crocinitomix</i>	51	1	2	24	47	31	61	51	27	40	84	144	152	152	95
<i>Pelobacter</i>	51	0	26	9	5	7	8	12	14	2	1	10	9	12	1
<i>Ilumatobacter</i>	50	5	8	43	88	71	230	124	147	95	241	130	216	229	357
<i>Anoxybacillus</i>	50	0	4	6	2	4	3	11	5	0	2	3	1	9	1
<i>Acinetobacter</i>	47	1150	235	53	14	7	8	16	93	60	403	15	12	42	12

<i>Roseimicrobium</i>	47	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
<i>Methylobacterium</i>	47	0	2	2	6	2	134	3	82	1	22	7	12	10	49
<i>Chlorobium</i>	46	29	68	47	123	57	206	93	155	69	148	239	242	200	197
<i>Rhodoplanes</i>	45	14	23	139	392	161	396	288	233	184	167	290	418	152	269
<i>Pedosphaera</i>	45	11	45	0	4	6	5	1	5	0	3	1	0	0	1
<i>Woodsholea</i>	45	3	0	35	31	23	51	113	57	18	8	18	12	29	22
<i>Acholeplasma</i>	45	210	604	133	112	101	105	184	127	52	56	116	54	101	22
<i>Sphaerochaeta</i>	45	651	741	27	13	8	8	11	28	17	26	11	9	13	10
<i>Nitrosovibrio</i>	43	0	0	17	10	14	18	25	21	1	3	11	10	28	20
<i>Acetivibrio</i>	42	3471	1892	132	89	75	93	117	171	247	232	177	114	101	45
<i>Spirochaeta</i>	41	19	36	1	1	0	3	0	0	0	3	0	2	0	0
<i>Aquamicrobium</i>	40	9	10	117	338	129	318	348	249	292	203	266	330	163	265
<i>Oscillospira</i>	39	45	35	8	5	12	8	11	10	4	23	2	6	2	2
<i>Magnetococcus</i>	39	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Azoarcus</i>	39	117	197	48	91	61	113	47	77	72	68	62	73	91	67
<i>Candidatus Competibacter</i>	39	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0
<i>Aetherobacter</i>	38	0	2	18	44	23	40	15	33	17	75	93	70	144	128
<i>Longilinea</i>	38	14	28	130	730	256	766	286	530	37	251	127	185	235	572
<i>Sphingobium</i>	37	10	15	63	74	53	126	122	108	79	35	109	79	94	80
<i>Acidisphaera</i>	37	0	0	11	25	14	34	20	35	12	9	26	36	8	13
<i>Peptoclostridium</i>	37	12	5	1	3	18	2	2	0	8	2	4	0	10	1
<i>Stella</i>	37	1	1	39	50	33	103	77	70	24	59	61	74	36	53
<i>Ohtaekwangia</i>	37	0	0	4	4	6	13	11	3	0	0	1	3	3	5
<i>Caenispirillum</i>	36	21	12	2	1	1	1	0	1	6	0	0	0	0	0
<i>Erysipelothrix</i>	36	1319	830	125	84	90	66	95	105	196	105	83	29	124	41
<i>Rhodovibrio</i>	35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pseudolabrys</i>	35	9	4	151	297	174	319	295	207	204	223	293	444	245	293
<i>Comamonas</i>	34	270	329	339	243	582	194	196	152	812	1307	613	658	695	747
<i>Candidatus Aquiluna</i>	34	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

<i>Ilyobacter</i>	34	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>Maricaulis</i>	33	0	0	18	15	21	26	43	40	20	15	26	25	29	22
<i>Phascolarctobacterium</i>	32	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
<i>Lachnoclostridium</i>	32	121	50	9	3	5	1	4	11	106	48	10	3	8	7
<i>Pedobacter</i>	32	0	8	1	1	1	0	2	4	0	2	1	0	0	1
<i>Shinella</i>	32	24	32	149	435	192	335	305	229	491	308	489	553	247	291
<i>Hartmannibacter</i>	32	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Ralstonia</i>	30	11	14	350	596	532	652	507	486	276	299	458	564	310	365
<i>Ensifer</i>	30	0	10	0	1	0	1	0	1	5	5	1	4	3	0
<i>Sporichthya</i>	28	2	0	69	131	135	183	190	100	43	68	67	130	78	98
<i>Streptomyces</i>	28	317	420	28	41	21	44	47	19	25	6	41	8	17	6
<i>Petrimonas</i>	28	59	146	27	176	37	206	43	134	10	22	19	34	22	32
<i>Curvibacter</i>	28	0	1	5	1	10	1	9	1	2	2	2	2	3	4
<i>Emticicia</i>	28	0	0	0	11	5	13	15	11	1	11	19	5	22	13
<i>Dokdonella</i>	28	329	140	553	634	761	550	579	460	348	459	517	535	743	954
<i>Blastopirellula</i>	28	1	0	18	18	16	38	37	22	5	107	88	102	48	57
<i>Nitrosomonas</i>	28	42	33	656	1584	1504	1823	1849	1643	625	955	890	1230	1358	1782
<i>Micavibrio</i>	27	0	0	3	2	0	6	4	6	4	0	0	0	1	1
<i>Runella</i>	27	0	1	5	18	18	13	16	4	2	24	24	14	21	19
<i>Sulfurihydrogenibium</i>	27	5	6	0	0	0	1	0	2	0	0	0	1	0	0
<i>Methylobacillus</i>	27	558	333	2341	1078	1262	706	673	591	875	1092	995	897	1301	860
<i>Eubacterium</i>	27	206	643	18	22	13	24	11	33	10	34	4	27	10	17
<i>Aquimonas</i>	26	25	45	505	698	725	729	976	526	899	611	1000	911	1007	950
<i>Gemmatimonas</i>	26	3	1	73	62	66	141	174	160	59	37	55	41	69	93
<i>Acetobacter</i>	25	0	1	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Nubsella</i>	25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Gaiella</i>	25	2	0	22	66	34	103	54	77	28	50	45	66	45	62
<i>Brevundimonas</i>	24	22	23	14	17	16	30	52	41	54	85	83	18	153	219
<i>Vampirovibrio</i>	24	1	1	1	1	2	1	2	3	0	0	2	0	0	0

