



SERVIÇO PÚBLICO FEDERAL
MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
Faculdade de Engenharia Química
Programa de Pós-graduação em Engenharia de Alimentos



GISELE XAVIER RIBEIRO COSTA

**PROCESSOS FERMENTATIVOS EM CAFÉ ARÁBICA:
QUAIS SUAS INFLUÊNCIAS NA QUALIDADE DO CAFÉ?**

Patos de Minas - MG

2024

GISELE XAVIER RIBEIRO COSTA

**PROCESSOS FERMENTATIVOS EM CAFÉ ARÁBICA:
QUAIS SUAS INFLUÊNCIAS NA QUALIDADE DO CAFÉ?**

Dissertação de mestrado apresentada ao Programa de Pós-graduação em Engenharia de Alimentos, da Universidade Federal de Uberlândia, como parte dos requisitos necessários à obtenção do título de Mestre em Engenharia de Alimentos.

Orientadora: Dra. Líbia Diniz Santos

Coorientadora: Dra. Liliane M. de Oliveira

Patos de Minas - MG

2024



ATA DE DEFESA - PÓS-GRADUAÇÃO

Programa de Pós-Graduação em:	Engenharia de Alimentos				
Defesa de:	Dissertação de Mestrado Acadêmico n. 2/2024 - PPGEA				
Data:	Vinte e um de fevereiro de dois mil e vinte e quatro	Hora de início:	14:03	Hora de encerramento:	16:24
Matrícula do Discente:	42212EAL005				
Nome do Discente:	Gisele Xavier Ribeiro Costa				
Título do Trabalho:	Processos fermentativos em café arábica: quais suas influências na qualidade do café?				
Área de concentração:	Engenharia de Alimentos				
Linha de pesquisa:	Processos Biotecnológicos				

Reúne-se por webconferência (RNP) a Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Engenharia de Alimentos, assim composta: Líbia Diniz Santos (Presidente - Orientadora), Maria Ivone Martins Jacintho Barbosa (Membro Externo) e Renata Abadia Reis Rocha (Membro UFU).

Iniciando os trabalhos, a presidente da mesa apresentou a Comissão Examinadora e a discente, agradeceu a participação do público, e concedeu à discente a palavra para a exposição do seu trabalho. A duração da apresentação da mesma se deu em conformidade às normas do Programa.

A seguir, a senhora presidente concedeu a palavra aos examinadores, que passaram a arguir a discente. Ultimada a arguição, que se desenvolveu dentro dos termos legais, a Banca Examinadora, em sessão reservada, atribuiu o conceito final, considerando a discente:

Aprovada.

Esta defesa de Dissertação de Mestrado Acadêmico integra os requisitos à obtenção do título de Mestre em Engenharia de Alimentos.

O competente diploma será expedido após cumprimento dos demais requisitos, conforme as normas do Programa, a legislação pertinente e a regulamentação interna da UFU.

Nada mais havendo a tratar foram encerrados os trabalhos. Foi lavrada a presente ata que após lida e achada conforme será assinada pela Banca Examinadora.



Documento assinado eletronicamente por **Libia Diniz Santos, Professor(a) do Magistério Superior**, em 21/02/2024, às 16:28, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Renata Abadia Reis Rocha, Usuário Externo**, em 21/02/2024, às 16:28, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Maria Ivone Martins Jacintho Barbosa, Usuário Externo**, em 21/02/2024, às 16:29, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **5153712** e o código CRC **FEF166D2**.

Ficha Catalográfica Online do Sistema de Bibliotecas da UFU
com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

C837 2024	Costa, Gisele Xavier Ribeiro, 1999- Processos fermentativos em café arábica: quais suas influências na qualidade do café? [recurso eletrônico] / Gisele Xavier Ribeiro Costa. - 2024. Orientadora: Líbia Diniz Santos. Coorientadora: Liliane Maciel de Oliveira. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia, Pós-graduação em Engenharia de Alimentos. Modo de acesso: Internet. Disponível em: http://doi.org/10.14393/ufu.di.2024.57 Inclui bibliografia. Inclui ilustrações. 1. Alimentos - Indústria. I. Santos, Líbia Diniz, 1978- , (Orient.). II. Oliveira, Liliane Maciel de, 1982-, (Coorient.). III. Universidade Federal de Uberlândia. Pós-graduação em Engenharia de Alimentos. IV. Título. CDU: 664
--------------	--

Bibliotecários responsáveis pela estrutura de acordo com o AACR2:

Gizele Cristine Nunes do Couto - CRB6/2091
Nelson Marcos Ferreira - CRB6/3074

AGRADECIMENTOS

Em primeiro lugar, agradeço a Deus por esta conquista. Sua graça me sustentou nos momentos de desafio e me inspirou a persistir em busca deste grande sonho. A Ele, toda honra e toda glória, agora e para sempre.

Agradeço aos meus pais pelo amor incondicional, apoio e encorajamento durante toda minha jornada acadêmica. Gostaria de expressar minha sincera gratidão por estarem ao meu lado em todos os momentos, inclusive durante a condução dos experimentos na fazenda e na meticulosa classificação dos cafés no laboratório.

Agradeço às minhas orientadoras, Líbia e Liliane, pela precisa orientação, inspiração e apoio ao longo deste caminho. Vocês foram fundamentais para o desenvolvimento desta pesquisa. Agradeço também aos membros da banca examinadora, pela cuidadosa avaliação e pelas preciosas sugestões e comentários que contribuíram para a qualidade deste estudo.

Meus agradecimentos também se direcionam à UFU, ao produtor rural Décio Bruxel e a todos os funcionários da Fazenda Chuá, pelo fornecimento de recursos para a realização deste estudo. Agradeço aos meus colegas de laboratório e ao meu grupo de pesquisa “Da semente à xícara”, pela troca de experiências, conhecimentos, apoio mútuo e momentos de aprendizado compartilhados.

A realização deste projeto não teria sido possível sem o apoio e auxílio de todos vocês. Muito obrigada!

Este estudo é fruto de minha dedicação, esforço e do apoio e contribuição de diversas mãos. Espero que ele possa contribuir de forma significativa para o avanço do conhecimento nesta temática.

SUMÁRIO

LISTA DE SÍMBOLOS	4
RESUMO	5
ABSTRACT	6
1 INTRODUÇÃO.....	6
1.1 Estruturação da pesquisa.....	9
1.2 Objetivos	10
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	11
2.1 O café	11
2.1.1 Estimativas da Produção de Café.....	13
2.2 Composição Química do Café.....	14
2.3 Processamento do Café.....	17
2.4 Fermentação do Café.....	21
2.4.1 Influência dos Microrganismos na Fermentação do Café.....	24
2.5 Qualidade do Café	27
2.5.1 Cafés Especiais.....	30
REFERÊNCIAS	32
CHAPTER 1 – MICROBIOTA PRESENT IN SOIL AND FRUITS OF ARABICA COFFEE: A REVIEW	1
1. Introduction.....	4
2. Fermentation and coffee quality.....	5
3. Microbiota identification in arabica coffee fruits	9
4. Influence of growing region, processing and variety on the microbiota of Arabica coffee fruits	10
5. Microbiota present in the soil and its relationship with the fruit.....	27
6. Conclusion	38
REFERENCES	41

