

II-420 – TRATAMENTO DE ÁGUAS RESIDUÁRIAS DE SUINOCULTURA EM REATORES ANAERÓBIOS HORIZONTAIS DE ALTA TAXA E ANÁLISE MICROBIANA DO LODO

Rose Maria Duda⁽¹⁾

Engenheira Química; Mestre e Doutora em Microbiologia Agropecuária pela Universidade Estadual Paulista (UNESP), Câmpus de Jaboticabal; Pós-doutoranda do Departamento de Eng. Rural da UNESP, Câmpus de Jaboticabal, Professora Assistente, da Faculdade de Tecnologia “Nilo de Stéfani” de Jaboticabal (FATEC-Jaboticabal).

Roberto Alves de Oliveira⁽²⁾

Engenheiro Agrônomo e Tecnólogo em Construção Civil; Mestre em Agronomia – Produção Vegetal pela UNESP, Câmpus de Jaboticabal; Doutor em Engenharia Civil - Hidráulica e Saneamento pela Escola de Engenharia de São Carlos (EESC/USP); Professor Assistente Doutor, Departamento de Engenharia Rural, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Câmpus de Jaboticabal.

Maria Inês Tiraboschi Ferro⁽³⁾

Bióloga, Mestre e Doutora em Genética pela Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto da Universidade de São Paulo, Professora Adjunta, Departamento de Tecnologia, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Câmpus de Jaboticabal.

Endereço^{(1), (2) e (3)}: Departamento de Engenharia Rural - Via de acesso Prof. Paulo Donato Castellane - s/n - Jaboticabal/SP - Cep. 14884-900 – Brasil - Tel: (16) 3209-2638 - e-mail: oliveira@fcav.unesp.br; roseduda@zipmail.com.br.

RESUMO

Uma nova combinação de reatores anaeróbios horizontais de alta taxa, em série, e construtivamente simples, foram utilizados para o tratamento de águas residuárias de suinocultura. Verificou-se valores estáveis de pH, alcalinidade e ácidos voláteis nos reatores. A produção específica média de metano foi de 0,30 m³ CH₄ (kg DQO_{total} removida). Segundo os dados do Illumina HiScan, aproximadamente 87% da microbiota do lodo foi representada pelo Domínio Bactéria e 7% pelo Domínio Archaea, destes observou-se que o Domínio Bactéria, as ordens Methanosarcinales, Methanobacteriales e Methanomicrobiales, as famílias Methanosarcinaceae e Methanobacteriaceae e o gênero Methanosarcina foram os mais representativos em diversidade microbiana.

PALAVRAS-CHAVE: Arquéias metanogênicas, Biogás, Energias renováveis, Illumina.

INTRODUÇÃO

A suinocultura é uma atividade de grande importância, pois a carne suína corresponde a aproximadamente 37% da proteína animal consumida no mundo (McGLONE, 2013). Conforme revisado por Deng et al., (2014), na China, Estados Unidos, Europa ocidental e outros países, a suinocultura especializou-se, diminuindo o número de criadores, mas aumentando o número de animais por fazenda e isto acarretou como consequência a concentração de dejetos em pequenas áreas. Soluções funcionalmente simples para o tratamento de águas residuárias de suinocultura com alta relação benefício/custo e apropriadas às realidades locais, devem ser estudadas. Entre as soluções destaca-se a digestão anaeróbia.

A aplicação da digestão anaeróbia, nas suas diversas formas, é uma tecnologia viável para implantação em países com regiões de clima tropical e subtropical, onde as condições climáticas são favoráveis à operação de reatores à temperatura ambiente. Essa tecnologia, em geral, é de baixo custo, robusta e os sistemas anaeróbios modernos vêm apresentando melhoria, com altas remoções de material orgânico e produção de metano, baixa produção de lodo, pequena demanda de área, entre outras vantagens (Duda e Oliveira, 2011; Shin et al., 2011). Nas propriedades rurais, os menores requisitos de área, de complexidade estrutural de construção podem configurar-se como vantagens para a utilização dos reatores anaeróbios horizontais com leito de lodo (RAHML) e leito fixo (RAHLF). Os reatores anaeróbios horizontais de alta taxa, com uma geometria tubular e fluxo horizontal contendo em seu interior biomassa imobilizada em suporte estacionário de espuma de

poliuretano foi proposta por ZAIAT et al. (1994) e foram extensivamente estudados no tratamento de esgoto doméstico, águas residuárias industriais e para a remoção de agentes tóxicos e recentemente no tratamento de águas residuárias de origem agropecuária e agroindustrial, como as águas residuárias provenientes do processamento de mandioca (COLIN et al., 2007).