<i>Phenylobacterium</i>	24	8	10	57	84	75	121	134	134	74	71	117	36	87	175
<i>Bacillus</i>	24	1090	806	36	20	12	22	21	72	24	86	15	12	14	16
<i>Dyadobacter</i>	23	17	13	469	1180	828	1032	851	699	365	1594	1683	1313	1414	1284
<i>Chryseobacterium</i>	22	1	7	15	18	6	13	29	11	42	41	100	61	124	28
<i>Methylocella</i>	22	2	3	2	2	4	10	6	5	6	1	7	7	3	9
<i>Aeromicrobium</i>	22	6	16	90	87	85	160	177	147	72	41	67	83	80	63
<i>Aquaspirillum</i>	22	1256	3478	673	326	2798	320	204	387	59	103	46	35	67	56
<i>Sporobacter</i>	22	94	122	6	7	4	7	6	10	5	37	1	8	3	2
<i>Chelatococcus</i>	21	0	0	6	4	2	6	5	4	8	5	6	17	6	9
<i>Persicobacter</i>	21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Faecalitalea</i>	21	63	135	4	1	0	0	0	5	0	4	3	1	4	3
<i>Cupriavidus</i>	21	2	1	43	64	80	88	79	66	29	33	45	63	48	53
<i>Piscinibacter</i>	20	8	14	435	457	706	341	622	278	448	359	659	670	591	411
<i>Methylibium</i>	20	0	1	7	10	14	8	15	12	4	6	9	2	7	4
<i>Thalassobacter</i>	20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Litoreibacter</i>	20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Agaricicola</i>	20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Faecalibacterium</i>	19	3	22	1	2	0	2	1	1	2	3	0	1	0	0
<i>Hirschia</i>	19	0	0	9	3	2	5	5	7	1	0	3	2	5	1
<i>Cytophaga</i>	18	669	875	60	86	69	118	151	167	68	105	96	58	173	159
<i>Achromobacter</i>	17	0	0	41	110	118	98	36	48	24	27	44	52	44	21
<i>Acidithiobacillus</i>	17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Cloacibacterium</i>	17	13	2	11	0	1	0	3	0	13	6	3	0	15	1
<i>Fimbriimonas</i>	17	0	0	19	22	17	26	28	40	7	24	15	16	12	34
<i>Ferruginibacter</i>	16	10	1	109	276	210	237	162	156	224	762	641	1183	713	936
<i>Marinithermus</i>	16	6	0	113	49	10	30	92	35	232	66	206	39	371	34
<i>Beijerinckia</i>	16	1	6	54	134	96	198	135	147	81	141	182	224	87	182
<i>Pseudonocardia</i>	15	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	3	0	2	1
<i>Synergistes</i>	15	186	617	13	18	11	19	13	24	8	29	4	23	9	5

<i>Youngiibacter</i>	14	887	110	34	2	26	8	13	23	83	20	92	3	29	6
<i>Methyloversatilis</i>	14	1	1	23	74	43	85	71	97	15	25	57	14	70	61
<i>Tetrasphaera</i>	14	0	1	0	1	0	3	2	4	0	0	0	4	0	0
<i>Phaeovibrio</i>	14	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Acetobacterium</i>	13	584	1476	49	244	71	172	55	157	29	210	23	164	44	85
<i>Streptococcus</i>	13	9	28	0	1	0	4	0	4	1	4	0	2	1	1
<i>Isosphaera</i>	13	10	19	233	999	498	899	489	470	39	653	335	713	260	480
<i>Inquilinus</i>	12	0	0	4	6	7	0	2	1	0	3	3	3	5	5
<i>Turneriella</i>	12	5	5	129	437	370	505	235	295	136	100	280	224	167	92
<i>Bordetella</i>	12	0	1	13	15	13	18	10	12	6	1	6	12	12	6
<i>Conexibacter</i>	12	2	2	26	63	45	162	84	105	29	35	35	70	51	73
<i>Enhygromyxa</i>	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
<i>Byssovorax</i>	11	1	2	11	11	20	15	30	26	12	5	24	4	40	19
<i>Parabacteroides</i>	11	31	22	2	2	1	0	1	1	0	3	3	1	2	1
<i>Rufibacter</i>	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Bradyrhizobium</i>	11	4	3	102	236	129	325	192	204	94	111	167	251	85	156
<i>Enhydrobacter</i>	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Anaerobranca</i>	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Holophaga</i>	11	2	3	116	293	180	276	379	306	66	57	114	40	141	165
<i>Macromonas</i>	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	1	1
<i>Armatimonas</i>	10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Archangium</i>	10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Fusobacterium</i>	10	10	14	74	226	208	220	254	203	52	62	80	30	148	175
<i>Kineosporia</i>	10	12	7	383	329	668	229	587	156	710	64	1224	112	1066	99
<i>Marinobacter</i>	10	0	1	11	32	7	50	23	77	2	12	2	10	9	34
<i>Tepidiphilus</i>	10	10	8	2	1	3	1	0	1	2	1	0	0	3	0
<i>Nordella</i>	10	0	2	7	20	12	27	8	11	18	7	26	27	12	11
<i>Lutibaculum</i>	10	0	0	6	15	3	30	6	27	2	38	14	25	23	113
<i>Ruminiclostridium</i>	10	69	51	3	0	0	0	1	4	9	18	1	0	5	3

