



Bruno Assis Pessi

**Modelagem e otimização do tratamento de esgoto sanitário
utilizando microalgas**

Relatório de Pós-doutorado realizado na
Universidade Estadual Paulista (UNESP),
Faculdade de Engenharia de Bauru,
Departamento de Engenharia Civil e
Ambiental

Supervisor: Prof. Dr.
Gustavo Henrique Ribeiro da Silva

CAPES-PRInt - 88887.839037/2023-00

Bauru
2024

Resumo

A poluição da água, intensificada por emissões industriais, práticas agrícolas e urbanização, é uma preocupação crescente. Abordagens inovadoras de tratamento de efluentes visam reduzir emissões de gases de efeito estufa e promover economias circulares. Microalgas se destacam como uma solução promissora, eficaz na recuperação de nutrientes e produção de biomassa. Dada a complexidade do tratamento biológico de efluentes, a modelagem é essencial para a operação ótima do sistema. Este estudo se concentrou na modelagem dinâmica da comunidade microbiana durante o tratamento de esgoto sanitário, utilizando dados experimentais para calibrar e validar modelos. Expandimos o modelo ALBA para prever a composição microbiana, e calibramos um modelo para a produção de biomassa em fotobiorreatores tubulares em biofilmes. Também validamos um modelo de remoção de patógenos, destacando os mecanismos envolvidos. Os resultados indicam que os modelos desenvolvidos são promissores para elaborar estratégias de controle e otimização, reforçando a importância de continuar desenvolvendo métodos para melhorar a previsão dinâmica da comunidade microbiana durante o tratamento de efluentes.

Objetivos

- Extensão do modelo ALBA para predição dinâmica da comunidade microbiana durante tratamento de esgoto sanitário.
- Elaboração de modelo para prever a produção de biomassa e formação de biofilme em fotobiorreator contendo meio suporte.
- Extensão de modelo para predição de remoção de organismos patogênicos em fotobiorreator com meio suporte.

1. Introdução

A poluição da água tem se tornado uma preocupação crescente nas últimas décadas devido a emissões industriais, práticas agrícolas e crescimento urbano (Jones et al., 2021). Atualmente, aproximadamente 771 milhões de pessoas ainda enfrentam condições de saneamento inadequadas, sem acesso à água potável (Nordio et al., 2023). O saneamento evoluiu para incluir a proteção ambiental e a mitigação das mudanças climáticas, com novas abordagens de tratamento de efluentes que visam reduzir a emissão de gases de efeito estufa, minimizar rejeitos e promover economias circulares (Plöhn et al., 2021; Sharma et al., 2022; Yu et al., 2023). Dentro deste contexto, o uso de microalgas para tratamento de efluentes é uma alternativa promissora, pois elas produzem biomassa e reduzem emissões de CO₂ e CH₄ (Acién et al., 2016). Microalgas também são eficientes na recuperação de nitrogênio e fósforo das águas residuais, superando tecnologias de tratamento atuais (Casagli et al., 2021; Zhang et al., 2021), e possuem maior eficiência fotossintética, sendo vantajosas para produção de biomassa (Barsanti and Gualtieri, 2018). A biomassa das microalgas tem potencial para a produção de biocombustíveis, com capacidade de acumular grandes quantidades de lipídios em condições de privação de nitrogênio (Bernard, 2011). A viabilidade econômica desse processo é reforçada pela comercialização de metabólitos primários e secundários de alto valor agregado, apesar de serem produzidos em menor volume (Barsanti and Gualtieri, 2018). Por essas razões, o cultivo de microalgas em larga escala tem sido integrado ao tratamento de efluentes, aproveitando nutrientes presentes e reduzindo custos.

As microalgas são cultivadas principalmente em lagoas abertas (raceways) e fotobiorreatores. Cerca de 90% da biomassa de microalgas mundial vem de lagoas abertas, que são vantajosas por serem de baixo custo e fácil operação. Em contrapartida, os fotobiorreatores, embora mais caros, oferecem maior produtividade e eficiência na transferência de gases (Schade and Meier, 2019). Recentemente, a produção de microalgas em biofilmes tem ganhado destaque por permitir a coleta simples da biomassa e aumentar a produtividade devido à simbiose entre bactérias e microalgas (Patwardhan et al., 2024).

Sistemas biológicos têm complexidades e interações não lineares que dificultam a operação ótima. O cultivo de microalgas é ainda mais desafiador devido à operação em estado transiente, influenciada por variações de luz e temperatura ao longo do dia e das estações (Bernard, 2011; Pessi et al., 2022). A intensidade luminosa é particularmente complexa devido à sua atenuação no reator, causada pela absorção e dispersão da luz por partículas (Martínez et al., 2018). Essas variações afetam o crescimento dos microrganismos, influenciando pH, oxigênio dissolvido e concentração de CO₂ (Casagli et al., 2021). No tratamento de efluentes, a simbiose alga-bactéria é crucial. As bactérias aumentam o crescimento das algas excretando vitaminas e outros metabólitos e facilitam a coleta da biomassa por floculação (Fallahi et al., 2021; Ramanan et al., 2016). A troca de CO₂ e O₂ entre microalgas e bactérias reduz custos de aeração, diminuindo significativamente os custos operacionais (Zhang et al., 2021). A estrutura da comunidade bacteriana, como o uso de lodo ativado, melhora a remoção de nitrogênio e fósforo (Yu et al., 2023). Além da simbiose, a remoção de bactérias patogênicas é essencial (Pompei et al., 2024). Conhecer a estrutura da comunidade microbiana melhora a performance de modelos matemáticos na previsão de processos ecológicos (Graham et al., 2016).

A modelagem é uma ferramenta crucial para a otimização de processos, contudo, poucos modelos abrangentes de tratamento de efluentes utilizando microalgas estão disponíveis (Nordio et al., 2024). A maioria dos modelos existentes foca em aspectos específicos, como o efeito da intensidade luminosa e da temperatura (Béchet et al., 2013; Nordio et al., 2024). Em relação à comunidade microbiana, os modelos abrangentes geralmente consideram apenas duas categorias de bactérias, as heterotróficas e as nitrificantes, além da concentração de microalgas (Casagli et al., 2021; Nordio et al., 2024). Por exemplo, no modelo ALBA (Casagli et al., 2021), as bactérias nitrificantes são subdivididas em oxidantes de amônia e oxidantes de nitrito, totalizando quatro componentes biológicos no modelo. Entretanto, a diversidade bacteriana é extremamente grande, com cerca de 1 bilhão de filotipos (*phylotypes*) bacterianos presentes em lodos ativados globalmente. Sendo a composição desta comunidade sensível às características abióticas do efluente (Liu et al., 2023). Como

resultado, esses modelos têm limitações na sua capacidade de previsão ao longo do tempo de tratamento.