As características das águas residuárias de suinocultura utilizadas neste trabalho, com baixas concentrações de sólidos totais podem favorecer a utilização dos RAHML e do RAHLF. Em alguns países asiáticos, conforme descrito por Yang et al., (2015) uma grande quantidade de água é usada na produção de suínos, para proporcionar o conforto térmico aos animais, pois possuem o sistema termoregulador deficiente (Lima et al., 2011) e para lavar os pisos. Assim a água residuária de suinocultura é produzida em grandes volumes com uma baixa concentração de nutrientes e de sólidos totais, cerca de 1 a 2%. Ainda segundo Yang et al., (2015), o teor médio de matéria seca (MS) nas águas residuárias de suinocultura de animais em terminação na China, é seis vezes menor que as descritas na Europa.

O tratamento anaeróbico de águas residuárias de suinocultura é um processo bioquímico com múltiplos estágios, que envolvem muitas espécies de micro-organismos simbióticos, nos quais o material orgânico complexo destas águas residuárias é hidrolisado, e fermentado em intermediários, principalmente ácidos graxos voláteis, que posteriormente serão reduzidos a metano e dióxido de carbono (KIM et al., 2012). Conforme revisado e citado por Urbinati e Oliveira (2014) utilizando-se reatores anaeróbios em série para o tratamento de águas residuárias de suinocultura é possível aumentar a remoção de sólidos suspensos, DQO, metais e coliformes, com a redução do TDH hidráulico e o aumento da estabilidade do sistema.

A separação das fases de hidrólise, fermentação e metanogênese em ambientes diferentes de reação também foi citado por Schievaro et al., (2014) como proposta para aumentar o desempenho global do processo, em termos de estabilidade, mas como descrito por Xiao et al., (2013) a separação completa da fase acidogênica da metanogênica é difícil, pois a atividade das metanogênicas na fase acidogênica é necessária para apoiar a interação sintrófica entre os diferentes grupos de micro - organismos.

O conhecimento da microbiota com o cruzamento de informações obtidas com as técnicas moleculares e os processos funcionais em reatores anaeróbios é fato muito recente. O sequenciamento do rDNA 16S tem oferecido detalhes sobre a composição da estrutura das comunidades microbianas anaeróbias, apontando inclusive a existência e a atuação de vários organismos que ainda não estavam descritos na literatura (Pervin et al. 2013). Em busca destas e outras informações, os sequenciadores da segunda geração, Roche-454 e a Solexa da Illumina estão gerando muita informação, com diminuição nos custos e tempo de trabalho laboratorial devido o uso da clonagem *in vitro* e de sistemas de suporte sólido para as unidades de sequenciamento.

Portanto, o objetivo do trabalho será a avaliação de quatro reatores anaeróbios horizontais de alta taxa, em série, para o tratamento de águas residuárias de suinocultura, quanto à produção de biogás e a microbiota presente no lodo.

MATERIAIS E MÉTODOS

O sistema de tratamento anaeróbico era composto por um reator anaeróbico horizontal com manta de lodo RAHML - (R1) e três reatores horizontais de leito fixo (RAHLF) - (R2, R3 e R4), em série, conforme ilustrado na Figura 1. Foi utilizado como meio suporte nos reatores anaeróbios horizontais de leito fixo R2, R3 e R4, anéis plásticos de eletroduto corrugado com índice de vazios de 87%.

Os reatores anaeróbios horizontais foram construídos com tubos de policloreto de vinila (PVC), com 6 m de comprimento e diâmetro interno de 249; 200; 150 e 100 mm, resultando em volumes úteis de 292; 164; 91 e 41 L, respectivamente. Os tempos de detenção hidráulica (TDH) aplicados nos reatores anaeróbios horizontais foram de 12,0; 6,72; 3,60 e 1,68 horas, para o R1, R2, R3 e R4, respectivamente. Os dejetos de suínos utilizados como afluente nos reatores anaeróbios horizontais foram coletados diariamente, em confinamento de suínos em fase de crescimento e terminação, alimentados com ração à base de milho e soja, com complemento vitamínico e mineral. A temperatura média observada durante a operação dos reatores foi de 22,6 °C, com coeficiente de variação de 15%.