<i>Phormidium</i>	10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Thiocapsa</i>	10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Reyranella</i>	9	5	8	150	354	202	600	268	364	160	246	315	477	254	317
<i>Neochlamydia</i>	9	19	35	5	4	1	3	7	6	0	0	4	5	7	4
<i>Oxalobacter</i>	9	221	234	11	13	9	10	6	30	9	20	8	11	1	3
<i>Desulfotomaculum</i>	9	11	38	96	203	158	103	141	67	124	28	234	133	92	26
<i>Lacibacter</i>	9	0	0	1	2	6	2	0	0	0	1	0	0	0	4
<i>Geobacter</i>	9	39	95	47	48	44	62	110	93	29	22	29	17	74	39
<i>Trichococcus</i>	9	618	224	45	23	130	19	32	17	54	20	49	23	40	27
<i>Algisphaera</i>	9	0	0	1	0	1	2	2	0	0	1	2	3	0	1
<i>Methylorosula</i>	9	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	2
<i>Propionispora</i>	9	16	30	1	0	1	0	0	1	3	2	0	1	2	0
<i>Campylobacter</i>	8	17	12	4	2	1	0	0	1	0	2	0	0	1	0
<i>Pseudaminobacter</i>	8	0	2	5	34	8	24	19	20	17	12	16	23	9	19
<i>Acetanaerobacterium</i>	8	15	22	1	1	1	2	1	0	0	2	0	0	1	0
<i>Candidatus Koribacter</i>	8	0	0	2	1	2	1	2	1	0	1	0	1	1	0
<i>Maritalea</i>	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Victivallis</i>	7	1	5	1	0	0	0	1	3	0	1	0	0	0	1
<i>Klebsiella</i>	7	3	1	4	0	0	4	10	6	0	2	0	2	4	3
<i>Chthoniobacter</i>	7	0	0	2	0	8	5	2	2	0	4	5	7	10	8
<i>Rubricoccus</i>	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Leadbetterella</i>	7	2	5	61	14	76	24	68	10	38	97	136	61	162	127
<i>Alkalibacter</i>	7	426	227	20	25	10	13	23	64	75	38	12	8	12	8
<i>Aureispira</i>	7	0	0	2	0	20	8	2	6	0	1	0	4	0	7
<i>Solobacterium</i>	7	3	2	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
<i>Pseudacidovorax</i>	7	0	1	47	47	118	51	132	49	57	24	61	44	99	45
<i>Neisseria</i>	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Kordiimonas</i>	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Altererythrobacter</i>	6	1	8	11	20	20	30	25	30	32	12	23	4	34	20

<i>Saprospira</i>	6	1	5	165	158	1425	1495	217	570	2	8	6	12	9	12
<i>Porphyrobacter</i>	6	1	0	31	38	48	60	64	48	54	60	177	45	126	122
<i>Methylophilus</i>	6	112	44	348	108	159	111	190	133	99	39	117	43	119	55
<i>Xenophilus</i>	6	3	3	33	26	40	32	34	22	29	26	61	56	61	34
<i>Acidobacterium</i>	6	1	1	24	19	14	26	36	27	6	9	9	10	29	19
<i>Roseobacter</i>	6	0	1	13	19	23	29	29	23	12	25	35	37	46	35
<i>Agrobacterium</i>	6	6	3	12	50	30	41	41	32	56	41	67	61	40	37
<i>Roseospirillum</i>	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Aminobacter</i>	6	1	2	19	50	25	62	61	43	29	33	36	61	35	51
<i>Actinotalea</i>	6	2	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0
<i>Tsukamurella</i>	6	3	35	2	3	0	5	5	1	0	7	2	1	1	3
<i>Chrysiogenes</i>	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Blautia</i>	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Proteiniclasticum</i>	5	546	291	64	23	91	40	90	39	68	12	39	13	43	12
<i>Anaerophaga</i>	5	4	3	3	0	0	3	3	0	0	1	3	1	1	0
<i>Pseudoxanthomonas</i>	5	23	29	68	109	113	106	131	65	62	56	48	40	76	61
<i>Propionibacterium</i>	5	0	2	0	0	0	1	1	3	0	0	3	2	1	1
<i>Alicyclophilus</i>	5	32	18	186	97	278	65	77	41	170	280	211	208	201	211
<i>Coralimargarita</i>	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Thiobacillus</i>	5	10	11	7	21	19	36	22	28	4	3	6	5	7	12
<i>Smithella</i>	5	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	3	2	0	0
<i>Anaerofilum</i>	5	28	75	1	3	0	0	0	4	2	25	0	6	0	0
<i>Bosea</i>	5	11	10	110	289	168	382	277	234	195	188	309	321	168	230
<i>Thioclava</i>	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Wandonia</i>	5	2	5	149	232	715	457	276	195	9	36	243	176	123	42
<i>Ramlibacter</i>	5	1	0	18	29	46	29	28	22	6	21	35	15	33	32
<i>Staphylococcus</i>	5	5	11	1	2	0	7	2	5	1	0	6	0	7	0
<i>Tepidibacter</i>	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Salicola</i>	5	2	4	199	179	287	220	425	259	117	106	171	53	268	337

<i>Puniceicoccus</i>	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pannonibacter</i>	5	9	7	2	0	1	0	1	1	7	7	5	1	1	5
<i>Salinimicrobium</i>	5	3	7	20	28	13	68	61	58	5	141	35	200	53	208
<i>Meniscus</i>	5	59	51	3	0	0	2	3	4	10	0	4	0	1	2
<i>Compostimonas</i>	4	13	59	50	51	28	21	42	35	155	16	87	11	146	21
<i>Rickettsia</i>	4	0	1	1	6	5	17	4	7	0	5	4	6	5	8
<i>Soehngenia</i>	4	522	570	70	67	49	82	135	110	54	17	27	9	49	15
<i>Ethanoligenens</i>	4	18	17	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1
<i>Desulforegula</i>	4	0	0	5	8	3	3	13	14	0	2	2	3	5	4
<i>Balneola</i>	4	7	4	84	329	159	373	314	516	69	95	91	35	91	197
<i>Oceanicaulis</i>	4	0	0	0	0	1	2	0	6	0	0	0	0	0	2
<i>Aliihoeflea</i>	4	0	0	2	3	3	5	2	3	0	4	3	3	2	4
<i>Thermovum</i>	4	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Aquicella</i>	4	0	0	8	14	5	14	12	3	1	2	5	15	3	1
<i>Georgfuchsia</i>	4	0	0	0	12	0	5	1	4	0	1	0	0	0	1
<i>Serinibacter</i>	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	1	0
<i>Afipia</i>	4	0	1	26	69	34	71	56	40	42	42	48	75	14	60
<i>Proteiniphilum</i>	4	30	106	6	14	9	17	13	12	3	8	14	14	12	13
<i>Candidatus Anammoximicrobium</i>	4	4	2	23	28	19	48	41	28	9	38	52	51	31	27
<i>Acidaminobacter</i>	4	455	800	21	35	57	34	32	95	64	63	26	13	42	17
<i>Rhodoferax</i>	4	0	0	3	0	2	3	2	5	0	0	5	1	2	1
<i>Sphaerobacter</i>	4	3	2	32	120	59	119	102	66	22	29	61	60	68	52
<i>Diaminobutyricimonas</i>	4	0	0	0	1	2	0	2	0	0	0	3	1	1	4
<i>Sphingopyxis</i>	4	53	106	14	34	23	31	18	41	19	15	24	3	19	18
<i>Nitrobacter</i>	3	1	1	14	65	18	49	44	29	41	48	54	66	26	58
<i>Caedibacter</i>	3	0	0	0	1	1	5	0	0	0	1	4	6	1	1
<i>Aquabacterium</i>	3	1	1	14	17	34	14	15	18	13	14	25	18	31	29
<i>Coccinistipes</i>	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Achromatium</i>	3	2	3	60	71	106	47	86	25	2	4	21	2	8	10