CAPÍTULO 2 – INFLUÊNCIA DO CONTROLE DE TEMPERATURA DURANTE O PROCESSO FERMENTATIVO DE CAFÉ ARÁBICA	49
1. INTRODUÇÃO	50
2. MATERIAIS E MÉTODOS	52
2.1. Cafés	52
2.2. Fermentação dos cafés	52
2.3. Análises físico-químicas	54
2.4. Análises de açúcares, ácidos orgânicos e álcoois	54
2.5. Análise sensorial da bebida	55
2.6. Processamento dos dados e análise estatística	56
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	56
3.1. Parâmetros Físico-Químicos do Café	56
3.2. Concentrações de açúcares, álcoois e ácidos dos frutos café	66
3.3. Análise Sensorial	76
4. CONCLUSÃO	86
REFERÊNCIAS	88
 CAPÍTULO 3 – INFLUÊNCIA DO CONTROLE DE TEMPERATURA E DA ADIÇÃO DE INÓCULO DE LEVEDURA NOS PARÂMETROS DE FERMENTAÇÃO E QUALIDADE DA BEBIDA DE CAFÉ ARÁBICA	 1
1. INTRODUÇÃO	2
2. MATERIAIS E MÉTODOS	4
2.1. Experimentos	4
2.2. Preparo do inóculo	6
2.3. Análises físico-químicas	6
2.4. Análise da concentração de açúcares, ácidos orgânicos e álcoois	6
2.5. Análise sensorial da bebida	7
2.6. Análise estatística	7
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	8

3.1. Monitoramento e análise de parâmetros físico-químicos	8
3.2. Concentrações de açúcares, álcoois e ácidos dos frutos café	13
3.3. Análise Sensorial	19
4. CONCLUSÃO.....	22
REFERÊNCIAS	24
ANEXO 1 – MATERIAL SUPLEMENTAR 1 (CAPÍTULO 1)	1
ANEXO 2 – MATERIAL SUPLEMENTAR 1 (CAPÍTULO 2)	1
ANEXO 3 – MATERIAL SUPLEMENTAR 1 (CAPÍTULO 3)	1

LISTA DE SÍMBOLOS

SSF: Fermentação em estado sólido

SMF: Fermentação em estado submerso

CT: Com controle de temperatura ambiente

VT: Sem controle de temperatura ambiente

SIAF: Fermentação anaeróbica autoinduzida

LAB: Bactérias ácido lácticas

IoT: Internet das coisas

BRIX: Concentração de sólidos solúveis

HPLC: *High-performance liquid chromatography*

SCA: *Specialty Coffee Association*

RESUMO: Os cafés especiais ganharam popularidade por apresentarem sabores únicos e complexos, bem como pelos cuidados em todo o processo de sua produção – desde à semente até a xícara. A busca por cafés especiais reflete a apreciação dos amantes da bebida por sabores distintos e a valorização de uma cadeia produtiva bastante criteriosa. A qualidade e o perfil sensorial do café podem ser influenciados por diversos fatores, como a composição microbiana, condições de cultivo e métodos de processamento pós-colheita. Nesse prisma, esta dissertação está estruturada em 3 capítulos, sendo o capítulo 1 correspondente a um artigo de revisão bibliográfica que traz avante a microbiota de frutos e de solos de cultivo de café arábica. O estudo da microbiota do café está se tornando cada vez mais relevante, uma vez que esses microrganismos podem atuar positivamente na produção de cafés de maior qualidade, alterando as características sensoriais da bebida. Ainda, é válido ressaltar que a microbiota é diversa e se modifica de acordo com a região de cultivo, variedade do café, métodos de processamento empregados e práticas agrícolas, além de haver compartilhamento entre microrganismos do solo e fruto. Os capítulos 2 e 3 abordam os resultados obtidos nos experimentos de fermentação anaeróbica conduzidos em cafés arábica. A fermentação é um método empregado na etapa de pós-colheita com o intuito de melhorar a qualidade sensorial da bebida, desenvolvendo variadas e complexas nuances sensoriais. No entanto, para que seja bem-sucedida e alcance resultados positivos, a fermentação deve ser muito bem monitorada. Diante disso, os experimentos objetivaram avaliar a influência do controle de temperatura ambiente e adição de inóculo de levedura nas características físico-químicas, na produção de metabólitos funcionais e na melhoria da qualidade da bebida de café. Os cafés arábica, cultivares Paraíso e Arara, foram submetidos à fermentação anaeróbica autoinduzida, em estado sólido e submerso, com e sem temperatura ambiente, com e sem adição de inoculante. Como resultado, o controle de temperatura e a adição de inóculo de levedura possibilitaram maior atividade microbiana durante a fermentação e as bebidas de café apresentaram maiores as notas na escala sensorial em comparação com o café não fermentado. Além disso, apresentaram uma rica gama de percepções sensoriais, incluindo notas de caramelo, chocolate, rapadura, açúcar mascavo, mel, castanhas, frutado, alcóolico, whisky, rum, vinho, floral, especiarias.

Palavras-chave: café especial, fermentação de café, qualidade sensorial.

ABSTRACT: Specialty coffees have gained popularity due to their unique and complex flavors, as well as the meticulous care taken throughout the entire production process— from the seed to the cup. The pursuit of specialty coffees reflects both the discerning palates of coffee enthusiasts and an appreciation for a meticulously managed production chain. The quality and sensory profile of coffee can be influenced by several factors, such as microbial composition, growing conditions and post-harvest processing methods. In this perspective, this dissertation is structured into 3 chapters, with chapter 1 corresponding to a bibliographic review article that presents the microbiota of fruits and soils from Arabica coffee cultivation. The study of the coffee microbiota is becoming increasingly relevant, as these microorganisms can act positively in the production of higher quality coffees, altering the sensorial characteristics of the drink. Furthermore, it is worth highlighting that the microbiota is diverse and changes according to the growing region, coffee variety, processing methods used and agricultural practices, in addition to sharing between soil and fruit microorganisms. Chapters 2 and 3 address the results obtained in anaerobic fermentation experiments conducted on Arabica coffees. Fermentation is a method used in the post-harvest stage with the aim of improving the sensorial quality of the drink, developing varied and complex sensorial nuances. However, successful fermentation, leading to positive results, requires meticulous monitoring. Therefore, the experiments aimed to evaluate the influence of controlling ambient temperature and adding yeast inoculum on the physicochemical characteristics, the production of functional metabolites and improving the quality of the coffee drink. Arabica coffees, cultivars Paraíso and Arara, were subjected to self-induced anaerobic fermentation, in solid and submerged states, with and without room temperature, with and without the addition of inoculant. As a result, temperature control and the addition of yeast inoculum enabled greater microbial activity during fermentation and coffee drinks presented higher scores on the sensory scale compared to unfermented coffee. Furthermore, they presented a rich range of sensory perceptions, including notes of caramel, chocolate, brown sugar, honey, chestnuts, fruity, alcoholic, whiskey, rum, wine, floral, spices.

Palavras-chave: specialty coffee, coffee fermentation, sensory quality.

1 INTRODUÇÃO

A bebida de café é caracterizada por uma cor marrom-escura, sabor levemente amargo, sendo produzida por meio de grãos de café moídos e torrados, e destaca-se como uma das bebidas mais consumidas e comercializadas em todo o mundo. E nesse cenário, o Brasil se evidencia como o maior produtor de café a nível mundial (MARTINEZ *et al.*, 2017; AZEVEDO MENDES *et al.*, 2022).