Este trabalho aborda a modelagem do tratamento de esgoto sanitário com microalgas, focando em três casos específicos. O primeiro, e mais significativo, envolve a expansão do modelo ALBA para uma modelagem detalhada da comunidade microbiana no tratamento de esgoto. O segundo caso explora a modelagem de fotobiorreatores tubulares verticais com meio suporte, lidando com o desafio de representar um sistema heterogêneo. O terceiro caso investiga a eficiência na remoção de organismos patogênicos durante o tratamento com microalgas. A aplicação da modelagem nesses três casos demonstra a eficácia dos métodos propostos para representar o processo e sugere estratégias de otimização, além de destacar o potencial para o desenvolvimento e aprimoramento dos métodos discutidos.

2. Metodologia

2.1. Modelagem comunidade microbiana com modelo ALBA

2.1.1. Dados experimentais

Dados para a extensão do modelo ALBA foram adquiridos a partir de experimentos usando um fotobiorreator piloto de painel plano (50L), operado em modo batelada, na UNESP Bauru, com esgoto sanitário anaerobicamente digerido. Os experimentos foram conduzidos ao longo de um período de sete dias cada. DNA genômico foi extraído das amostras coletadas e amplificado nas regiões V3/V4 do gene 16S para abordar a comunidade procariótica e 18S para eucariótica. A composição da comunidade microbiana foi determinada tanto no início quanto no final do período de cultivo. As abundâncias das espécies foram determinadas com base nas abundâncias relativas de variantes de sequência de amplicon (ASV). Durante os experimentos, a temperatura e a intensidade da luz foram continuamente monitoradas. Além disso, vários parâmetros físico-químicos foram medidos, incluindo nitrogênio total, amônia,

nitrato, nitrito, fósforo total, fosfato, alcalinidade, turbidez, sólidos suspensos totais, fixos e voláteis, densidade celular e concentração de clorofila no início, no terceiro dia e no final do período de cultivo.

2.1.2. Modelo

Uma das maneiras de representar um reator contendo microrganismos é através de um sistema de equações diferenciais. No caso do modelo ALBA (Casagli et al., 2021), um sistema de equações diferenciais ordinárias é utilizado para descrever a evolução do sistema, tanto de variáveis abióticas como bióticas, baseando-se no balanço de massa dos átomos de carbono, nitrogênio, fósforo, hidrogênio e oxigênio. O modelo ALBA considera quatro categorias de microrganismos: microalgas, bactérias heterotróficas, bactérias oxidantes de amônia e bactérias oxidantes de nitrito. Para as variáveis abióticas, o modelo ALBA prevê a modelagem das formas de nitrogênio, fósforo, carbono orgânico e inorgânico, concentração de oxigênio, pH, equilíbrio das espécies químicas e trocas gasosas com o meio externo. No total, são considerados 19 processos biológicos e 17 variáveis de estado.

Em modelos dinâmicos a concentração das espécies biológicas pode ser escrita da seguinte forma geral para um reator contínuo e homogêneo:

$$\frac{dX}{dt} = (\mu(\cdot) - D)X$$

onde X é a concentração da biomassa, μ é a taxa de crescimento líquida, D é a taxa de diluição (inverso do tempo de retenção no reator). No caso do modelo ALBA, a taxa de crescimento bruta de uma espécie i ($\mu_{i, \text{crescimento}}$) é escrita da seguinte forma geral:

$$\mu_{i, \text{crescimento}} = \mu_{max,i} f_{T,i} f_{pH,i} f_I \frac{K_{i,n}}{K_{i,n} + S_n} \min\left(\frac{S_j}{K_{i,j} + S_j}\right) X_i$$

em que $\mu_{max,i}$ é a taxa de crescimento específica máxima; $f_{T,i}$, $f_{pH,i}$ e f_I são as funções que descrevem a dependência da temperatura, do pH e da luz, respectivamente. K_n é a constante de inibição do substrato inibidor S_n , $K_{i,j}$ é a constante de meia saturação do

substrato limitante S_j . Por fim, a taxa de crescimento líquida é calculada pela diferença entre a taxa de crescimento bruta e uma taxa de respiração e decaimento/mortalidade, a qual possui uma equação similar à da taxa de crescimento acima.

$$\mu_i(.) = \mu_{i,crescimento}(.) - r_{i,respiração}(T, pH, O_2) - r_{i,decaimento}(T, pH)$$

O modelo ALBA pode prever mudanças no tratamento ao longo do ano, em diferentes condições de luz e temperatura. No entanto, como o modelo ALBA não prevê uma mudança na estrutura da comunidade, a capacidade de predição ao longo das estações do ano podem ficar severamente prejudicadas, já que a composição da comunidade microbiana depende do esgoto a ser tratado, e das condições abióticas do tratamento.

A fase inicial deste trabalho foca na extensão do modelo ALBA para incluir a comunidade microbiana, sem considerar as redes metabólicas dos microrganismos. Este estudo, aceito para apresentação na conferência Photorefineries 2024, representa a primeira versão de um modelo dinâmico da evolução da comunidade microbiana durante o tratamento de efluentes. Primeiramente, a técnica utiliza informações da comunidade microbiana obtidas através de técnicas genômicas, sendo a composição da comunidade estimada pela proporção de *amplicon sequence variants* (ASVs) de cada organismo. Apenas organismos com um valor mínimo de ASV são incluídos na simulação. Após identificar os organismos a serem representados, eles são agrupados conforme um critério específico; neste trabalho inicial, foram agrupados pelo gênero taxonômico.