<i>Christensenella</i>	3	98	23	4	2	0	0	3	8	1	12	1	2	0	1
<i>Stenotrophomonas</i>	3	60	55	40	56	50	38	67	42	13	6	10	6	17	13
<i>Tyzzarella</i>	3	240	59	4	0	3	0	1	13	35	13	12	4	5	5
<i>Spirulina</i>	3	1	2	66	91	45	174	211	169	64	50	88	43	86	131
<i>Taibaiella</i>	3	4	1	7	19	4	12	2	17	18	321	27	367	60	411
<i>Pseudoruegeria</i>	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Ferrovum</i>	3	0	0	2	3	3	3	3	4	1	5	2	3	5	10
<i>Sejorgia</i>	3	5	4	19	7	5	8	5	8	152	190	367	337	344	103
<i>Nocardia</i>	3	2	2	95	53	124	44	158	45	153	21	386	30	279	34
<i>Parasporobacterium</i>	3	565	238	14	18	19	24	23	49	99	95	15	10	28	24
<i>Brachyspira</i>	3	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Truepera</i>	3	2	6	51	142	64	178	109	110	57	156	115	291	75	173
<i>Isoptricola</i>	3	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0
<i>Acidimicrobium</i>	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Turicibacter</i>	3	59	40	1	3	3	1	4	4	5	1	0	0	2	0
<i>Ectothiorhodosinus</i>	2	0	0	3	2	1	3	9	2	2	0	4	0	1	1
<i>Caldimonas</i>	2	0	5	3	5	9	6	9	8	8	7	7	2	5	9
<i>Leptospira</i>	2	24	108	2	8	6	5	3	13	4	7	2	3	3	2
<i>Azovibrio</i>	2	1	24	1	1	3	2	2	3	4	0	0	0	0	0
<i>Thermomonas</i>	2	0	0	6	5	15	5	10	7	7	7	5	3	8	16
<i>Marivirga</i>	2	1	0	7	22	10	21	17	25	5	4	3	2	5	9
<i>Microbulbifer</i>	2	3	1	78	92	104	174	267	210	28	43	62	18	94	139
<i>Pusillimonas</i>	2	7	12	29	43	32	28	22	20	57	54	78	89	42	14
<i>Alkalitalea</i>	2	24	18	5	7	4	1	7	3	1	0	1	0	5	2
<i>Rhodocyclus</i>	2	70	78	24	15	34	13	52	36	11	16	13	5	36	13
<i>Solirubrobacter</i>	2	0	0	0	1	0	1	1	0	0	2	2	1	2	0
<i>Rehaibacterium</i>	2	1	2	117	168	282	128	254	88	23	18	38	34	35	34
<i>Rhodoligotrophos</i>	2	0	1	3	7	5	10	9	15	4	3	8	15	9	5
<i>Pseudanabaena</i>	2	1	0	5	9	2	10	23	17	7	2	9	6	5	5

<i>Algoriphagus</i>	2	0	6	57	68	83	87	99	60	52	46	126	70	145	67
<i>Stigmatella</i>	2	0	0	3	0	3	11	8	5	0	12	7	17	9	14
<i>Formivibrio</i>	2	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Amphiplicatus</i>	2	0	0	0	0	0	1	0	0	2	1	1	0	1	0
<i>Calditerrivibrio</i>	2	2	3	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Veillonella</i>	2	25	16	1	0	1	4	4	1	8	9	4	4	15	9
<i>Arenimonas</i>	2	3	1	261	251	527	301	461	279	43	13	51	18	57	20
<i>Wolinella</i>	2	62	79	4	1	0	2	0	4	8	9	1	2	3	1
<i>Pigmentiphaga</i>	2	2	0	10	10	53	23	14	11	3	8	20	16	13	20
<i>Gordonia</i>	2	0	3	23	23	47	44	51	29	27	20	15	31	24	26
<i>Herbaspirillum</i>	2	8	4	62	60	244	63	81	61	33	29	107	49	55	54
<i>Alkaliflexus</i>	2	28	39	6	8	4	10	8	3	1	1	1	1	1	1
<i>Daeguia</i>	2	0	0	1	1	0	2	1	0	0	0	2	2	1	4
<i>Aliifodinibius</i>	1	1	8	3	3	2	14	2	14	0	2	3	3	4	7
<i>Erythrobacter</i>	1	0	0	0	1	1	1	3	0	1	0	0	0	1	1
<i>Jatrophihabitans</i>	1	0	0	2	5	3	9	5	7	0	2	5	5	2	3
<i>Enterobacter</i>	1	2	0	0	1	2	2	2	0	0	2	0	0	0	1
<i>Planococcus</i>	1	2	3	6	12	18	19	26	22	11	3	8	5	7	16
<i>Legionella</i>	1	12	6	3	3	2	3	0	1	0	2	1	3	0	3
<i>Demequina</i>	1	3	3	0	1	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0
<i>Halia</i>	1	0	2	52	69	93	113	230	199	12	21	15	7	29	40
<i>Gottschalkia</i>	1	1	4	0	1	8	3	5	0	2	1	4	0	6	1
<i>Riemerella</i>	1	22	5	4	0	0	0	1	1	4	8	1	0	4	0
<i>Ornatilinea</i>	1	4	3	0	2	2	1	0	5	0	0	1	1	0	0
<i>Alcaligenes</i>	1	6	20	30	13	7	9	1	3	3	5	1	5	5	2
<i>Sphingosinicella</i>	1	0	1	3	2	4	8	12	6	4	3	0	0	9	4
<i>Rhodopirellula</i>	1	6	2	129	240	173	235	213	142	23	173	160	204	119	140
<i>Rubellimicrobium</i>	1	1	1	0	1	0	3	2	1	0	0	3	3	4	4
<i>Sedimentibacter</i>	1	5	25	0	1	1	1	0	2	0	6	0	1	0	0