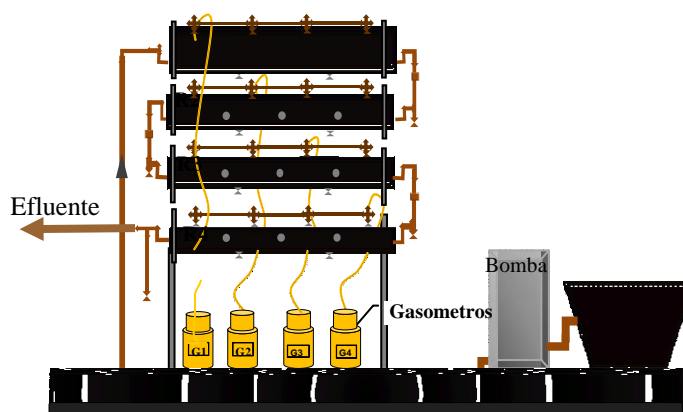


Figura 1. Sistema de tratamento anaeróbico, composto por quatro reatores anaeróbios em série (R1, R2, R3 e R4).

Os reatores anaeróbios horizontais R1, R2, R3 e R4 foram inoculados, preenchendo-se 30% do volume útil, com lodo proveniente de reatores UASB que tratavam águas residuárias de suinocultura. Os valores de sólidos totais e voláteis do inoculo foram de 61,2 e 41,9 g L⁻¹, respectivamente.

A avaliação de desempenho da unidade experimental se baseou na monitorização da água residuária de suinocultura bruta afluente e do efluente dos reatores, com frequência de amostragem de duas vezes por semana. Os parâmetros determinados foram demanda química de oxigênio total (DQO_{total}), e demanda química de oxigênio dissolvida (DQO_{diss}), sólidos suspensos totais (SST), sólidos suspensos voláteis (SSV), pH, alcalinidade parcial (AP), segundo metodologias descritas por APHA, AWWA, WPCF (2005). O volume de biogás produzido foi monitorado diariamente por meio de medidas em gasômetros, e a composição do biogás foi analisada semanalmente em cromatografia gasosa, conforme descrito por APHA, AWWA, WPCF (2005).

Para analisar o consórcio microbiano, através do sequenciamento de nova geração (Illumina), foram coletadas amostras do lodo, na porção intermediária dos reatores anaeróbios horizontais, após o período de estabilidade dos reatores (196 dias de operação), baseado na produção de biogás. O DNA genômico foi extraído em triplicate, de 0,35 mg de lodo obtido de cada reator (R1, R2, R3 e R4) usando o kit PowerSoil® DNA Isolation Kit (MO BIO Laboratories, Carlsbad, California). A qualidade do DNA foi analisada utilizando o NanoDrop-1000 (Thermo Scientific, Wilmington, DE, USA). O sequenciamento do DNA das amostras de cada reator foi realizado no HiScan Illumina platform by 2 x 100 pb na UNESP, Campus de Jaboticabal. As sequências geradas pelo Illumina foram anotadas e analisadas através do MG-RAST ([http:// metagenomics.anl.gov/](http://metagenomics.anl.gov/)) que é um servidor de aplicações web de código aberto que sugere a análise filogenética e funcional automática de metagenomas (Glass, 2010; Meyer et al., 2008).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Primeiramente foram avaliados os parâmetros físicos químicos dos reatores anaeróbios horizontais. Os valores médios de demanda química de oxigênio total (DQO_{total}) e demanda química de oxigênio dissolvida (DQO_{diss}) aplicados no R1 foram de 5.314 e 1507 mg L⁻¹, implicando em cargas orgânicas volumétricas médias (COV) de 12 (R1), 11 (R2), 18 (R3) e 33 (R4) g DQO_{total} (L d)⁻¹. Os valores de DQO_{total} do afluente são próximas as observadas por Yang et al., (2015), de 5692 mg L⁻¹, e estes baixos valores decorrem da utilização de grandes volumes de água, necessários para proporcionar o conforto do animal e da necessidade de limpeza diária dos pisos, em virtudes das elevadas temperaturas. A concentração média de ácidos voláteis totais (AVT) no afluente (1014 mg L⁻¹) equivaleu a 67% da DQO_{diss} e os valores de SSV (2781 mg L⁻¹) corresponderam a 72% dos sólidos totais (3862 mg L⁻¹) no afluente. Estes valores são similares aos observados por Shin et al., (2011) em águas residuárias de suinocultura, e que segundo os pesquisadores indicam uma mistura heterogênea de substratos prontamente disponíveis para os micro – organismos acidogênicos e metanogênicos.

Foram observadas eficiências de remoção de DQOtotal, DQOdiss, SST e SSV de 47, 7, 50 e 48% e de 68, 41, 72 e 75%, para R1 e o sistema R1+R2+R3+R4 (Figura 2), respectivamente.