Após determinação do grupo de microrganismos que serão representados no sistema é necessário a criação das respectivas equações diferenciais que representarão a evolução destes organismos no sistema. Para tal, é necessário uma primeira determinação da função destes organismos no sistema. Nesta primeira iteração da metodologia, apenas acrescenta-se a função geral do organismo sem estudo da sua rede metabólica. Logo, supõe-se que o microorganismo irá cumprir uma função metabólica de forma geral, sem adição de uma nova reação metabólica específica.

Neste primeiro trabalho adicionou-se grupos de organismos anaeróbicos. Estes organismos apresentam taxa de mortalidade elevada devido às condições aeróbicas do tratamento, podendo-se negligenciar a taxa de crescimento. Além disso, as espécies compondo o grupo de bactérias heterotróficas foram identificados separadamente.

2.2. Experimentos em fotobiorreatores tubulares verticais

Os dados experimentais usados para calibrar os modelos de remoção de patógenos e produção de biomassa em biofilme foram obtidos de experimentos realizados em fotobiorreatores tubulares verticais operados em modo semi-contínuo (5 mm de espessura, 104 mm de diâmetro interno e 1000 mm de altura; volume total usado de 5,5 L em cada um). Os reatores foram operados em duplicatas biológicas, sendo que os dois primeiros, denominados Controle, não utilizaram meio suporte. Os reatores, denominados 20g, foram preenchidos com 20g de suporte mini Biobob[®], o que representa uma área de superfície de $67,36 \pm 0,01 \text{m}^2$. Os reatores, denominados 30g, foram preenchidos com 30g de mini Biobob[®], o que representa uma área de superfície de $100,95 \pm 0,11 \text{m}^2$. Na modelagem de remoção de patógenos consideramos o reator controle como R_0 e o reator 20g como R_S .

O meio de suporte, mini Biobob[®], preencheu um terço da altura do reator R_S . Esse meio consiste em uma estrutura de suporte de formato cilíndrico, com diâmetro de 10 mm e altura de 18 mm, preenchida com espuma de poliuretano. O tempo de retenção hidráulica (HRT) foi de 5 dias. Os reatores foram alimentados diariamente às 14h com águas residuais sanitárias (de uma estação de tratamento de águas residuais de Bauru-SP, coletadas após a grade), operando com ciclos claro-escuro (12h:12h), intensidade de luz de $260 \mu\text{mol}/(\text{m}^2 \text{s})$ das 9h às 21h. A temperatura ambiente foi controlada a 24 °C usando um ar-condicionado. As medições de pH, oxigênio dissolvido (OD), densidade óptica, temperatura do reator e turbidez foram realizadas para o efluente do reator e para a água residual usada como inóculo às 8h e às 14h, antes da alimentação do reator. Os sólidos suspensos totais foram medidos a cada 7 dias. As concentrações de *Staphylococcus spp.* e *Enterococcus spp.* também foram medidas às 8h e às 14h. As concentrações de *Enterococcus spp.* foram feitas com o

uso do ágar base M-Enterococcus (Himedia, Índia) de acordo com a técnica de pour plate (APHA, 2022), enquanto o ágar base Baird Parker (Himedia, Índia) foi usado para *Staphylococcus spp.* usando a técnica de membrana (APHA, 2022).

Os reatores foram operados por 60 dias, dos quais os primeiros 20 foram de adaptação. Em seguida, os reatores foram operados por 40 dias no estado estacionário (aproximadamente 8 vezes o HRT). Ao final deste período, a biomassa total presente no meio suporte foi coletada e pesada.

2.3. Modelagem biofilme

Propomos um modelo matemático para simular o crescimento da biomassa nos reatores. O modelo considera tanto a biomassa suspensa quanto a biomassa presa ao suporte, com crescimento limitado pela disponibilidade de luz. A equação diferencial que descreve a dinâmica da biomassa suspensa é a seguinte:

$$\frac{dX_{sus}}{dt} = (\mu_{smax} f_I(\bar{I}) - \phi_b(h) - r - D)X_{sus}$$

em que X_{sus} é a concentração de biomassa suspensa, μ_{smax} é a taxa máxima de crescimento fotossintético para a cultura suspensa, f_I é uma função que descreve o crescimento fotossintético (Casagli et al., 2021; Pessi et al., 2022), \bar{I} é a intensidade média de luz no reator, ϕ_b descreve a taxa de adesão das células suspensas ao biofilme, h é a profundidade do biofilme formado em torno do suporte, r é a taxa de respiração, D é a taxa de diluição (inverso do tempo hidráulico de retenção). A equação que descreve a dinâmica da biomassa no biofilme é:

$$\frac{dX_{bio}}{dt} = (\mu_{bmax} f_I(I_b) - r)X_{bio} + \phi_b(h)X_{sus}V$$

onde X_{bio} é a biomassa total no biofilme, μ_{bmax} a taxa máxima de crescimento fotossintético do biofilme, I_b a luz média que atinge o biofilme e V é o volume do reator.

A intensidade média de luz é calculada usando a equação de Beer-Lambert (Pessi et al., 2022), considerando a forma geométrica do reator/estrutura:

$$I = \frac{1}{V} \int I_0 \exp(-\sigma \cdot z) dz dS$$

onde σ é o coeficiente de extinção da luz, I_0 é a intensidade da luz na superfície do reator ou do biofilme. A taxa de adesão $\phi_b(h)$ é definida como:

$$\phi_b(h) = \phi_{bmax} \left(1 - \frac{h}{h_{max}}\right)$$

onde ϕ_{bmax} é a taxa de adesão máxima e h_{max} é a altura máxima do biofilme. A altura do biofilme h é calculada usando a densidade do biofilme de Jones et al. (2024), considerando a área de superfície externa do suporte e X_{bio} .

O modelo é calibrado com dados experimentais de peso seco usando o algoritmo de otimização global Differential Evolution, seguido pelo algoritmo Nelder-Mead para estimar a incerteza nos parâmetros calibrados por meio de simulações de Monte Carlo com condições iniciais aleatórias. No total, cinco parâmetros são calibrados: μ_{smax} , μ_{bmax} , h_{max} , ϕ_{bmax} , and r .