<i>Litorilinea</i>	1	0	0	0	2	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
<i>Mizugakiibacter</i>	1	0	0	15	33	27	35	51	22	29	17	38	39	26	23
<i>Methylopila</i>	1	0	1	0	4	1	1	1	4	3	1	3	4	2	0
<i>Candidatus Nucleicultrix</i>	1	0	0	4	1	2	0	6	3	6	2	16	6	5	5
<i>Leptonema</i>	1	10	56	4	15	18	14	9	15	10	4	22	10	10	9
<i>Azospira</i>	1	5	4	0	2	1	1	2	4	1	2	0	0	3	0
<i>Arthrobacter</i>	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0
<i>Bauldia</i>	1	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	2	2	1	0
<i>Hydrogenoanaerobacterium</i>	1	42	133	1	0	0	1	1	4	2	0	0	0	2	0
<i>Methylocapsa</i>	1	3	0	11	23	28	36	39	28	23	34	37	42	21	32
<i>Rikenella</i>	1	6	3	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Frateuria</i>	1	1	4	6	18	7	14	14	14	4	4	2	1	4	6
<i>Oerskovia</i>	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Kocuria</i>	1	4	6	6	12	8	13	6	11	18	17	24	17	32	18
<i>Sanguibacter</i>	1	84	10	0	3	5	3	2	4	8	3	5	1	4	2
<i>Brooklawnia</i>	1	59	189	2	5	4	11	8	15	1	5	5	7	5	4
<i>Geothrix</i>	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1
<i>Rhodopila</i>	1	0	3	21	144	34	295	116	251	0	16	8	45	5	43
<i>Dethiosulfatibacter</i>	1	366	142	8	3	0	2	6	25	35	18	7	1	6	1
<i>Anderseniella</i>	1	0	0	0	3	0	0	2	1	0	0	0	2	2	1
<i>Solitalea</i>	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
<i>Siphonobacter</i>	1	0	1	6	4	13	14	19	9	1	0	1	2	0	0
<i>Rubrivivax</i>	1	1	0	8	16	8	15	10	20	7	22	19	24	25	41
<i>Lutispora</i>	1	2	23	0	1	0	1	0	0	0	1	1	4	0	0
<i>Atopobium</i>	1	6	27	0	1	0	0	0	1	3	3	0	2	0	0
<i>Owenweeksia</i>	1	4	5	45	21	45	51	67	57	14	49	70	56	84	107
<i>Hyphomonas</i>	1	16	31	38	59	53	91	120	77	29	6	30	25	38	26
<i>Leptolinea</i>	1	0	0	0	2	3	6	0	4	1	0	1	1	3	3
<i>Methylovorus</i>	1	1	0	11	5	1	4	3	2	5	5	12	6	5	3

<i>Thermaerobacter</i>	1	0	1	6	12	13	18	19	13	1	10	6	5	5	15
<i>Candidatus Solibacter</i>	1	1	0	6	3	2	5	6	6	4	1	8	6	9	5
<i>Candidatus Paraholospora</i>	1	6	0	3	1	8	14	1	13	0	0	0	0	1	0
<i>Exiguobacterium</i>	1	14	21	8	9	12	15	26	10	5	3	6	2	12	6
<i>Undibacterium</i>	1	0	0	2	0	91	8	5	0	0	1	0	1	2	0
<i>Thermoactinomyces</i>	0	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Desulfocaldus</i>	0	4	42	7	18	15	13	13	41	3	9	9	7	14	16
<i>Rubrobacter</i>	0	0	0	0	4	1	1	0	0	1	0	3	1	1	0
<i>Elusimicrobium</i>	0	1	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Thiothrix</i>	0	0	0	0	7	16	11	1	7	0	1	1	0	0	0
<i>Spirobacillus</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0
<i>Elizabethkingia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	4	2	6	1
<i>Cloacibacillus</i>	0	8	12	2	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Pseudoalteromonas</i>	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	1	0	2
<i>Sterolibacterium</i>	0	1	1	21	82	37	105	82	105	12	26	22	30	31	44
<i>Blastocatella</i>	0	0	0	3	3	1	1	5	6	2	1	2	0	5	2
<i>Dehalobacterium</i>	0	32	19	0	0	0	0	0	3	1	0	0	0	0	0
<i>Rudaibacter</i>	0	0	1	0	1	1	0	1	0	2	0	0	2	0	0
<i>Aminomonas</i>	0	1	6	0	1	0	0	0	1	0	5	0	0	0	0
<i>Symbiobacterium</i>	0	18	11	2	0	6	0	3	0	0	0	2	0	4	1
<i>Empedobacter</i>	0	12	14	35	61	37	74	66	41	20	60	40	80	59	53
<i>Myxococcus</i>	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	1	0
<i>Pelosinus</i>	0	12	29	9	163	89	121	47	171	4	7	13	4	13	7
<i>Pandoraea</i>	0	0	0	3	0	4	4	3	4	2	2	6	3	2	3
<i>Ottowia</i>	0	0	0	1	0	2	1	0	2	1	2	2	1	0	1
<i>Nitrincola</i>	0	0	0	0	0	0	0	3	1	0	0	0	0	0	0
<i>Lampropedia</i>	0	5	3	0	0	0	1	0	0	0	4	0	0	0	1
<i>Caenimonas</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
<i>Thermodesulfovibrio</i>	0	0	0	4	157	12	60	6	36	0	10	4	5	2	9