Existem dezenas de espécies botânicas conhecidas de café, porém, apenas duas delas são produzidas em escala comercial, a *Coffea arábica* L. (café arábica) e a *Coffea canephora* P. (café canéfora) (AZEVEDO MENDES *et al.*, 2022). Dentre as duas espécies, o café arábica é responsável pela maior parte da produção global devido aos seus atributos sensoriais altamente apreciados pelo consumidor, como notas mais doces e ácidas, que são responsáveis por valorizar os preços do café arábica nos mercados de exportação (ICO, 2021; CARACOSTEA, 2021; RUTA, FARCASANU, 2021).

A produção de café arábica no Brasil atinge aproximadamente 32.720,8 mil sacas de 60kg de café beneficiado ao ano, ou seja, 1.963.248 tonelada de café é produzida anualmente no Brasil. Ainda, toda a produção no país totaliza a ocupação de uma área de 1.452.577,4 milhão de hectares, sendo Minas Gerais o maior estado produtor, com área de 1.008.048,0 milhão de hectares e 21.570,1 mil sacas de café beneficiado ao ano (CONAB, 2023).

Dentro desse mercado promissor, a comercialização de cafés especiais vem se destacando e crescendo nos últimos anos, uma vez que a bebida de extrema qualidade é capaz de conquistar o paladar dos consumidores mais exigentes. Dessa forma, as mudanças nos gostos e preferência dos consumidores por grãos de café artesanais, com foco na qualidade, modelaram o mercado de café e impulsionaram o nicho dos cafés especiais (SENINDE, CHAMBERS, 2020; MAGALHÃES JUNIOR *et al.*, 2021; GALARZA, FIGUEIROA, 2022).

Os cafés especiais são definidos de acordo com a *Specialty Coffee Association* (SCA) e os protocolos internacionais do *Q Coffee System*, em que o termo “café especial” se refere àqueles cafés distinguidos com base na sua qualidade e singularidade de origem, constituindo-se como uma bebida com

atributos sensoriais únicos e distintos, apresentando ausência de defeitos (paus, pedras, grãos pretos e azedos), uniformidade em tamanho e secagem (POLTRONIERI, ROSSI, 2016; CARVALHO *et al.*, 2019).

Nesse prisma, é relevante destacar que a qualidade do café e suas características estão associadas a diversos fatores, como o genótipo, o ambiente geográfico adequado para o cultivo, o tipo de colheita e o método de processamento pós-colheita empregado (OBEIDAT *et al.*, 2018; BARRIOS-RODRÍGUEZ *et al.*, 2021). Sabendo que os atributos aromáticos e de sabor do café podem ser influenciados pelos métodos de processamento pós-colheita, os produtores de café devem conhecer e adotar manejos adequados para elevar a qualidade da bebida na xícara e atender ao alto padrão de qualidade exigido pelo mercado de cafés especiais (SENINDE, CHAMBERS, 2020; MAGALHÃES JUNIOR *et al.*, 2021; GALARZA, FIGUEIROA, 2022).

No que tange ao processamento pós-colheita do café, destaca-se o emprego da fermentação, a qual consiste em diversas reações biológicas e químicas que atuam na degradação de moléculas complexas da polpa e mucilagem do café por meio de bactérias, fungos e leveduras, convertendo-as em moléculas mais simples que resultam na produção de compostos líquidos e voláteis. A produção desses compostos por meio das interações microbianas complexas que acontecem durante a fermentação apresentam impacto importante na composição dos grãos de café e nos atributos sensoriais da bebida, resultando em diferentes percepções de sabores e aromas, além de apresentar potencial em produzir bebidas de maior qualidade (MARTINS *et al.*, 2020; CRUZ O'BYRNE *et al.*, 2021; PEREIRA *et al.*, 2022).

A fermentação microbiana é considerada uma reação exotérmica, no qual há liberação de energia para a geração de substâncias através das reações bioquímicas. Nesse sentido, a temperatura do meio pode influenciar esse processo, uma vez que pode afetar as espécies microbianas presentes no café, as culturas iniciadoras e o grau de colonização, o que, conseqüentemente, reflete na taxa de degradação da mucilagem e no tempo de fermentação. Ainda, uma faixa de temperatura adequada pode contribuir para a produção de compostos voláteis desejáveis (BRESSANI *et al.*, 2021).

Diante desse contexto, este estudo propõe-se a responder o seguinte problema de pesquisa: A temperatura do meio externo durante o processo fermentativo exerce influência na qualidade do café?

Nesse sentido, o presente estudo apresenta a seguinte hipótese: A temperatura controlada do meio externo durante a condução do processo fermentativo implica em melhor controle da fermentação, refletindo em uma melhor qualidade do café.

Diante disso, é necessário a realização de experimentos a fim de se avaliar a influência do controle de temperatura do meio externo na fermentação do café arábica, com o intuito de identificar as melhores condições de fermentação para a obtenção de cafés com qualidade superior. Apesar de saber que há influência da temperatura no processo fermentativo, não existem muitos estudos na literatura que relacionem o controle de temperatura externa durante a fermentação do café com a qualidade da bebida. Assim, este trabalho torna-se relevante na medida em que contribuirá para balizar pesquisas futuras na área estudada e auxiliará os produtores rurais na tomada de decisão.

1.1 Estruturação da pesquisa

Esta dissertação está estruturada em quatro partes: Revisão Bibliográfica, Capítulo 1, Capítulo 2 e Capítulo 3. A revisão bibliográfica busca trazer um embasamento teórico de autores a respeito do tema do estudo, fornecendo referências para o desenvolvimento do projeto de dissertação. O Capítulo 1 é referente ao artigo de revisão, que contempla uma abordagem holística sobre a composição microbiana de frutos e solos de cultivo de café arábica. O artigo foi submetido na revista "*Brazilian Journal of Microbiology*". Os Capítulos 2 e 3 consistem em artigos científicos produzidos por meio dos resultados obtidos nos experimentos de fermentação conduzidos em cafés arábica, cultivares Paraíso e Arara.

1.2 Objetivos

O presente estudo tem como objetivo geral verificar a influência das condições de temperatura, oxigenação e adição de inóculos no processo fermentativo do café e relacionar com a qualidade sensorial da bebida.

Para se atingir o objetivo geral, foram traçados os seguintes objetivos específicos:

- realizar fermentações com cafés cerejas em condições submersas e em estado sólido;
- analisar a influência de controle e não controle de temperatura externa nas fermentações com cafés cerejas;
- analisar a influência de usar culturas iniciadoras em processos fermentativos submersos e em estado sólido, controlando ou não controlando temperatura externa;
- avaliar os resultados sensoriais na bebida de café relacionando às condições de fermentação;
- avaliar produções de metabólitos influenciados pelas condições de fermentação.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 O café

O cafeeiro (Figura 1) pertence à família *Rubiaceae* e ao gênero *Coffea*, sendo cultivado predominante em regiões tropicais e subtropicais (MELESE, KOLECH, 2021). No Brasil, o cultivo comercial do cafeeiro é realizado em toda a região geográfica entre as latitudes 30 N e 30 S, denominada como “cinturão do café” (PEREIRA *et al.*, 2017; FAO, 2022).