2.4. Modelagem patógenos

Adaptamos um modelo para a remoção de *Escherichia coli* em lagoas de algas de alta taxa (Chambonniere et al., 2023) incluindo um termo que representa a remoção de bactérias devido à presença do meio de suporte. A dinâmica da remoção de patógenos é descrita por uma equação diferencial ordinária:

$$\frac{dC}{dt} = -k_{removal} C(t)$$

onde C é a concentração de agentes patogênicos. $k_{removal}$ é dada pela soma de quatro termos que quantificam a remoção do meio de suporte, pH, temperatura (decaimento escuro) e intensidade da luz:

$$k_{removal} = k_{support} + k_{pH} f_{pH}(pH, T) + k_{T24} f_T(T) + \alpha f_{light}(I, TSS)$$

k_{support} , k_{pH} , k_{T24} e α são os parâmetros do modelo calibrados usando dados de unidades formadoras de colônias ao longo do tempo para *Staphylococcus* spp. e *Enterococcus* spp. de ambos reatores, R_0 and R_S . As funções f são descritas em detalhes em Chambonniere et al. (2023). A calibração foi realizada usando o algoritmo Differential Evolution, com dados dos primeiros quatro dias de medições de patógenos, enquanto os dias subsequentes foram reservados para a validação do modelo.

3. Resultados e discussão

3.1. Modelagem ALBA

Mostramos aqui resultados de simulações utilizando o modelo ALBA de experimentos realizados por nosso grupo de pesquisa. As Figuras 1 e 2 comparam, para bateladas diferentes, o resultado previsto pelo modelo com os resultados obtidos experimentalmente para as concentrações de nitrogênio e fósforo. Primeiramente, podemos observar que o modelo não é capaz de bem representar o consumo de fósforo. Isso se deve porque o modelo apenas considera o consumo direto de fósforo pelas algas ou bactérias; não considera por exemplo fenômenos de precipitação. Podemos concluir que a remoção de fósforo foi causada principalmente por esses outros fenômenos e não por remoção direta pela produção de biomassa.

Observamos problemas também nos resultados em relação ao nitrogênio. Isso pode ser causado pela incerteza em relação à concentração de amônia medida experimentalmente. A concentração de amônia tem uma grande influência em como as outras formas de nitrogênio vão evoluir, logo incertezas em relação a concentração inicial, principalmente, produzirão grandes variações naquilo que é previsto pelo modelo. No experimento 9 (Figura 1), observamos um aumento de nitrato seguido de uma queda, enquanto no experimento 10 (Figura 2) o nitrato aumenta até o final da batelada. Comportamento que o modelo consegue simular apenas parcialmente. É possível que esta diferença possa ser causada pela concentração inicial de amônia, mas também pela quantidade prevista de perda de amônia para o ambiente por

stripping. Isso poderá ser verificado posteriormente, por uma nova calibragem dos parâmetros relacionados ao stripping de amônia.

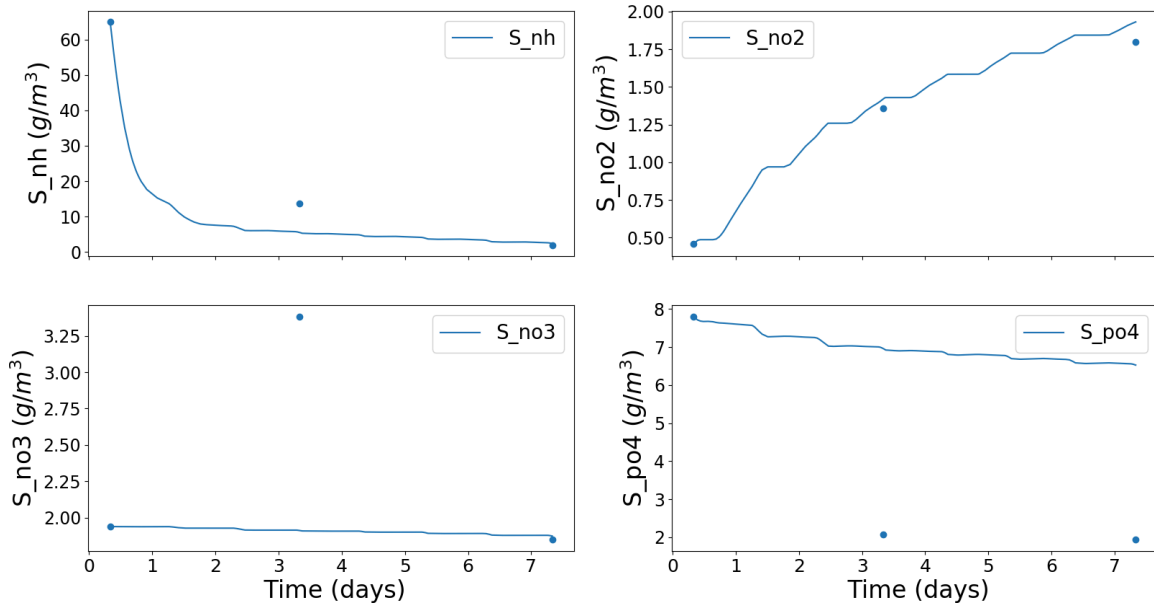


Figura 1 - Concentrações dinâmicas de amônia (S_{nh}), nitrito (S_{no2}), nitrato (S_{no3}) e fosfato (S_{po4}). As linhas representam os resultados do modelo, enquanto os pontos são os dados experimentais. Experimento 9.