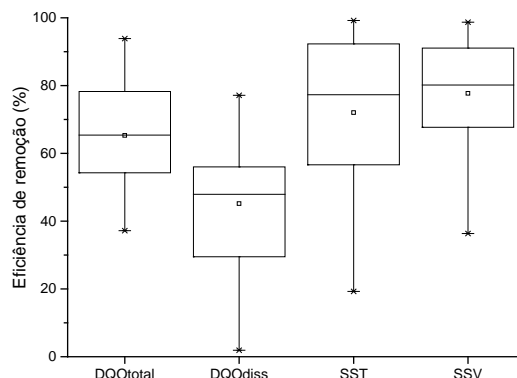


Figura 2. Eficiências médias de remoção da demanda química de oxigênio total (DQOtotal), demanda química de oxigênio dissolvida (DQOdiss), sólidos suspensos totais (SST) e sólidos suspensos voláteis (SSV) para o conjunto de reatores anaeróbios horizontais (R1+R2+R3+R4).

O R1 foi responsável pela remoção de grande parte do material orgânico, que pode ter ocorrido em virtude do TDH aplicado, de 12 horas, que é equivalente ao TDH do R1, R2 e R3 somados. Embora os reatores R2, R3 e R4 tenham apresentado menores eficiências, contribuíram para a estabilidade na remoção de material orgânico do sistema estudado.

As eficiências médias de remoção de DQOtotal do conjunto de reatores anaeróbios horizontais (R1+R2+R3+R4) (Figura 2) aplicando-se um TDH de 1d, foram pouco inferiores as observadas por SONG et al., (2010) tratando águas residuárias de suinocultura em um reator UASB, com TDH de 6,4 vezes superior e COV de 2,3 g DQOtotal (L d)⁻¹, que observou eficiências médias de remoção de DQOtotal de 74%. Portanto, os sistemas compostos pelos reatores anaeróbios horizontais, em série, podem ser uma excelente alternativa para o tratamento de águas residuárias de suinocultura, com boas remoções de material orgânico e baixo TDH e altas COV.

Foram observados valores médios decrescentes nas concentrações de ácidos voláteis totais (AVT), de 754 para 595, 546 e 528 mg L⁻¹, no R1, R2, R3 e R4, respectivamente. No afluente foram observados valores médios de pH de 6,9. Observou-se que nos efluentes dos reatores os valores de pH superiores aos do afluente, de 7,1 (R1) e 7,2 (R2, R3 e R4), indicando a capacidade de tamponamento dos reatores, em virtude da remoção de ácidos voláteis. Os valores de pH do efluente dos reatores anaeróbios horizontais estão dentro da faixa ótima para a digestão anaeróbia é de 7,8 a 7,2 (WARD et al., 2008).

Os valores médios de alcalinidade total (AT), parcial (AP) e intermediária (AI) no afluente foram de 1968, 1095 e 872 mg L⁻¹, respectivamente. No efluente do reator R4 os valores de AT e AP aumentaram para 2368 e 1707 mg L⁻¹, respectivamente. Os maiores valores de AT no efluente dos reatores anaeróbios do que nos seus afluentes indicam que houve incremento de alcalinidade, proporcionando capacidade tampão aos reatores. O aumento da alcalinidade total (AT) ocorreu em virtude do acréscimo na concentração de bicarbonato, como pode ser observado por meio dos aumentos acentuados dos valores médios da alcalinidade parcial (AP) nos efluentes do R1, R2, R3 e R4, de 1465, 1451, 1664 e 1707 mg L⁻¹, em relação à do afluente, de 1095 mg L⁻¹ respectivamente. A alcalinidade intermediária (AI), proporcionada pelos ácidos graxos voláteis, diminuiu no afluente, de 872 mg L⁻¹ no afluente para 743, 946, 700 e 661 mg L⁻¹ nos efluentes do R1, R2, R3 e R4, respectivamente, indicando o consumo destes ácidos. As percentagens de metano no biogás foram similares, de 79%, nos quatro reatores anaeróbios horizontais e as produções volumétricas de metano médias foram de 1,15 (R1), 0,91 (R2), 0,88 (R3) e 1,00 (R4) e 1,03 (R1+R2+R3+R4) m³ CH₄ (m³ d)⁻¹, conforme pode ser observado na Figura 3.

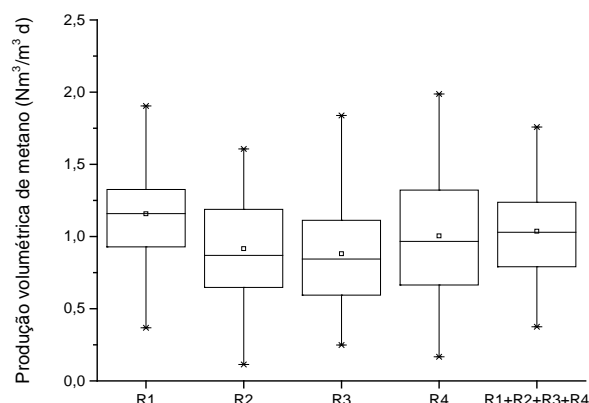


Figura 3. Produção volumétrica de metano para os reatores anaeróbios horizontais em série (R1, R2, R3 e R4) e o conjunto de reatores anaeróbios horizontais (R1+R2+R3+R4).