Figura 1 – Imagem de cafeeiros cultivados no Brasil



Fonte: Imagem capturada por Pedro L. L. Bertarini

A planta apresenta aproximadamente 90 a 124 espécies e entre as espécies cultivadas para a produção da bebida de café, destacam-se a *Coffea canephora* P. (café canéfora), a *Coffea arábica* L. (café arábica) e a *Coffea liberica* (liberica ou café excelsa). No entanto, a *Coffea canephora* P. e a *Coffea arabica* L. são as espécies mais cultivadas e comercializadas em todo o mundo (MELESE, KOLECH, 2021; GOKAVI *et al.*, 2021). O café arábica é uma espécie nativa da Etiópia e o café canéfora é uma espécie nativa da África Central (RUTA, FARCASANU, 2021). As variedades de café arábica incluem Moka, Maragogype, Bourbon, Mundo Novo, Caturra, Icatu, Catuaí e Catimorand Creole, já as variedades de café canéfora

incluem Robusta, Conilon, Kouiloi, Niaouli e Uganda (PÉREZ-SARIÑANA, SALDAÑA-TRINIDAD, 2017).

O café arábica possui uma qualidade de grão mais elevada, apresentando uma bebida de melhor sabor, qualidade e possui um maior valor de comercialização. Além disso, permite a possibilidade ao acesso de mercados diferenciados, como o de cafés especiais. Em contrapartida, o café canéfora possui uma bebida neutra, no qual seu sabor é considerado “terroso” e apresenta em sua composição maior teor de cafeína, sendo comumente empregado na indústria de café solúvel e na composição de misturas com o café arábica, os chamados *blends* (SENAR, 2017; SENINDE, CHAMBERS, 2020).

No que se refere ao cultivo de café arábica no Brasil, os principais estados produtores da espécie são Minas Gerais, São Paulo e Paraná. O café arábica (Figura 2) desenvolve-se melhor em áreas cujo clima é ameno, sendo 19°C e 22°C, a faixa ideal de temperatura média. Além disso, a espécie adapta-se melhor em altitudes superiores a 800 m, requer de 1.200 a 1.800 mm de chuva por ano e solos com textura média, apresentando maior capacidade de retenção de umidade (FERREIRA *et al.*, 2019; BRESSANI *et al.*, 2021; MARTINEZ *et al.*, 2022).

Figura 2 – Imagem de fruto de café arábica



Fonte: Imagem capturada por Matheus de S. Gomes

2.1.1 Estimativas da Produção de Café

O café apresenta-se como uma das bebidas mais consumidas mundialmente e vem desempenhando um papel de extrema relevância na cultura de consumo desde meados do século XVI (FAO, 2015; SAMOGGIA, RIEDEL, 2018). Além de ser uma das bebidas mais consumidas no mundo, o café destaca-se também como a principal *commodity* de exportação de cerca de 70 países tropicais e subtropicais, representando umas das *commodities* mais negociadas em todo o mundo (FAO, 2015; FAO, 2022).

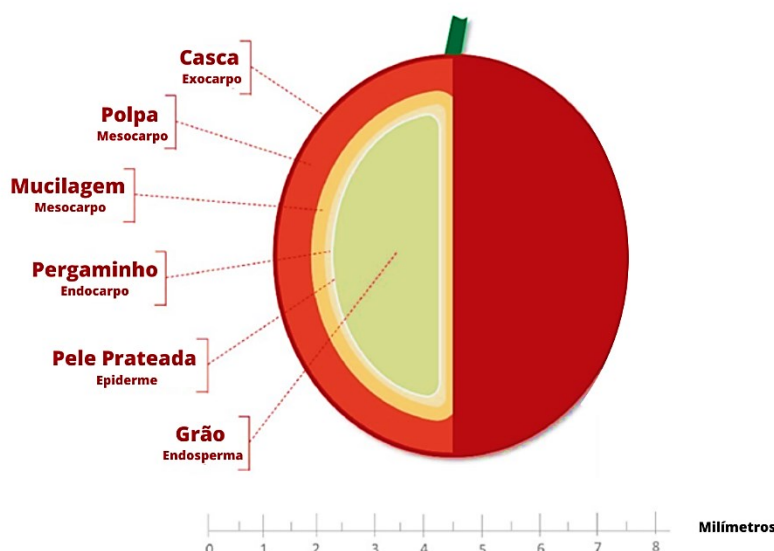
Nesse cenário, o Brasil ganha destaque como sendo o maior produtor de café, o qual fornece aproximadamente um terço de toda a produção mundial, seguido por Vietnã, Colômbia, Indonésia, Índia, Peru, Honduras, Etiópia, Guatemala, México e outros 60 países. Por outro lado, a União Europeia e os Estados Unidos da América destacam-se como os maiores mercados consumidores e importadores em nível mundial (PEREIRA *et al.*, 2017; FAO, 2022). Diante disso, é importante salientar que a maior produção de café, acima de 90%, ocorre nos países em desenvolvimento, enquanto mais de 75% dessa produção é consumida nos países desenvolvidos (ICO, 2018).

Vale ressaltar que entre as bebidas tropicais (café, cacau e chá), o comércio de café foi o que cresceu mais rapidamente desde o ano 2000 (FAO, 2022). As exportações globais de café arábica nos doze meses encerrados em maio de 2022 totalizaram 81 milhões de sacas e as exportações de café canéfora nesse mesmo período totalizaram 49,69 milhões de sacas (ICO, 2022). Em território brasileiro foram produzidas 50,92 milhões de sacas na safra de 2022, sendo 32,72 milhões de café arábica e 18,20 milhões de café canéfora em uma área de produção de 1.841.528,4 milhão de hectares (CONAB, 2023).

2.2 Composição Química do Café

O fruto da cereja do café é formado anatomicamente por seis camadas distintas, sendo uma casca (exocarpo) com coloração vermelho-alaranjada, vermelha ou amarela-amarronzada nos frutos maduros, uma polpa amarelo-esbranquiçada (mesocarpo externo), uma mucilagem (mesocarpo interno), um pergaminho amarelo liso (endocarpo) e uma película prateada (epiderme) que recobre os grãos (endosperma). Toda esta estrutura do fruto de café pode ser vista com detalhes na Figura 3 (PEREIRA *et al.*, 2019; BASTIAN *et al.*, 2021; ROTTA *et al.*, 2021).

Figura 3 – Anatomia do fruto de café



Fonte: Imagem adaptada de ROTTA *et al.* (2021).

O exocarpo é a camada mais externa do fruto do café e constitui-se por uma camada fina de aproximadamente 0,5 mm. Além disso, possui uma superfície resistente e lisa que apresenta função de conferir resistência e proteção ao fruto. Esta estrutura é formada por uma camada monocelular parenquimatosa com paredes primárias contendo cloroplasto e apresenta capacidade de absorção de água. As cascas dos frutos de café, quando verdes, apresentam coloração esverdeada e quando maduros tornam-se vermelho-violeta, vermelho escuro, amarelo ou laranja, dependendo da variedade do fruto (JANISSEN, HUYNH, 2018; BASTIAN *et al.*, 2021; ROTTA *et al.*, 2021).

O mesocarpo é dividido em duas partes, o mesocarpo externo e o mesocarpo interno. O mesocarpo externo é formado por uma estrutura polposa, de sabor doce, macia, succulenta, fibrosa e é fonte de carboidratos (glicose, frutose e pectina). Além disso, apresenta em sua composição química proteínas, lipídeos, minerais lipídicos, taninos, polifenóis e cafeína. O mesocarpo interno constitui-se pela mucilagem, que é uma camada composta principalmente por água, proteínas, açúcares e cinzas. Esta camada envolve e une os grãos de café (sementes) e adere fortemente às camadas internas após o processo de despulpagem (JANISSEN, HUYNH, 2018; ROTTA *et al.*, 2021).