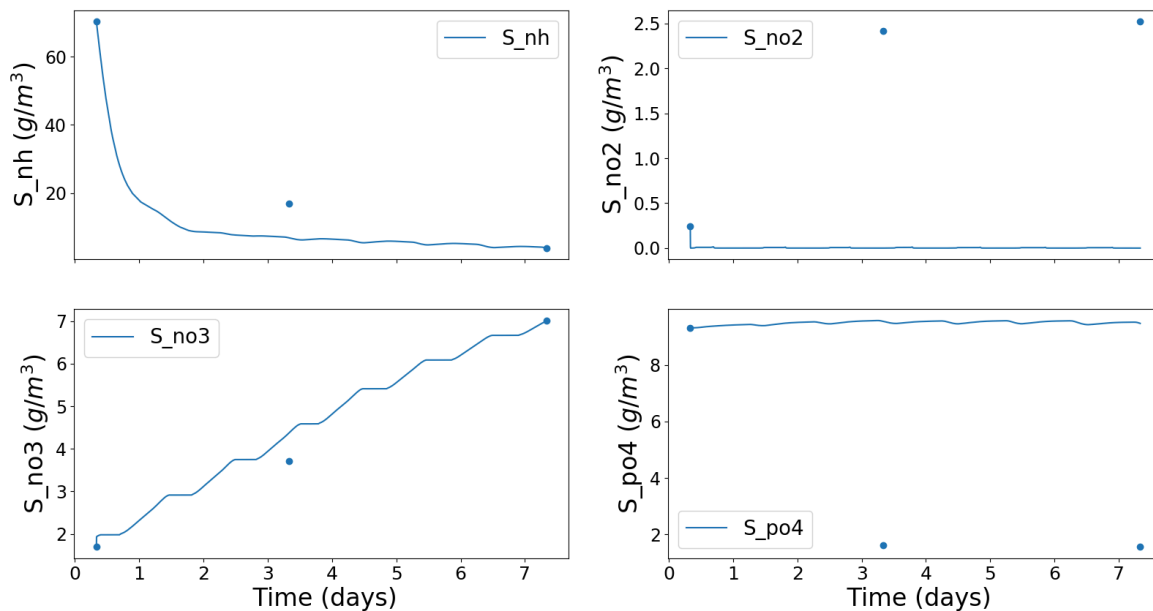


Figura 2 - Concentrações dinâmicas de amônia (S_{nh}), nitrito (S_{no2}), nitrato (S_{no3}) e fosfato (S_{po4}). As linhas representam os resultados do modelo, enquanto os pontos são os dados experimentais. Experimento 10.

A Figura 3 mostra a evolução dinâmica das concentrações de microalgas e bactérias. Neste caso, não há comparação com os resultados experimentais porque não é possível separar experimentalmente a biomassa apenas relacionada com as microalgas da biomassa das bactérias. Logo, as concentrações são primeiramente estimadas pelo modelo, utilizando como restrições os dados experimentais de sólidos. Observamos, que a concentração de microalgas é majoritária, enquanto a concentração de bactérias diminui com o tempo devido a limitação de nutrientes. Os picos observados são causados pela alternância da intensidade da luz solar e períodos noturnos.

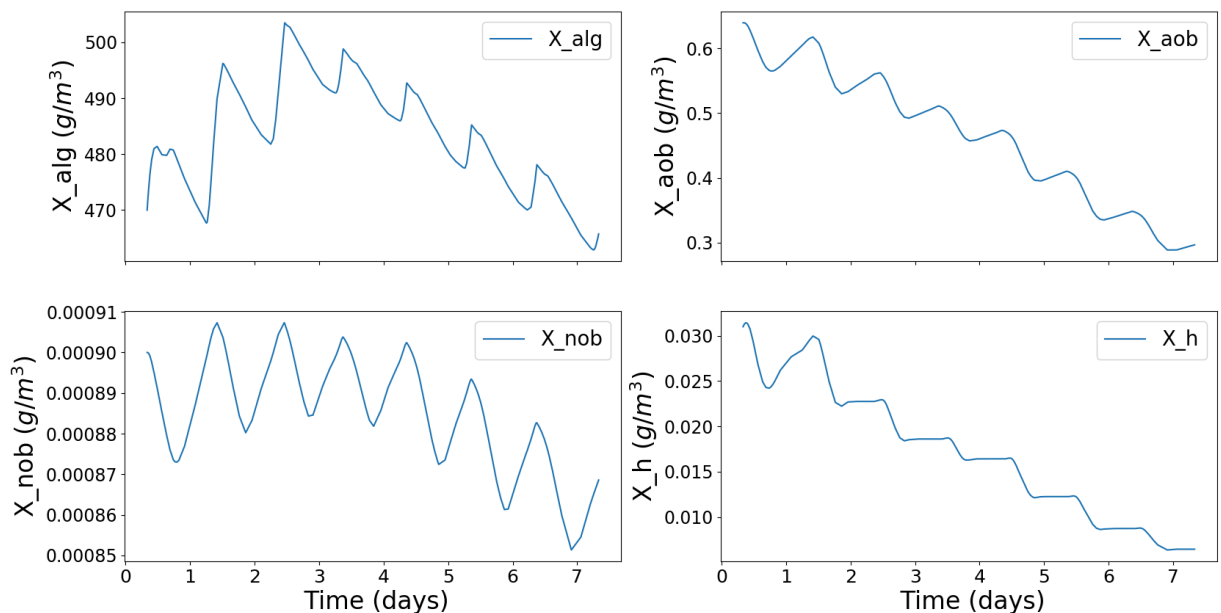


Figura 3 – Concentrações de microalgas (X_{alg}), bactérias oxidantes de amônia (X_{aob}), bactérias oxidantes de nitrito (X_{nob}) e bactérias heterotróficas (X_h) previstas pelo modelo. Experimento 9.

3.1.1. Modelo ALBA estendido

O processo de seleção identificou doze espécies bacterianas que atendiam aos nossos critérios. Entre elas, três eram bactérias heterotróficas aeróbicas pertencentes à classe *Alphaproteobacteria*, enquanto as nove restantes eram anaeróbicas. Das espécies anaeróbicas, sete pertenciam à classe *Clostridia* (grupo 1), uma à *Synergistia* (grupo 2) e uma à *Methanosarcinales* (grupo 3). Essas três classes anaeróbicas foram incluídas no modelo ALBA, sendo representadas por três novas variáveis dinâmicas no sistema de equações diferenciais. Para as espécies anaeróbicas, foram consideradas apenas as taxas de decaimento, moduladas pela temperatura e pelo pH, acrescentando quatro parâmetros calibrados por nova variável dinâmica. Além disso, a *Tetrademus obliquus* foi a microalga dominante no sistema.