A produção específica de metano foi de 0,25 (R1); 0,24 (R2); 0,23 (R3); 0,18 (R4) e 0,30 (R1+R2+R3+R4) L CH₄ (g DQO_{total} removida). O decréscimo na produção específica de metano no R4, pode ter ocorrido em virtude do aumento da fração de matéria orgânica recalcitrante no seu efluente e também do baixo TDH e aumento da cov média para valores de 33 g DQO_{total} (L d)⁻¹.

Observa-se que no R2, R3 e R4 permaneceu a produção de metano, dessa forma eles contribuíram para o aumento da conversão da DQO a metano a partir das águas residuárias de suinocultura indicando a utilização do sistema com os reatores em série. Isto pôde ser evidenciado pela obtenção de valores de produção específica de metano próximo ao teórico de 0,35 L CH₄ (L DQO_{removida})⁻¹. O valor de produção específica de metano obtida para o sistema (R1+R2+R3+R4) indica que é possível manter altas conversões, mesmo aplicando-se baixos TDH, e consequentemente reduzindo o tamanho do sistema, quando utilizou-se os reatores anaeróbios horizontais de alta taxa, instalados em série. Song et al. (2010) tratando água residuárias de suinocultura em um reator UASB, obtiveram valores similares de 0,28; 0,33; 0,31 e 0,29 m³ CH₄ (kg DQO_{total} removida), aplicando TDH superiores, de 7,0; 6,4; 5,0 e 3,5 d, respectivamente.

Os resultados da metagenômica, utilizando o sequenciamento de segunda geração, Illumina HiScan permitiram a detecção de uma grande diversidade de bactérias e arqueias presentes no lodo dos reatores anaeróbios horizontais R1, R2, R3 e R4. A maior diversidade microbiana foi observada para o Domínio Bactéria (Figura 4). Isto porque as bactérias realizam a hidrólise, a acidogênese e a acetogênese dos compostos simples e complexos das águas residuárias de suinocultura e para isso há necessidade da presença no lodo várias espécies diferentes.

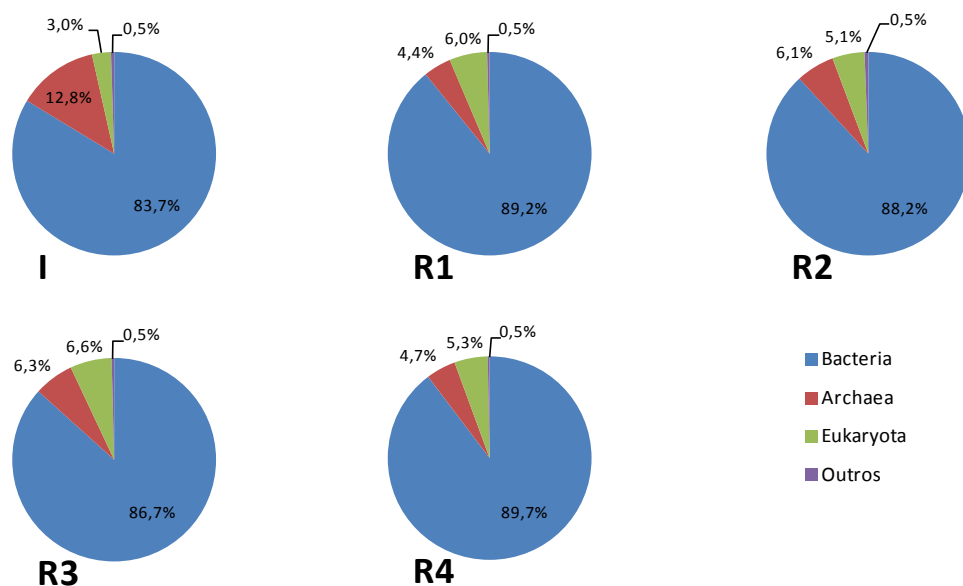


Figura 4. Distribuição taxonômica dos Domínios encontrados nas amostras de lodo do inoculo e dos reatores anaeróbios de alta taxa para o tratamento de águas residuárias de suinocultura. Inoculo (I); reatores (R1, R2, R3 e R4). Resultado baseado no sequenciamento de nova geração (Illumina).