<i>Methylovirgula</i>	0	0	0	10	13	10	27	26	20	6	10	15	15	6	11
<i>Bacteriovorax</i>	0	1	3	166	36	45	19	24	24	10	99	6	36	26	20
<i>Telmatospirillum</i>	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	1	3	0	0	0
<i>Pseudoflavonifractor</i>	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0
<i>Vogesella</i>	0	4	43	2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
<i>Pseudorhodoferax</i>	0	0	0	5	10	19	14	16	6	4	5	8	4	5	11
<i>Candidatus Accumulibacter</i>	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Ferribacterium</i>	0	0	0	0	3	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1
<i>Microcella</i>	0	3	1	5	4	14	16	21	10	3	8	7	9	12	4
<i>Aminivibrio</i>	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Acidisoma</i>	0	0	0	1	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Albibacter</i>	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1
<i>Ketogulonicigenium</i>	0	0	0	19	22	13	33	38	22	15	16	20	23	19	33
<i>Marinoscillum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
<i>Parvimonas</i>	0	0	0	44	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Holdemania</i>	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>Limnobacter</i>	0	0	0	3	6	18	6	10	10	3	8	7	11	8	10
<i>Fulvivirga</i>	0	0	0	0	1	0	2	0	1	0	1	0	2	0	4
<i>Sunxiuquinia</i>	0	24	58	2	7	4	3	2	4	1	1	2	0	1	0
<i>Brachybacterium</i>	0	0	0	2	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0
<i>Brevinema</i>	0	6	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Actinomyces</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2
<i>Oscillochloris</i>	0	0	0	0	0	1	0	2	0	0	0	0	0	0	0
<i>Thermolithobacter</i>	0	0	0	2	0	1	0	2	0	0	0	1	0	2	0
<i>Kistimonas</i>	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0
<i>Alishewanella</i>	0	0	0	1	0	0	1	1	3	1	1	2	0	1	0
<i>Modestobacter</i>	0	19	30	0	0	0	4	0	2	0	1	0	0	1	0
<i>Dehalogenimonas</i>	0	2	15	0	1	1	1	2	0	2	0	0	0	0	1
<i>Rathayibacter</i>	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

<i>Geovibrio</i>	0	53	37	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	1	0
<i>Propionigenium</i>	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
<i>Anaerobacterium</i>	0	3	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Cyclobacterium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	2	0	1
<i>Afifella</i>	0	1	0	5	7	5	12	8	6	4	2	8	3	3	0
<i>Micrococcus</i>	0	1	5	0	3	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
<i>Flaviflexus</i>	0	4	5	0	0	1	0	1	0	0	0	2	0	0	0
<i>Dehalobacter</i>	0	7	30	2	3	0	1	2	1	0	3	1	0	1	0
<i>Ectothiorhodospira</i>	0	0	0	0	0	4	0	1	0	3	0	0	1	1	2
<i>Labilithrix</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	1	0
<i>Marinifilum</i>	0	5	4	0	1	1	0	4	0	0	0	3	2	2	0
<i>Microcystis</i>	0	0	0	6	2	2	1	1	5	1	1	1	0	2	2
<i>Flavitalea</i>	0	1	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Hymenobacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1
<i>Gluconobacter</i>	0	0	0	1	1	0	2	0	0	2	1	0	2	0	0
<i>Candidatus Nitrotoga</i>	0	1	0	56	77	126	81	66	147	9	238	19	12	26	177
<i>Aeromonas</i>	0	0	0	3	4	6	26	6	17	1	9	1	14	26	23
<i>Rhodobaca</i>	0	0	0	11	6	6	9	6	5	0	6	7	7	2	7
<i>Aureibacter</i>	0	3	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Dielma</i>	0	12	24	1	2	0	0	1	4	0	2	0	1	1	0
<i>Sulfobacillus</i>	0	0	38	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Denitrovibrio</i>	0	44	43	0	0	0	1	0	3	0	0	0	0	1	0
<i>Halomonas</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	3	2
<i>Lysobacter</i>	0	3	4	16	15	16	13	15	11	14	5	21	3	9	9
<i>Pseudofulvimonas</i>	0	2	4	18	11	36	19	23	10	9	1	12	2	10	5
<i>Cesiribacter</i>	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0
<i>Caldanaerobacter</i>	0	0	0	1	2	3	2	4	0	0	0	2	0	2	1
<i>Sinobaca</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	4	0	0	0	0	0	0
<i>Azospirillum</i>	0	6	12	6	5	4	15	4	7	4	8	10	8	5	5

<i>Cellulosimicrobium</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1
<i>Herpetosiphon</i>	0	0	0	7	2	2	0	3	0	12	0	6	2	7	1
<i>Pseudogulbenkiania</i>	0	3	5	4	1	9	0	1	2	2	2	0	1	0	0
<i>Methyloferula</i>	0	0	0	0	2	0	2	0	0	0	1	1	1	2	1
<i>Desulfobotulus</i>	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Aminiphilus</i>	0	1	3	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0
<i>Shewanella</i>	0	9	4	0	0	20	0	7	1	4	4	2	0	3	1
<i>Thermomicrobium</i>	0	0	0	0	1	1	0	2	1	0	1	0	0	2	0
<i>Rhodovastum</i>	0	0	0	1	0	0	2	0	1	0	0	0	0	0	0
<i>Tepidamorphus</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
<i>Candidatus Xiphinematobacter</i>	0	0	0	0	0	2	2	1	0	0	0	1	0	3	1
<i>Acidomonas</i>	0	0	0	2	1	1	1	3	1	0	1	8	1	3	3
<i>Cellvibrio</i>	0	0	0	0	0	0	2	4	4	0	2	5	0	10	9
<i>Myroides</i>	0	0	0	0	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Erysipelatoclostridium</i>	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Desulfobulbus</i>	0	27	35	0	0	1	2	2	1	0	0	0	0	2	0
<i>Brachymonas</i>	0	3	22	0	0	0	1	0	0	1	3	0	4	1	1
<i>Coxiella</i>	0	0	1	3	11	2	10	2	3	1	5	3	14	1	19
<i>Paenibacillus</i>	0	5	5	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
<i>Desulfonatronum</i>	0	1	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Frigoribacterium</i>	0	0	1	0	1	1	4	3	0	0	0	1	1	1	0
<i>Dehalococcoides</i>	0	0	0	2	4	1	7	6	10	2	4	9	11	5	3
<i>Methylomicrobium</i>	0	0	0	4	6	20	6	10	1	1	4	6	1	6	0
<i>Kofleria</i>	0	0	0	2	1	1	4	8	4	2	3	3	0	2	2
<i>Wolbachia</i>	0	0	0	1	0	0	9	3	3	0	15	3	10	12	11
<i>Dictyoglomus</i>	0	4	3	1	0	0	0	1	0	0	1	2	0	0	0
<i>Alsobacter</i>	0	0	0	0	2	1	2	1	2	0	1	2	1	1	0
<i>Schlegelella</i>	0	1	0	2	8	7	8	6	5	2	4	8	8	6	5
<i>Cellulosilyticum</i>	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