A Figura 4 mostra o erro relativo entre as previsões do modelo e a composição microbiana medida experimentalmente no final de três bateladas. Uma batelada foi usada para calibração de parâmetros dos novos grupos de espécies microbianas consideradas e duas foram usados para validação do modelo. O modelo teve um

desempenho consideravelmente melhor na previsão das abundâncias de microalgas e do grupo 1. Essa diferença de desempenho entre os grupos é provavelmente atribuída a diferenças na magnitude da concentração. As microalgas atingiram concentrações de até 400 mg/L, enquanto o grupo 1 atingiu até 30, e os grupos 2 e 3 permaneceram abaixo de 1 mg/L. Os resultados obtidos com essa abordagem de modelagem são promissores. Outros aprimoramentos poderiam ser obtidos em uma fase de recalibração para ajustar melhor os parâmetros adicionais do modelo. Em trabalhos futuros, esperamos considerar um critério mais robusto para a seleção de grupos microbianos, considerando uma rede metabólica reduzida, como em Pessi et al. (2023).

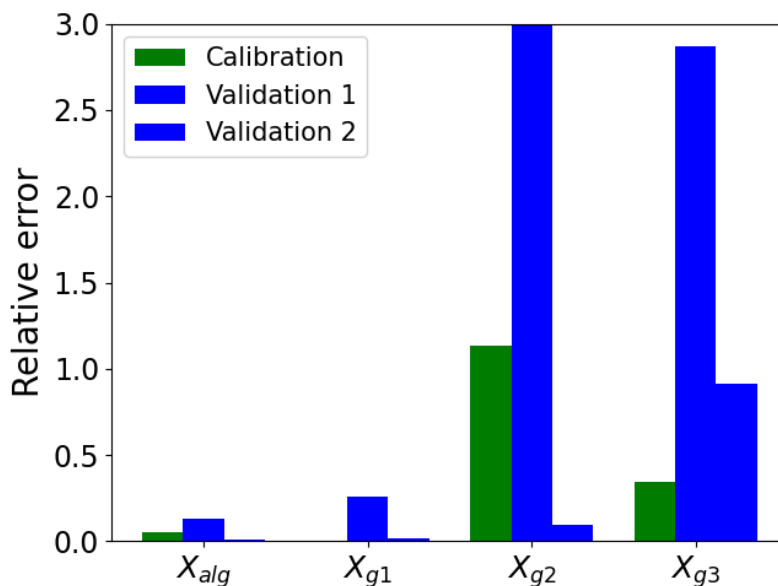


Figura 4 - Erro relativo entre as previsões do modelo e os dados experimentais das abundâncias de grupos microbianos no final de três bateladas: uma para calibração (verde) e duas para validação (azul).

3.2. Modelagem biofilme

Usando os dados de densidade de biofilme de Jones et al. (2024), estimamos a altura do biofilme que se formou ao redor do suporte. Considerando apenas a área de superfície externa do suporte, determinamos alturas médias de biofilme de 2,66 mm e

1,73 mm para os reatores de 20 g e 30 g, respectivamente. Essas alturas de biofilme foram então utilizadas para calcular a atenuação da luz através do biofilme e a intensidade da luz que atinge as camadas internas do biofilme.

A luz que chega ao fundo do biofilme foi estimada em aproximadamente 2% para o reator de 20 g e 9% para o reator de 30 g, em relação à luz incidente na superfície do biofilme, considerando os parâmetros de atenuação de Jones et al. (2024). Além disso, devido à atenuação da luz no reator, a luz média que atinge a superfície do biofilme varia de 30 a 46 $\mu\text{mol}/\text{m}^2/\text{s}$, dependendo da concentração de biomassa suspensa. Isso indica que não houve crescimento fotoautotrófico na parte mais profunda do biofilme no final do cultivo, principalmente no reator 20g. Seriam necessários dados adicionais para determinar a profundidade máxima do biofilme que permite o crescimento fotoautotrófico, uma vez que os parâmetros relacionados à atenuação da luz são muito sensíveis às espécies presentes e à concentração de biomassa (Pessi et al., 2022).

O modelo calibrado previu com precisão os dados experimentais no estado estável, obtendo um erro relativo médio de 5,2%. Os parâmetros calibrados para o modelo, juntamente com suas incertezas, são os seguintes: μ_{smax} é $0.17 \pm 0.01 \text{d}^{-1}$; μ_{bmax} $0.44 \pm 0.03 \text{d}^{-1}$; ϕ_{bmax} é $0.021 \pm 0.003 \text{d}^{-1}$; r é $0.005 \pm 0.001 \text{d}^{-1}$ e h_{max} é $7.3 \pm 1.1 \text{mm}$. Os parâmetros relacionados à atenuação da luz na cultura suspensa foram extraídos de Casagli et al. (2021), a atenuação da luz no biofilme de Jones et al. (2024) e a intensidade ideal de luz de Gris et al. (2014).

As interações simbióticas entre microalgas e bactérias no biofilme contribuem para uma maior produção de biomassa, principalmente devido à melhor troca de CO_2 e O_2 . Isso se reflete no modelo por uma taxa de crescimento fotossintético máximo mais alta para o biofilme ($\mu_{bmax} > \mu_{smax}$). Além disso, a maior área superficial do suporte no reator de 30g resultou em um biofilme mais fino, o que, por sua vez, levou a uma melhor eficiência fotossintética e a um maior acúmulo de biomassa em comparação com o reator de 20g. Entretanto, o maior número de estruturas de suporte também causou auto-sombreamento, reduzindo a disponibilidade de luz dentro do reator e neutralizando parcialmente os benefícios de um biofilme mais fino.

De acordo com o modelo, a produtividade máxima de biomassa para os reatores com suporte seria alcançada com uma taxa de diluição de $0,10 \pm 0,02 \text{ d}^{-1}$, dobrando o HRT. Na prática, o HRT ideal provavelmente seria menor do que o ideal estimado, pois o modelo não leva em conta as limitações de concentração de substrato. O modelo pode ser usado posteriormente com outros mais completos, como o modelo ALBA (Casagli et al., 2021), para obter previsões mais precisas em diferentes condições. No entanto, aumentar o HRT do sistema pode levar a uma maior produtividade de biomassa e a uma maior remoção de nutrientes.