Essa maior representatividade é ampliada pela predominância de sólidos suspensos orgânicos nas águas residuárias de suinocultura as quais necessitam das bactérias para a hidrólise extracelular das proteínas, dos carboidratos e dos lipídeos em aminoácidos, açúcares e ácidos graxos para a produção, também pelas bactérias, de ácidos graxos de cadeia longa, ácidos graxos voláteis, alcoóis e cetonas, e finalmente acetato, CO₂ e H₂ os quais serão utilizados pelas arqueias metanogênicas para a formação do biogás.

O Domínio Bactéria é composto por 26 filos segundo Taxonomy Browser NCBI 2014 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/guide/taxonomy/>). Alguns destes filos consistem em uma ou poucas espécies, mas existem filos representativos, como por exemplo, os filos Proteobacteria, Bacteroides, Firmicutes e Actinobacteria que foram encontrados nos lodos de inoculo (I) e dos reatores R1, R2, R3 e R4 (Tabela 2).

O filo Proteobacteria aparece como o mais abundante no lodo do inoculo e no lodo dos R1, R2, R3 e R4. Liu et al. (2015) observaram maior abundância relativa do Filo Proteobacteria em águas residuárias de suinocultura, em virtude de ser o filo mais abundante no trato digestivo dos suínos e no ambiente das fazendas. Consequentemente, dessas bactérias, as facultativas e anaeróbias estritas, estão permanecendo ativas no lodo dos reatores anaeróbios. Normalmente as bactérias do filo Proteobacteria encontram-se em ambientes com alto teor de nutrientes e matéria orgânica, fezes de mamíferos e seu papel principal está relacionado à decomposição da matéria orgânica (Kopecky et al., 2011). Observou-se aumento da distribuição taxonômica do filo proteobacteria do inoculo para o lodo dos reatores, o que está associado ao aumento das cargas orgânicas e consequentemente da atividade de decomposição da matéria orgânica nos reatores anaeróbios horizontais.

O filo Firmicutes inclui muitas bactérias da classe Clostridia e é responsável pela degradação de material orgânico complexo (Wirth et al., 2012) e da fermentação do ácido lático e do ácido acético (Jang et al., 2014). Tipicamente as bactérias que pertencem ao filo dos Bacteroides produzem várias enzimas líticas e ácido acético durante a degradação de material orgânico (Jang et al., 2014). As actinobactérias são responsáveis pela produção de ácido propiônico (Gao e Gupta, 2005).

O perfil dos filos encontrados também foi observado por Kim et al, (2013) em ambientes anaeróbios. Observando-se a Tabela 2, verifica-se que a distribuição taxonômica dos Filos das bactérias nos reatores R1, R2, R3 e R4 são similares, mesmo aplicando-se COV de até 33 g DQOtotal (L d)⁻¹ no R4.

Dentre os cinco filos mais representativos, aparece também o Euryarchaeota, representante do domínio Archaea, sendo este o responsável pela produção do metano.

Tabela 2. Distribuição taxonômica dos Filos (em %) dos Domínios Bacteria e Archaea encontrados nas amostras de lodo do inoculo e dos reatores anaeróbios horizontais de alta taxa para o tratamento de águas residuárias de suinocultura.

	Inoculo	Reator 1	Reator 2	Reator 3	Reator 4
Proteobactéria	35,6	44,8	40,6	40,6	44,4
Bacteroids	13,9	13,1	11,2	12,5	13,8
Firmicutes	14,5	9,0	13,7	11,4	8,5
Actinobacteria	6,0	7,8	7,1	6,2	7,2
Euryarcheota	12,3	6,1	5,7	5,9	5,3
Outros	17,7	19,2	21,7	23,4	20,8

Resultado percentual baseado no sequenciamento de nova geração (Illumina)

O metano pode ser produzido pelas arqueias metanogênicas acetoclásticas e hidrogenotróficas em diferentes condições ambientais e operacionais dos reatores (Franke-Whittle et al., 2014). Assim, as Archaeas, embora contabilizadas com menor diversidade genética do que as bactérias apareceram no inoculo e em todos os reatores, visto que as condições impostas aos reatores anaeróbios horizontais permitiram manter altas produções de metano. Destacaram-se as ordens Methanosarcinales (famílias Methanosarcinaceae e Methanosaetaceae), Methanobacteriales (família Methanobacteriaceae) e Methanomicrobiales (família Methanomicrobiaceae). Os gêneros mais representativos foram a Methanosarcina com 8%, Methanosaeta acima de 2%, e Methanothermobacter, Methanobrevibacter e Methanoculleus abaixo de 2% de diversidade (Figura 5). Essa representatividade das arqueias, confirmam o papel fundamental da manutenção no lodo de populações de metanogênicas acetoclásticas e hidrogenotróficas pela estabilidade que garantem ao processo, para as altas produções de biogás, com a conversão equilibrada do ácido acético e do H₂ e CO₂ a metano (Song et al. 2010; Franke-Whittle et al. 2014).