<i>Roseospira</i>	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	3	0
<i>Lishizhenia</i>	0	0	0	1	0	3	0	1	1	0	0	1	0	0	0
<i>Nakamurella</i>	0	0	0	0	1	0	0	2	1	0	0	0	0	5	4
<i>Candidatus Portiera</i>	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Alistipes</i>	0	10	10	21	54	46	29	32	23	8	40	51	44	67	50
<i>Alpinimonas</i>	0	1	32	1	2	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0
<i>Malikia</i>	0	0	4	1	2	0	2	1	0	1	1	3	1	1	0
<i>Streptosporangium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	3	0
<i>Parasegetibacter</i>	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
<i>Fervidobacterium</i>	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>Adhaeribacter</i>	0	6	9	0	0	2	2	1	0	1	1	3	2	2	2
<i>Lentisphaera</i>	0	0	7	4	1	2	4	4	4	0	4	0	2	1	1
<i>Pelotomaculum</i>	0	0	3	1	3	1	7	6	20	0	3	4	3	3	4
<i>Delftia</i>	0	0	0	1	0	1	0	1	2	2	1	0	1	0	0
<i>Azohydromonas</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1
<i>Denitrobacterium</i>	0	0	0	0	0	0	3	0	1	0	1	0	0	1	0
<i>Desulphuromonas</i>	0	7	11	11	14	8	30	36	26	19	6	33	50	30	23
<i>Candidatus Phytoplasma</i>	0	0	1	13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Xanthomonas</i>	0	6	1	4	4	9	4	5	3	1	0	0	1	1	0
<i>Niabella</i>	0	0	0	0	6	3	5	1	1	1	1	1	1	4	2
<i>Nitrospira</i>	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0
<i>Methylobacter</i>	0	0	0	2	1	3	8	12	45	0	0	3	0	2	0
<i>Desulforhopalus</i>	0	0	0	0	3	2	11	4	8	0	0	1	0	0	0
<i>Candidatus Endomicrobium</i>	0	0	35	0	0	0	1	0	6	1	10	0	3	1	0
<i>Deferribacter</i>	0	1	16	0	1	1	4	3	1	0	5	0	2	2	0
<i>Roseimaritima</i>	0	0	0	0	1	1	0	3	0	0	0	1	2	1	0
<i>Candidatus Entotheonella</i>	0	0	0	10	7	15	19	26	16	5	2	11	1	17	1
<i>Geothermobacter</i>	0	0	0	1	1	0	0	1	4	0	1	1	0	1	1
<i>Desulphuromusa</i>	0	0	1	19	20	16	28	56	50	6	20	14	9	22	46

<i>Thiohalocapsa</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
<i>Timonella</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
<i>Variovorax</i>	0	6	11	2	1	3	1	4	2	0	0	1	1	4	2
<i>Pantoea</i>	0	2	0	0	1	0	0	5	2	0	0	0	0	0	1
<i>Sulfurimonas</i>	0	0	0	8	0	3	0	0	0	1	3	0	1	2	1
<i>Salinicoccus</i>	0	3	7	0	8	2	11	10	4	1	1	0	2	8	0
<i>Dongia</i>	0	0	0	2	1	1	2	6	1	5	0	0	0	0	2
<i>Luteococcus</i>	0	17	10	1	0	3	2	1	2	4	1	3	4	11	7
<i>Hipaea</i>	0	0	0	2	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0
<i>Oligoflexus</i>	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
<i>Sporanaerobacter</i>	0	13	5	1	8	4	15	5	26	3	17	4	26	5	23
<i>Castellaniella</i>	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
<i>Peptococcus</i>	0	72	42	0	1	0	1	1	4	20	27	1	2	0	2
<i>Patulibacter</i>	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Metallibacterium</i>	0	1	2	0	1	3	1	3	1	0	0	2	1	1	0
<i>Candidatus Hodgkinia</i>	0	0	0	0	1	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Dyella</i>	0	0	1	0	2	2	0	1	1	3	4	8	5	6	2
<i>Syntrophobotulus</i>	0	5	45	0	0	0	0	0	3	0	1	0	0	0	1
<i>Subdoligranulum</i>	0	3	7	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0
<i>Tissierella</i>	0	3	1	0	0	1	0	0	2	0	1	0	0	1	0
<i>Phyllobacterium</i>	0	0	0	1	2	1	1	1	2	1	3	0	2	1	1
<i>Brevibacterium</i>	0	0	3	1	7	0	14	3	7	2	0	0	1	1	2
<i>Tenacibaculum</i>	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Brumimicrobium</i>	0	0	0	2	4	33	5	5	2	0	0	5	4	4	0
<i>Flavisolibacter</i>	0	0	0	0	0	3	1	1	0	0	0	0	0	2	0
<i>Sporobacterium</i>	0	0	0	0	0	2	1	2	2	0	0	0	1	0	0
<i>Soonwooa</i>	0	0	1	0	0	0	3	0	1	1	0	0	1	5	1
<i>Tumebacillus</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	3	3	0	1
<i>Lautropia</i>	0	1	0	2	2	0	3	4	4	0	2	2	2	0	1