3.3. Modelagem patógenos

A Figura 5 ilustra os resultados da calibração e validação do modelo para os dois agentes patogênicos com e sem o meio de suporte. O modelo foi capaz de prever bem as taxas de remoção para todos os casos. O valor de k_{support} calibrado para *Enterococcus spp.* foi de $1,37 \text{ d}^{-1}$, enquanto para *Staphylococcus spp.* foi de $3,17 \text{ d}^{-1}$. Para ambos os patógenos, o meio de suporte teve um impacto considerável nas taxas de remoção. Em média, a contribuição do meio de suporte nas taxas de remoção foi de $77\% \pm 10\%$ para *Staphylococcus spp.* enquanto que para *Enterococcus spp.* foi de 19% , durante a fase clara, e aumentou para 98% durante a fase escura. Com o modelo, foi possível identificar que o principal mecanismo de remoção para *Staphylococcus spp.* foi o pH (contribuição de até 33%) e a intensidade da luz para *Enterococcus spp.* (até 81%). O modelo identificou com sucesso os mecanismos de remoção primária para *Staphylococcus spp.* e *Enterococcus spp.* destacando a função significativa do meio de suporte na remoção de patógenos. Essas informações têm implicações práticas para otimizar os processos de tratamento de águas residuais, permitindo a personalização das condições do sistema com base nos patógenos específicos presentes nas águas residuais.

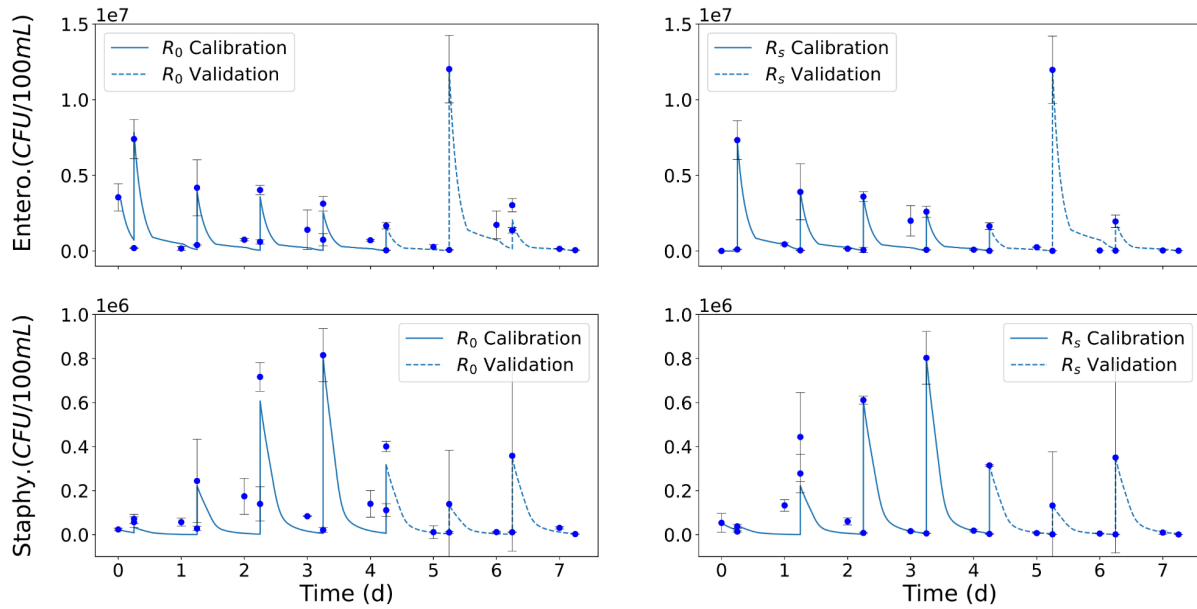


Figura 5 - Resultados do modelo e dados experimentais da dinâmica das concentrações de *Staphylococcus* spp. e *Enterococcus* spp. (UFC/100mL) em um fotobiorreator com meio suporte (R_s) e sem (R_0). Os pontos sólidos representam dados experimentais, com barras de erro de dois desvios padrão. As linhas sólidas e tracejadas mostram, respectivamente, os resultados da calibração e validação do modelo.

Orientações

Nada a declarar

Disciplinas ministradas

Nada a declarar

Comentários do supervisor

Refêrencias

- Ación, F.G., Gómez-Serrano, C., Morales-Amaral, M.M., Fernández-Sevilla, J.M., Molina-Grima, E., 2016. Wastewater treatment using microalgae: how realistic a contribution might it be to significant urban wastewater treatment? *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 100, 9013–9022. <https://doi.org/10.1007/s00253-016-7835-7>
- Barsanti, L., Gualtieri, P., 2018. Is exploitation of microalgae economically and energetically sustainable? *Algal Res.* 31, 107–115. <https://doi.org/10.1016/j.algal.2018.02.001>
- Béchet, Q., Shilton, A., Guieysse, B., 2013. Modeling the effects of light and temperature on algae growth: State of the art and critical assessment for productivity prediction during outdoor cultivation. *Biotechnol Adv* 31, 1648–1663. <https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2013.08.014>
- Bernard, O., 2011. Hurdles and challenges for modelling and control of microalgae for CO2 mitigation and biofuel production. *J. Process Control, Special Issue: Selected Papers From Two Joint IFAC Conferences: 9th International Symposium on Dynamics and Control of Process Systems and the 11th International Symposium on Computer Applications in Biotechnology, Leuven, Belgium, July 5-9, 2010.* 21, 1378–1389. <https://doi.org/10.1016/j.jprocont.2011.07.012>
- Casagli, F., Zuccaro, G., Bernard, O., Steyer, J.P., Ficara, E., 2021. ALBA: A comprehensive growth model to optimize algae-bacteria wastewater treatment in raceway ponds. *Water Res* 190, 116734. <https://doi.org/10.1016/J.WATRES.2020.116734>
- Chambonniere, P., Plouviez, M., Guieysse, B., 2023. Modelling Escherichia coli removal during domestic wastewater treatment in outdoor pilot scale High Rate Algal Ponds. *J. Appl. Phycol.* 35, 1203–1212. <https://doi.org/10.1007/s10811-023-02947-8>
- Fallahi, A., Rezvani, F., Asgharnejad, H., Khorshidi Nazloo, E., Hajinajaf, N., Higgins, B., 2021. Interactions of microalgae-bacteria consortia for nutrient removal from wastewater: A review. *Chemosphere* 272, 129878. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2021.129878>
- Graham, E.B., Knelman, J.E., Schindlbacher, A., Siciliano, S., Breulmann, M., Yannarell, A., Beman, J.M., Abell, G., Philippot, L., Prosser, J., Foulquier, A., Yuste, J.C., Glanville, H.C., Jones, D.L., Angel, R., Salminen, J., Newton, R.J., Bürgmann, H., Ingram, L.J., Hamer, U., Siljanen, H.M.P., Peltoniemi, K., Potthast, K., Bañeras, L., Hartmann, M., Banerjee, S., Yu, R.-Q., Nogaro, G., Richter, A., Koranda, M., Castle, S.C., Goberna, M., Song, B., Chatterjee, A., Nunes, O.C., Lopes, A.R., Cao, Y., Kaisermann, A., Hallin, S., Strickland, M.S., Garcia-Pausas, J., Barba, J., Kang, H., Isobe, K., Papaspyrou, S., Pastorelli, R., Lagomarsino, A., Lindström, E.S., Basiliko, N., Nemergut, D.R., 2016. Microbes as Engines of Ecosystem Function: When Does Community Structure Enhance Predictions of Ecosystem Processes? *Front. Microbiol.* 7.
- Gris, B., Morosinotto, T., Giacometti, G.M., Bertucco, A., Sforza, E., 2014. Cultivation of *Scenedesmus obliquus* in photobioreactors: effects of light intensities and light-dark cycles on growth, productivity, and biochemical composition. *Appl. Biochem. Biotechnol.* 172, 2377–2389. <https://doi.org/10.1007/s12010-013-0679-z>
- Jones, E.R., van Vliet, M.T.H., Qadir, M., Bierkens, M.F.P., 2021. Country-level and gridded estimates of wastewater production, collection, treatment and reuse. *Earth Syst. Sci. Data* 13, 237–254. <https://doi.org/10.5194/essd-13-237-2021>
- Jones, G.B., Sims, R.C., Zhao, J., 2024. Computational modeling of microalgal biofilm growth in heterogeneous rotating algal biofilm reactors (RABRs) for wastewater treatment. *Appl. Math. Model.* 131, 487–504. <https://doi.org/10.1016/j.apm.2024.04.021>
- Liu, X., Nie, Y., Wu, X.-L., 2023. Predicting microbial community compositions in wastewater treatment plants using artificial neural networks. *Microbiome* 11, 93. <https://doi.org/10.1186/s40168-023-01519-9>