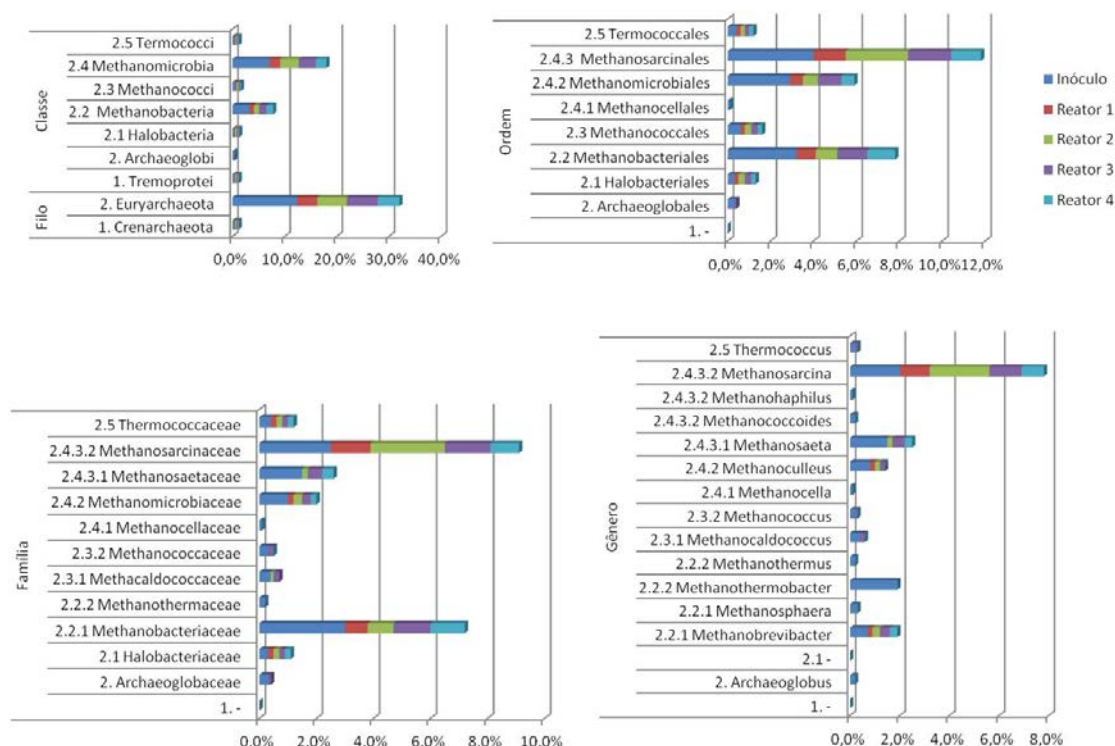


Figura 6 Diversidade taxonômica do grupo Archaea encontrada nas amostras de lodo do inoculo e dos reatores anaeróbios de alta taxa no tratamento de águas residuárias de suinocultura. Resultado obtido pelo Illumina (Metagenoma).

CONCLUSÕES

Apresentamos neste trabalho uma nova configuração e combinação de reatores anaeróbios horizontais de alta taxa, em série, onde foram obtidas as altas produções volumétrica ($1,03 \text{ m}^3 \text{ CH}_4 (\text{m}^3 \text{ reator d}^{-1})$) e específica ($0,30 \text{ L CH}_4 (\text{g DQO}_{\text{total}} \text{ removida})^{-1}$) de metano com TDH baixo (2 a 12 h) e COV de 10 a 30 g DQO (L d^{-1}). Para isso houve um equilíbrio na quantidade das principais representantes da microbiota dos reatores anaeróbios horizontais. Isto indica que é possível diminuir os volumes, utilizando os reatores anaeróbios horizontais em série, para o tratamento de águas residuárias de suinocultura com baixa concentração de sólidos.

AGRADECIMENTOS

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPQ), a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) e a Fundação para o desenvolvimento da UNESP – FUNDUNESP pelo apoio financeiro.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. APHA. AWWA, WPCF. Standard methods for the examination of water and wastewater. 18 th. Washington, 2005.
2. Colin, X.; Farinet, J.-L.; Rojas, O.; Alazard, D. Anaerobic treatment of cassava starch extraction wastewater using a horizontal flow filter with bamboo as support. *Bioresource Technology*, 98, 1602 – 1607. 2007
3. Deng, L.; Li, Y.; Chen, Z.; Liu, G.; Yang, H. Separation of swine slurry into different concentration fractions and its influence on biogas fermentation. *Applied Energy*. 114, 504–511. 2014.