O endocarpo, denominado camada de pergaminho, é uma casca fibrosa que cobre as camadas subjacentes e é formado por um polissacarídeo composto principalmente de α -celulose, hemicelulose, lignina e cinzas. Ademais, apresenta coloração amarelada e função de conferir proteção ao grão de café contra a digestão enzimática (PEREIRA *et al.*, 2019; IRIONDO-DEHOND *et al.*, 2019; BASTIAN *et al.*, 2021).

A película prateada é composta prevalentemente por polissacarídeos, principalmente celulose e hemicelulose, além de monossacarídeos. Esta camada, rica em fibras apresenta também quantidades significativas de proteínas e compostos fenólicos. A película prateada recobre dois hemisférios de sementes elípticas que, por sua vez, contêm o endosperma e os embriões (JANISSEN, HUYNH, 2018; PEREIRA *et al.*, 2019). Por fim, as sementes (grãos) são compostas principalmente por tecido de endosperma e ocupam aproximadamente 50% do volume total de uma baga fresca de café. Os grãos apresentam coloração verde, mas podem adquirir coloração amarelo-amarronzada após o processo de secagem (HALL *et al.*, 2022).

Ainda, os grãos de café apresentam em sua composição mais de 1000 substâncias com diferentes propriedades químicas e físicas (PEREIRA *et al.*, 2019). Dessa forma, no que se refere ao conteúdo químico do café, encontram-se carboidratos insolúveis (celulose e hemicelulose), açúcares (sacarose, glicose, frutose, arabinose, galactose, rafinose e estaquiase), proteínas, lipídeos (triacilgliceróis, esteróis, “coffeadiol”, “arabiol” e tocoferóis), taninos, alcaloides (cafeína e trigonelina), fenóis, tióis, ácidos clorogênicos, ácidos alifáticos, ácidos

voláteis, minerais (potássio, fósforo, magnésio e cálcio), além de outros constituintes vestigiais (CARVALHO NETO *et al.*, 2017; POISSON *et al.*, 2017; PEREIRA *et al.*, 2019; SAUD, SALAMATULLAH, 2021; HALL *et al.*, 2022).

Posto isto, compreender a composição química do café torna-se relevante na medida em que a qualidade do grão está diretamente relacionada à sua composição bioquímica, que é influenciada por fatores genéticos e ambientais. Em vista desses fatores que desempenham um papel na determinação da química do café cru, destacam-se a variedade, a origem, o método de cultivo, o ambiente, a época de colheita, as práticas pós-colheita e as condições de armazenamento (MARTINS *et al.*, 2019; SAUD, SALAMATULLAH, 2021; HALL *et al.*, 2022).

Nesse contexto, é importante compreender todas as etapas de processamento do café, uma vez que as alterações químicas que ocorrem através da etapa de pós-colheita podem ter impacto direto na qualidade final da bebida, pois, os vários compostos dos grãos de café cru reagem quimicamente durante a torra, formando os sabores, cores e percepções sensoriais únicas na xícara (PEREIRA *et al.*, 2019; SAUD, SALAMATULLAH, 2021; HALL *et al.*, 2022).

2.3 Processamento do Café

O processamento do café se inicia na colheita dos frutos, sendo este o primeiro passo a ser realizado. A colheita pode ser realizada de três formas distintas (manual, semimecanizada e mecanizada). Porém, o método mais adotado nas fazendas é a colheita mecanizada, que permite o aperfeiçoamento do processo, redução de custos e economia de tempo (PEREIRA *et al.*, 2019). A Figura 4 traz a imagem de uma colheitadeira mecânica durante a colheita de frutos de café.

Figura 4 – Colheitadeira mecânica durante o processo de colheita de frutos de café



No que tange à colheita, vale ressaltar que ocorre um desenvolvimento heterogêneo de frutos de café em um mesmo cafeeiro, o que ocasiona na presença simultânea de diferentes estágios de maturação do café, sendo possível a presença de café verde (imaturo), café cereja (maduro) e café passa (sobremaduro) em um mesmo momento (PEREIRA *et al.*, 2019).

Nesse sentido, é recomendado que a colheita do café se inicie somente quando a planta atingir um estágio homogêneo de maturação dos frutos, contendo em quantidades mínimas os imaturos, uma vez que os frutos maduros são preferenciais por apresentarem redução de adstringência, pois, contêm menores concentrações de compostos fenólicos, ao contrário dos frutos verdes. Além disso, as cerejas de café maduras apresentam maior teor de compostos voláteis (aldeídos,

cetonas e álcoois superiores) em comparação com as frutas imaturas, o que irá refletir em uma melhor qualidade da bebida na xícara (PEREIRA *et al.*, 2019).

Após a colheita, deve-se iniciar rapidamente o processamento do café para manter a qualidade dos grãos, protegendo-os de patógenos e, assim, evitando que ocorra a deterioração dos frutos por fermentação desfavorável ou formação de mofo (PEREIRA *et al.*, 2019; HOSEINI *et al.*, 2021). O processamento dos grãos de café pode ser realizado por meio de três métodos distintos, o método úmido, o método semiúmido ou o método seco (WORKU *et al.*, 2018). O processamento de cerejas de café por esses métodos é semelhante para todas as variedades e envolve a remoção das camadas constituintes (casca, polpa, pergaminho, mucilagem e casca prateada) para obter os grãos de café, definidos como grãos de café verde (CAMPOS *et al.*, 2020).

O método de processamento úmido é amplamente aplicado em algumas regiões, incluindo Colômbia, América Central e Havaí e é caracterizado pela presença da mucilagem aderida ao grão (MARTINS *et al.*, 2019). Assim, nesse método utiliza-se o fruto do café cereja descascado, ou seja, após a realização da triagem e da limpeza, as cerejas são despulpadas em uma máquina de despulpamento para a remoção do mesocarpo e do exocarpo antes da fermentação. Após isso, os grãos podem ser colocados em tanques abertos contendo água, onde são fermentados por um período de 6 a 72 h (BATISTA *et al.*, 2016; MARTINS *et al.*, 2019; MUNYENDO *et al.*, 2021). Durante esse período de fermentação, as enzimas naturais e bactérias operam juntas para degradar a mucilagem restante. Diante disso, o processo fermentativo finaliza somente quando o pergaminho perde a viscosidade da mucilagem. Por fim, os grãos são retirados dos tanques e secos pelo processo de secagem solar (RIBEIRO *et al.*, 2017). Ainda, esse método permite que durante a etapa de fermentação haja a liberação de açúcares redutores e de aminoácidos livres (CAMPOS *et al.*, 2020).

Já o método seco é o mais tradicional e caracteriza-se como a forma mais simples de processar os frutos de café na forma de cerejas naturais. Neste método, após a seleção e limpeza dos frutos, as cerejas do café são expostas ao sol ou secadores mecânicos até atingir o teor de umidade desejado. Assim, depois de secos vão para o descasque mecânico, onde as camadas externas das cerejas são

removidas por uma máquina de descascamento e os grãos de café são torrados e ensacados. Vale destacar que no início da secagem, ocorre uma fermentação pela microbiota naturalmente presente no fruto, uma vez que o fruto é rico em açúcares e tem elevada umidade. A fermentação continua até que a atividade de água no fruto caia para valores que não propiciem desenvolvimento microbiano. Essa fermentação não é controlada. Apesar de ser uma forma de processamento simples, é também um método mais trabalhoso para a obtenção de grãos de café com alta qualidade. (POLTRONIERI *et al.*, 2016; HOSEINI *et al.*, 2021; CAMPOS *et al.*, 2020).