- Martínez, C., Mairet, F., Bernard, O., 2018. Theory of turbid microalgae cultures. *J Theor Biol* 456, 190–200. <https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2018.07.016>
- Nordio, R., Delgado, F.J., Sánchez-Zurano, A., Hernandez, J.G., Rodríguez-Miranda, E., Guzmán, J.L., Lafarga, T., Acién, G., 2023. Long-term assessment of the nutrient recovery capacity and biomass productivity of *Scenedesmus almeriensis* in raceway reactors using unprocessed urban wastewater. *Bioresour. Technol.* 369, 128374. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2022.128374>
- Nordio, R., Rodríguez-Miranda, E., Casagli, F., Sánchez-Zurano, A., Guzmán, J.L., Acién, G., 2024. ABACO-2: a comprehensive model for microalgae-bacteria consortia validated outdoor at pilot-scale. *Water Res.* 248, 120837. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2023.120837>
- Patwardhan, S.B., Pandit, S., Ghosh, D., Dhar, D.W., Banerjee, S., Joshi, S., Gupta, P.K., Lahiri, D., Nag, M., Ruokolainen, J., Ray, R.R., Kumar Kesari, K., 2024. A concise review on the cultivation of microalgal biofilms for biofuel feedstock production. *Biomass Convers. Biorefinery* 14, 7219–7236. <https://doi.org/10.1007/s13399-022-02783-9>
- Pessi, B.A., Baroukh, C., Bacquet, A., Bernard, O., 2023. A universal dynamical metabolic model representing mixotrophic growth of *Chlorella* sp. on wastes. *Water Res.* 229, 119388. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2022.119388>
- Pessi, B.A., Pruvost, E., Talec, A., Sciandra, A., Bernard, O., 2022. Does temperature shift justify microalgae production under greenhouse? *Algal Res.* 61, 102579. <https://doi.org/10.1016/j.algal.2021.102579>
- Plöhn, M., Spain, O., Sirin, S., Silva, M., Escudero-Oñate, C., Ferrando-Climent, L., Allahverdiyeva, Y., Funk, C., 2021. Wastewater treatment by microalgae. *Physiol. Plant.* 173, 568–578. <https://doi.org/10.1111/ppl.13427>
- Pompei, C.M.E., Ruas, G., Bolzani, H.R., Fernandes, L.M., Silva, G.H.R. da, 2024. The influence of light intensities and micropollutants on the removal of total coliforms and *E. coli* from wastewater in a flat-panel photobioreactor. *Environ. Pollut.* 349, 123935. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2024.123935>
- Ramanan, R., Kim, B.-H., Cho, D.-H., Oh, H.-M., Kim, H.-S., 2016. Algae–bacteria interactions: Evolution, ecology and emerging applications. *Biotechnol. Adv.* 34, 14–29. <https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2015.12.003>
- Schade, S., Meier, T., 2019. A comparative analysis of the environmental impacts of cultivating microalgae in different production systems and climatic zones: {A} systematic review and meta-analysis. *Algal Res* 40, 101485. <https://doi.org/10.1016/j.algal.2019.101485>
- Sharma, R., Mishra, A., Pant, D., Malaviya, P., 2022. Recent advances in microalgae-based remediation of industrial and non-industrial wastewaters with simultaneous recovery of value-added products. *Bioresour. Technol.* 344, 126129. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2021.126129>
- Yu, Q., Pei, X., Wei, Y., Naveed, S., Wang, S., Chang, M., Zhang, C., Ge, Y., 2023. The roles of bacteria in resource recovery, wastewater treatment and carbon fixation by microalgae-bacteria consortia: A critical review. *Algal Res.* 69, 102938. <https://doi.org/10.1016/j.algal.2022.102938>
- Zhang, C., Li, S., Ho, S.-H., 2021. Converting nitrogen and phosphorus wastewater into bioenergy using microalgae-bacteria consortia: A critical review. *Bioresour. Technol.* 342, 126056. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2021.126056>