4. Duda, R. M.; Oliveira, R. A. Tratamento de águas residuárias de suinocultura em reator UASB e filtro anaeróbico em série seguidos de filtro biológico percolador. *Engenharia Sanitária e Ambiental*. 16, 91-100. 2011.
5. Franke-Whittle, I.H., et al. Investigation into the effect of high concentrations of volatile fatty acids in anaerobic digestion on methanogenic communities. *Waste Management*. 34, 2080–2089. 2014.
6. Gao, B.; Gupta, R. S. Conserved indels in protein sequences that are characteristic of the phylum Actinobacteria. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 55, 2401–2412. 2005.
7. Jang, H. M.; Kim, J. H.; Ha, J. H.; Park, J. M. Bacterial and methanogenic archaeal communities during the single-stage anaerobic digestion of high-strength food wastewater. *Bioresource Technology*. 165, 174–182. 2014.
8. Kim, W. et al.. Comparison of methanogenic community structure and anaerobic process performance treating swine wastewater between pilot and optimized lab scale bioreactors. *Bioresource Technol.* 145, 48-56. 2013.
9. Kopecky, J. Actinobacterial community dominated by a distinct clade in acidic soil of a waterlogged deciduous forest. *FEMS Microbiol Ecology*. 78, 386-394. 2012.
10. Lima, A. L.; Oliveira, R. F. M. de; Donzele, J. L.; Fernandes, H. C.; Campos, P. H. R. F.; Antunes, Lima, M. V. de. Resfriamento do piso da maternidade para porcas em lactação no verão. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 40, 804 – 811. 2011.
11. Liu, A. C.; Chou, C. Y.; Cheng, L. L.; Kuo, H. Bacterial community dynamics in a swine wastewater anaerobic reactor revealed by 16S rDNA sequence analysis. *Journal of Biotechnology*, 194, 124–131. 2015.
12. Mcglone, J. J. The Future of Pork Production in the World: Towards Sustainable, Welfare-Positive Systems, *Animals*. 3, 401-415. 2013.
13. Ripley, L. E.; Boyle, W. C. Converse, J. C. Improved alkalimetric monitoring for anaerobic digestion of high-strength wastes. *Journal Water Pollution Control Federation*, 58, (5), 406-411. 1986.
14. Schievano, A., Tenca, A.; Lonati, S.; Manzini, E.; Adani, F. Can two-stage instead of one-stage anaerobic digestion really increase energy recovery from biomass? *Applied Energy*, 124, 335–342. 2014.
15. Shin, S. G.; Yoo, S.; Hwang, K.; Song, M.; Kim, W.; Han, G.; Hwang, S. Dynamics of transitional acidogenic community along with methanogenic population during anaerobic digestion of swine wastewater. 46, 1607 – 1613. 2011.
16. Song, M., Shin, S. G., Hwang, S. Methanogenic population dynamics assessed by real-time quantitative PCR in sludge granule in upflow anaerobic sludge blanket treating swine wastewater. *Bioresource Technology*. 101, S23-S28. 2010.
17. Urbinati, E. Oliveira, R. A. Anaerobic-aerobic treatment of swine wastewater in UASB and batch reactors in serie. *Engenharia Agrícola*, 34, 124-142. 2014.
18. Ward, A. J.; Hobbs, P. J.; Holliman, P. J.; Jones, D. L. Review: Optimisation of the anaerobic digestion of agricultural resources. *Bioresource Technology*. 99, 7928–7940. 2008.
19. Wirth, R.; Kovács, E.; Maróti, G.; Gagi, Z.; Rákhely, G.; Kovács, K. Characterization of a biogas-producing microbial community by short-read next generation DNA sequencing. *Biotechnology for Biofuels*, 5:41, 2 -16. 2012.
20. Xiao, K. K.; Guo, C. H.; Zhou, Y.; Maspolim, Y.; Wang, J. Y.; Ng, W. J. Acetic acid inhibition on methanogens in a two-phase anaerobic process. *Biochemical Engineering Journal*. 75, 1– 7. 2013.
21. Yang, D.; Deng, L.; Zheng, D.; Liu, G.; Yang, H.; Wang, L. Separation of swine wastewater into solid fraction, concentrated slurry and dilute liquid and its influence on biogas production. *Fuel*. 144, 237–243. 2015.
22. Zaiat, M., Cabral, A.K.A., Foresti, E. Reator anaeróbico horizontal de leito fixo para tratamento de águas residuárias: concepção e avaliação preliminar de desempenho. *Revista Brasileira de Engenharia - Caderno de Engenharia Química*, v.11, n.2, 33-42. 1994.