O método de processamento semiúmido é também conhecido como método “*pulped natural*”, o qual consiste em uma técnica híbrida dos métodos de processamento supracitados (seco e úmido). Nesse processamento, as cerejas de café são mecanicamente despulpadas e submetidas à secagem solar enquanto os grãos resultantes ainda são parcialmente cobertos por mucilagem. Ainda, salienta-se, que nesse método a etapa de fermentação quase não é perceptível, pois o conteúdo de açúcar é menor e a secagem é mais rápida, e, diante disso, a intensidade da fermentação é menor (MUNYENDO *et al.*, 2021).

Conforme mencionando anteriormente, após o processamento (seco ou úmido) o café é submetido à fermentação para remover a camada de mucilagem através da ação de enzimas microbianas e naturais do café. Após isso, os grãos são lavados e o café em pergaminho resultante é seco até o teor de umidade desejado, que varia em torno de 10 a 12%. Logo depois, as finas camadas de pergaminho ao redor dos grãos de café são removidas pelo descascador e depois, os grãos de café verde são torrados (CAMPOS *et al.*, 2020; MUNYENDO *et al.*, 2021).

A torra consiste na etapa inicial da preparação das bebidas a partir da obtenção do café verde. Durante o processo de torra do café, inúmeras e complexas reações químicas ocorrem e uma das categorias mais importantes dessas interações são as reações de *Maillard*, envolvendo a participação de aminoácidos livres e açúcares redutores, contribuindo assim, para o desenvolvimento da cor, aroma e sabor do café torrado (CAMPOS *et al.*, 2020). Nesse cenário, é relevante destacar que o tipo de processamento do café influencia as diferenças nos seus constituintes que, durante a torra, dão origem aos compostos de aroma e as características dos grãos de café torrados (KLEINWÄCHTER *et al.*, 2015).

Desta maneira, a composição química (concentrações de aminoácidos livres, açúcares redutores, compostos fenólicos, cafeína, lipídeos, ácidos clorogênicos, trigonelina), e os atributos de qualidade de grãos de café (pontuações ou perfis sensoriais) processados pelos diferentes meios (úmido, semiúmido e seco) podem diferir substancialmente (WORKU *et al.*, 2018; SCHOLZ *et al.*, 2019; MUNYENDO *et al.*, 2021). Nesse contexto, alguns estudos apontam que o método de processamento úmido resulta em um aumento de polissacarídeos (mananas, arabinogalactanas), lipídeos e ácidos clorogênicos, redução de carboidratos livres (glicose, frutose), minerais (K, Ca, Mg, Cu), trigonelina e ácidos orgânicos (oxálico, quínico), além de maiores teores de cafeína. Em contrapartida, os cafés processados a seco apresentaram baixos teores de cafeína e registraram altos teores de sacarose (RODRIGUEZ *et al.*, 2020; MUNYENDO *et al.*, 2021).

Acredita-se que essas diferenças sejam consequência de diferentes reações metabólicas, como o acúmulo de ácido aminobutírico e o início da germinação de sementes. Ambas as reações ocorrem em grãos de café em diferentes extensões durante o processamento úmido e seco (RIBEIRO *et al.*, 2016; WORKU *et al.*, 2018). Além disso, o maior tempo de secagem no método úmido apresenta-se também como uma hipótese considerável para a variação na composição final do grão de café, em virtude da menor taxa de remoção de água. Assim, acredita-se que essa condição seja um possível fator responsável pela ocorrência de reações que degradam diferentes compostos, sendo que nos cafés processados a seco essas reações são observadas com maior intensidade do que nos cafés processados por via úmida (MUNYENDO *et al.*, 2021).

Dessa forma, embora a qualidade dos grãos de café dependa do tipo de processamento empregado, os grãos produzidos pelos diferentes métodos possuem mercado próprio, tendo em vista que a bebida obtida com grãos submetidos ao processo seco é menos ácida do que as bebidas obtidas pelo processamento úmido (HOSEINI *et al.*, 2021). Porém, observa-se que geralmente os grãos de café processados por via úmida apresentam um aroma melhor e uma maior aceitação do consumidor em comparação com cafés processados a seco (WORKU *et al.*, 2018).

2.4 Fermentação do Café

A fermentação do café ocorre de forma natural e consiste na degradação da mucilagem presente ao redor dos grãos por meio dos microrganismos epífitos naturalmente presentes no café (MARTINS *et al.*, 2020). Nesta etapa, os microrganismos metabolizam açúcares e produzem compostos, como ácidos orgânicos, ésteres e álcoois, que afetam diretamente as características e sabores do café (HAILE, KANG, 2019; PEREIRA *et al.*, 2022).

O desenvolvimento do processo fermentativo depende das atividades metabólicas e do crescimento de diversos grupos de microrganismos, como leveduras, fungos filamentosos, bacilos, bactérias gram-negativas, bactérias do ácido acético e bactérias do ácido lático (PEREIRA *et al.*, 2022). Nesse sentido, devido à sua composição química, os frutos de café apresentam-se como um ótimo substrato para o desenvolvimento desses microrganismos (BRESSANI *et al.*, 2018).

A fermentação controlada durante o processamento pós-colheita do café tornou-se uma ferramenta para melhorar a sua qualidade e modificar o seu perfil sensorial. Nesse sentido, as alterações nos perfis sensoriais são atingidas através do emprego de variados métodos de fermentação, uma vez que podem modificar a composição química dos grãos de café pela ação de enzimas microbianas e/ou endógenas presentes no café. Assim, os métodos fermentativos incluem pulverização inicial, maceração carbônica, fermentações em batelada aberta e em batelada fechada (MARTINEZ *et al.*, 2017; BRESSANI *et al.*, 2018; BRESSANI *et al.*, 2020; MOTA *et al.*, 2020; RUTA, FARCASANU, 2021; PEREIRA *et al.*, 2022).

Diante disso, vale ressaltar que a concentração de oxigênio durante os bioprocessos afeta de forma direta a qualidade da bebida. Perante isso, a escolha do método de processamento é de extrema importância, uma vez que a concentração de oxigênio varia com o método escolhido. Utilizando o método padrão, as condições aeróbias são mantidas durante o processo de café natural e despulpado, enquanto isso, no processamento úmido é mantida a semi-anaerobiose (BORÉM, ANDRADE, 2020; PEREIRA *et al.*, 2022).

A anaerobiose é atingida de duas formas, na maceração carbônica que é um processo de anaerobiose artificial e em anaerobiose autoinduzida, quando a

fermentação é realizada em biorreatores fechados. No que tange ao segundo método, a implementação de biorreatores (Figura 5) para a condução de processos fermentativos do café apresenta-se como uma excelente alternativa para obtenção de um ambiente anaeróbio favorável à comunidade microbiana fermentativa (MOTA *et al.*, 2020; BRESSANI *et al.*, 2021; MARTINEZ *et al.*, 2021).