<i>Cryobacterium</i>	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	2	0	0
<i>Croceibacter</i>	0	1	8	3	1	2	6	3	3	0	3	3	2	1	0
<i>Xylanimicrobium</i>	0	0	0	0	0	1	0	4	1	0	0	0	0	0	0
<i>Desulfocurvus</i>	0	3	14	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0
<i>Gloeobacter</i>	0	6	26	0	0	0	0	1	1	0	4	0	3	2	0
<i>Salagentibacter</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0	2
<i>Kaistia</i>	0	1	0	2	5	4	1	4	2	4	3	6	7	2	1
<i>Kaistobacter</i>	0	1	0	1	4	1	3	11	4	2	0	5	1	1	1
<i>Candidatus Cloacimonas</i>	0	8	12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Silvimonas</i>	0	2	2	1	0	1	4	3	5	2	0	0	0	90	0
<i>Meiothermus</i>	0	2	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0
<i>Catabacter</i>	0	31	74	1	1	0	1	1	0	2	2	0	0	1	0
<i>Flavihumibacter</i>	0	0	0	2	3	2	3	3	1	1	0	1	0	3	3
<i>Lutibacter</i>	0	14	7	4	0	0	0	1	2	4	0	1	0	1	0
<i>Aurantimonas</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0
<i>Azonexus</i>	0	54	3	10	12	14	8	4	7	17	10	35	15	32	7
<i>Enterococcus</i>	0	0	0	0	0	0	3	0	1	0	0	0	0	0	0
<i>Hoeflea</i>	0	0	1	3	5	2	9	8	2	2	3	3	7	2	4
<i>Moryella</i>	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Methyloceanibacter</i>	0	0	0	0	1	3	0	3	1	0	2	1	1	1	1
<i>Cryocola</i>	0	0	3	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
<i>Tessaracoccus</i>	0	22	22	2	0	0	1	0	4	2	0	0	0	0	2
<i>Candidatus Sulcia</i>	0	0	0	2	4	0	8	4	5	0	19	3	1	2	6
<i>Jannaschia</i>	0	0	0	0	0	0	2	1	0	0	0	1	0	1	0
<i>Desulforhabdus</i>	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0
<i>Hahella</i>	0	0	0	4	13	13	10	23	15	3	5	7	1	6	24
<i>Flexithrix</i>	0	12	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Gordonibacter</i>	0	1	36	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
<i>Cetobacterium</i>	0	0	2	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0

<i>Helicobacter</i>	0	2	1	2	1	0	1	1	0	53	1	5	2	5	0
<i>Desulfofustis</i>	0	0	4	4	11	5	14	14	18	2	5	2	2	3	5
<i>Amycolatopsis</i>	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>Haliangium</i>	0	0	0	1	1	0	5	0	3	1	0	1	5	0	1
<i>Gracilibacter</i>	0	0	19	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0
<i>Kinetoplastibacterium</i>	0	1	0	1	6	5	10	7	4	6	6	4	6	7	10
<i>Candidatus Magnetobacterium</i>	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1
<i>Luteimonas</i>	0	3	36	5	9	6	5	14	10	9	2	5	7	8	12
<i>Thermodesulfobium</i>	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0
<i>Dietzia</i>	0	3	14	2	8	3	6	6	4	3	1	2	2	5	3
<i>Leptolyngbya</i>	0	0	1	1	0	6	11	61	16	0	0	1	0	4	1
<i>Desulfococcus</i>	0	0	0	0	4	1	2	2	11	0	0	0	0	0	2
<i>Mycobacterium</i>	0	0	1	0	0	1	2	4	0	0	1	0	0	0	2
<i>Hylemonella</i>	0	18	5	6	9	13	11	8	5	1	3	2	3	1	4
<i>Methylomonas</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
<i>Virgibacillus</i>	0	1	0	0	0	2	0	0	0	0	2	1	2	1	0
<i>Rhodobium</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1
<i>Alkaliphilus</i>	0	7	6	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
<i>Sedimentomix</i>	0	5	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
<i>Dethiobacter</i>	0	0	3	0	1	4	12	2	7	0	0	0	0	0	0
<i>Sarcina</i>	0	3	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Perlucidibaca</i>	0	0	0	4	3	5	2	9	3	1	0	6	2	6	1
<i>Leucobacter</i>	0	15	36	14	24	13	37	33	24	13	7	22	26	10	12
<i>Parvibaculum</i>	0	0	0	0	1	1	0	2	2	0	0	1	0	0	0
<i>Denitratisoma</i>	0	0	1	26	41	51	40	56	55	10	18	23	19	18	20
<i>Anaerotruncus</i>	0	44	40	0	0	0	0	0	3	0	6	1	0	2	1
<i>Desulfonispota</i>	0	2	4	2	1	2	0	1	0	6	2	0	0	2	0
<i>Halanaerobacter</i>	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Isobaculum</i>	0	2	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

<i>Cyanobium</i>	0	3	12	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
<i>Citricoccus</i>	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>Kribbia</i>	0	6	6	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	2
<i>Thermincola</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	7	0	0	1	0	0
<i>Candidatus Gortzia</i>	0	0	0	0	1	0	5	0	0	0	0	1	5	0	2
<i>Thermoanaerobacterium</i>	0	14	23	1	1	0	1	1	1	2	0	0	0	1	0
<i>Alkanindiges</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	2	0	0	1	4
<i>Quinella</i>	0	0	1	0	0	1	1	2	0	1	1	5	0	5	0
<i>Marmoricola</i>	0	0	0	0	2	0	1	2	0	0	1	0	0	0	0
<i>Proteocatella</i>	0	0	0	0	0	3	0	0	0	1	0	1	0	5	0
<i>Candidatus Amoebophilus</i>	0	0	3	0	4	101	3	7	5	0	1	4	0	1	3
<i>Beggiatoa</i>	0	2	1	1	1	3	12	3	36	1	7	2	14	14	3
<i>Candidatus Brocadia</i>	0	0	0	0	2	0	3	1	1	0	0	0	0	0	1
<i>Thalassospira</i>	0	2	4	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Prochlorococcus</i>	0	0	0	1	0	0	0	7	0	0	0	7	1	1	2
<i>Gluconacetobacter</i>	0	0	0	0	2	0	1	1	1	0	2	0	0	0	1
<i>Xylophilus</i>	0	1	0	6	1	3	2	1	2	2	0	3	5	5	1
<i>Labrenzia</i>	0	0	0	0	2	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0
<i>Oleomonas</i>	0	0	3	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
<i>Reichenbachiella</i>	0	5	4	0	1	0	0	2	5	0	0	1	0	2	1
<i>Methylotenera</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	3	0	0