Figura 5 – Biorreatores de polietileno de alta densidade utilizados para condução de processos fermentativos em café



A fermentação anaeróbica autoinduzida (SIAF) é uma nova tecnologia empregada para fermentar o café e consiste na produção gradativa de CO₂ pelo metabolismo microbiano. Em relação às vantagens dessa tecnologia, destaca-se a melhora no desempenho fermentativo de leveduras e bactérias lácticas, aumentando a produção de metabólitos e a qualidade sensorial da bebida (PEREIRA *et al.*, 2022).

Em condições de anaerobiose, o metabolismo anaeróbio dos microrganismos é favorecido e há menor produção de ATP em comparação com a respiração aeróbica, o que resulta na produção de maior quantidade de subprodutos de ácidos orgânicos e compostos voláteis, que são precursores de sabor e exercem impactos no perfil sensorial das bebidas de café (FERREIRA *et al.*, 2023). Nesse sentido, alguns estudos demonstraram que em condições anaeróbicas, a bebida do café apresentou melhor qualidade em comparação às bebidas produzidas pelos cafés

submetidos às condições aeróbicas e semi-anaeróbicas (EVANGELISTA *et al.*, 2014; EVANGELISTA *et al.*, 2014; BRESSANI *et al.*, 2018; MOTA *et al.*, 2020).

Ainda, dependendo da variedade do café e do método de processamento, a adição de inóculos de microrganismos pode desencadear um comportamento diferente, resultando em bebidas com características sensoriais únicas (BRESSANI *et al.*, 2018; PANJI *et al.*, 2018; HAILE, KANG, 2019; BRESSANI *et al.*, 2020). Em vista disso, acredita-se que há um aumento na produção de compostos voláteis e, conseqüentemente, melhores sabores e aromas na bebida do café são alcançados quando submetidos à fermentação com inoculação de diferentes microrganismos (LEE *et al.*, 2017; MARTINEZ *et al.*, 2017). Além disso, as culturas iniciadoras (cepas únicas ou múltiplas) são aplicadas nesse processo para garantir um melhor controle da fermentação e previsibilidade final do produto (RUTA *et al.*, 2021).

No que se refere à qualidade da bebida do café, é relevante enfatizar que a presença combinada de diferentes compostos químicos voláteis e não voláteis, incluindo ácidos, aldeídos, cetonas, compostos fenólicos, ácidos graxos, açúcares, proteínas, aminoácidos e a ação de enzimas resultam em um melhor sabor e aroma do café. Dessa maneira, os microrganismos que participam da fermentação do café devem ser selecionados de acordo com a capacidade de produção de ácidos, pectinase e outros compostos metabólicos que podem afetar positivamente a qualidade da bebida final, resultando em cafés especiais (BRESSANI *et al.*, 2018).

2.4.1 Influência dos Microrganismos na Fermentação do Café

A fermentação do café consiste na degradação das camadas de polpa e de mucilagem que envolve os grãos. Essa camada mucilagínosa é composta por polissacarídeos, principalmente pectinas e, diante dessas condições, as enzimas pectinolíticas (pectinases) produzidas por microrganismos (bactérias ou leveduras) realizam a degradação da polpa e da mucilagem, utilizando esses substratos para a produção de álcoois e ácidos (acético, láctico, málico, butírico e outros ácidos carboxílicos de cadeia longa). Tendo isso em vista, torna-se relevante compreender a função e a influência das enzimas e microrganismos envolvidos na fermentação do café (ELHALIS *et al.*, 2020; RUTA *et al.*, 2021).

Em relação às enzimas que estão envolvidas no processo fermentativo do café, a poligalacturonase, a pectina liase e a pectina metilesterase, destacam-se como as mais importantes (HAILE, KANG, 2019). Em relação à variedade de microrganismos, alguns estudos publicados recentemente encontraram mais de 100 gêneros microbianos envolvidos na fermentação dos grãos de café (CARVALHO NETO *et al.*, 2017; BRUYN *et al.*, 2017; ZHANG *et al.*, 2019; OLIVEIRA JUNQUEIRA *et al.*, 2019; PREGOLINI *et al.*, 2021). Nesse cenário, os gêneros de bactérias mais comuns encontrados durante a fermentação do café são *Bacillus*, *Lactobacillus*, *Acinetobacter*, *Arthrobacter* e *Weissella* e as leveduras são *Pichia*, *Saccharomyces*, *Rhodotorula*, *Candida*, *Hanseniaspora* e *Kluyveromyces* (MARTINS *et al.*, 2020).

Nesse prisma, vale ressaltar que a variedade microbiana presente no café depende de diversos fatores, como características regionais e fatores ambientais (oxigênio, altitude e temperatura), variedade da planta, composição do fruto do café, método de processamento, teor de umidade, capacidade enzimática da espécie colonizadora, competição de substratos, atividade antimicrobiana do microrganismo e método de fermentação empregado (BRUYN *et al.*, 2017; HAILE *et al.*, 2019; MARTINS *et al.*, 2020).

Nesse cenário, análises temporais das fermentações mostraram que o microbioma central do café é diferente em cada estágio do processo e é dividido em três momentos. Assim, no início da fermentação, as Enterobacteriaceae, bactérias do ácido láctico e bactérias do ácido acético estão presentes em frequências mais

altas. Já no segundo momento, após 6 horas, as bactérias do ácido láctico (principalmente *Leuconostoc*, *Lactobacillus* ou *Lactococcus*) dominam a fermentação. Por fim, no terceiro momento, as bactérias do ácido láctico tolerantes a ácidos permanecem até o final do processo. Já entre a comunidade eucariótica, no geral, as leveduras do gênero *Pichia* apresentam grande prevalência ao longo de toda a fermentação (OLIVEIRA JUNQUEIRA *et al.*, 2019; PREGOLINI *et al.*, 2021).

Diante disso, as leveduras destacam-se durante o processo de fermentação do café. Esse microrganismo apresenta papel fundamental no processo fermentativo devido ao seu controle biológico no crescimento de fungos filamentosos e, ainda, devido às enzimas extracelulares, ácidos orgânicos e compostos aromáticos voláteis produzidos pela sua fermentação que podem resultar na hidrólise de macromoléculas, assim gerando importantes precursores de aroma, como ácidos clorogênicos, aminoácidos e açúcares redutores (CARVALHO NETO *et al.*, 2017; SOUZA *et al.*, 2017; MOTA *et al.*, 2020; BRESSANI *et al.*, 2020).

Além disso, foi relatado que esses microrganismos produzem metabólitos secundários, como ésteres, álcoois, cetonas e outros compostos aromáticos que podem contribuir para o sabor e aroma do café. Dessa forma, as leveduras são consideradas importantes para o desempenho da fermentação e desenvolvimento do sabor do café. Em razão disso, as leveduras são os grupos de microrganismos mais estudados nas fermentações do café. As principais espécies de leveduras encontradas durante o processamento do café são a *Saccharomyces cerevisiae*, a *Pichia kluyveri*, a *Pichia anomala*, a *Torulaspora delbrueckii*, a *Hanseniaspora uvarum* e a *Debaryomyces hansenii* (CARVALHO NETO *et al.*, 2017; ELHALIS *et al.*, 2020).

As leveduras podem ser utilizadas no processo fermentativo como culturas *starter* ou iniciadoras, tendo em vista que exercem influência nos tipos de compostos produzidos durante a fermentação. Esses compostos estão diretamente relacionados com as características sensoriais da bebida do café. Nesse cenário, pode-se inferir que as leveduras *starter* representam uma alternativa para a diferenciação sensorial do café e obtenção de cafés especiais, uma vez que atuam modulando as características sensoriais da bebida (RUTA *et al.*, 2021).

As percepções sensoriais no café são relacionadas com os compostos químicos identificados e quando os procedimentos com adição de inóculos e os procedimentos sem adição de inóculos de microrganismos são comparados, observa-se que as culturas iniciadoras impactam fortemente na fermentação do café e afetam diretamente a qualidade da bebida final, uma vez que existe uma relação entre culturas de levedura, ácidos orgânicos e perfis voláteis (BRESSANI *et al.*, 2020; RUTA *et al.*, 2021).

Estudos isolaram as cepas de *Saccharomyces cerevisiae* e *Torulaspora delbrueckii* da fermentação natural do café, por apresentarem alta atividade pectinolítica, excelente capacidade fermentativa e ótima produção de metabólitos desejáveis (ácidos, álcoois, piridinas, aldeídos e furanos). Após esse isolamento, as cepas foram utilizadas como culturas iniciadoras no processo de fermentação de café, e como resultado disso, foi observada uma melhora na qualidade da bebida e ainda foram percebidos alguns atributos sensoriais diferentes, como caramelo, chocolate, herbal, frutas amarelas e amêndoas (SILVA *et al.*, 2013; EVANGELISTA *et al.*, 2014; EVANGELISTA *et al.*, 2014).

Ainda, é importante destacar que cada levedura utilizada como cultura *starter* pode apresentar um comportamento diferente de acordo com a variedade e o método de processamento do café (EVANGELISTA *et al.*, 2014, EVANGELISTA *et al.*, 2014). Assim, Evangelista *et al.* (2015) observaram que o *Coffea arabica*, variedade Catuaí, de duas regiões distintas do estado de Minas Gerais, Brasil, processados por via úmida, apresentaram diferenças na microbiota durante a fermentação e, como consequência, foram encontradas diferenças nos compostos voláteis e na qualidade final da bebida.

2.5 Qualidade do Café

Conforme mencionado anteriormente, a qualidade do café é influenciada por diversos fatores, incluindo a origem geográfica, o clima, a espécie, os métodos de colheita, o processamento e o armazenamento (BRESSANI *et al.*, 2020). No entanto, a qualidade do café é afetada majoritariamente por fatores que podem influenciar a bebida na xícara, como os fatores físicos (tamanho, estágio de maturação e grãos defeituosos) e os fatores químicos, que são os compostos-chave atribuídos à qualidade (compostos aromáticos, ácidos orgânicos e açúcares) (CHENG *et al.*, 2016).

Os componentes aromáticos são, em particular, considerados extremamente importantes para a qualidade da bebida do café, pois, apresentam-se como os principais constituintes da experiência sensorial das bebidas (BRESSANI *et al.*, 2020). Porém, alguns defeitos físicos também podem influenciar de forma significativa a análise sensorial dos cafés, podendo-os desqualificar. De acordo com o Serviço Nacional de Aprendizagem Rural (SENAR, 2017), esses defeitos podem ser classificados em intrínsecos (internos) e extrínsecos (externos) ao grão.

Os defeitos extrínsecos são definidos como as impurezas que podem ser encontradas em uma amostra de café, como: torrão ou pedra (resultantes da varrição ou de fragmentos provindos do piso do terreiro), pau (fragmento do ramo de cafeeiro), casca (pedaços de casca seca do fruto do cafeeiro, em decorrência da má regulagem da máquina de benefício), café em coco (grão cuja casca não foi retirada no beneficiamento), pergaminho (fragmento da casca interna que envolve a semente) e marinheiro (grão cujo pergaminho não foi totalmente retirado ou foi apenas retirado parcialmente no momento do benefício), além de outras matérias estranhas. Esses componentes quando presentes podem prejudicar o processo de torra, o aspecto do café e a qualidade da bebida (BRASIL, 2003; SENAR, 2017).

Por outro lado, os defeitos intrínsecos são relacionados ao grão de café, que são considerados como imperfeitos, ou seja, possuem algum aspecto que os difere dos grãos sadios. Esses grãos são denominados como: grão preto (grão ou pedaço de grão que apresenta cor preta opaca), grão verde (grão imaturo, contendo a película prateada aderida, apresentando sulco ventral fechado e coloração verde em

variados tons), grão preto-verde (grão preto com aparência brilhante devido à aderência da película prateada), grão ardido (grão ou pedaço de grão de cor marrom, em vários tons, devido à ação de processos fermentativos), grão quebrado (pedaço de grão com tamanho e formatos variados), grão brocado (grão danificado pela broca do café, com um ou mais orifícios limpos ou sujos) (BRASIL, 2003; SENAR, 2017).

Nesse cenário, destaca-se também o grão concha (grão em formato de concha, proveniente da separação de grãos imbricados advindos da fecundação de dois óvulos em uma única loja de ovário), o miolo de concha (grão plano e pouco espesso, proveniente da separação de grãos imbricados advindos da fecundação de dois óvulos em uma única loja do ovário), o grão triângulo (grão de formato triangular em consequência do desenvolvimento de três ou mais sementes no fruto), o grão chocho (grão com formação incompleta composto por pouca massa e podendo apresentar a superfície enrugada) e o grão esmagado (grão com formato alterado devido ao esmagamento) (BRASIL, 2003; SENAR, 2017).

Em vista disso, os cafés que apresentam baixos índices de defeitos e os grãos com tamanho igual ou superior à peneira 16, caracterizados como café de peneira alta, comumente permitem obter uma bebida com uma qualidade alta. Nesse sentido, esses grãos possuem os requisitos e características que os tornam mais valorizados e procurados no mercado (SENAR, 2017).

Em relação à classificação da qualidade do café, a *International Coffee Organization* (ICO, 2020) traz avante que o café é geralmente classificado com base em um ou mais critérios, que incluem altitude e região, tipo botânico, tipo de preparo, cor do grão, tamanho e formato, número de defeitos, aparência da torra e qualidade na prova de xícara (resultado da classificação e qualidade da bebida). Para isso, foram criadas em diversos países várias normas específicas voltadas para a classificação da qualidade do café de acordo com a definição dos padrões de qualidade existentes.

Em âmbito nacional, a norma brasileira para a classificação do café é definida por meio do Regulamento Técnico de Identidade e Qualidade para a Classificação do Grão Beneficiado Cru e a Instrução Normativa do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA), nº 08 de 11 de junho de 2003 (BRASIL, 2003),

que classifica a bebida do café arábica em dois subgrupos, as bebidas finas (estritamente mole, mole, apenas mole e dura) e as bebidas fenicadas (riada, rio e rio zona), da melhor para a pior, respectivamente. As características de cada bebida são exibidas na Tabela 1.

Tabela 1 – Classificação Oficial Brasileira da Bebida do Café.

Classificação	Características
Estritamente mole	Café que apresenta, em conjunto, todos os requisitos de aroma e sabor "mole", porém mais acentuado.
Mole	Café que apresenta aroma e sabor agradável, brando e adocicado.
Apenas Mole	Café que apresenta sabor levemente doce e suave, mas sem adstringência ou aspereza de paladar.
Dura	Café que apresenta sabor acre, adstringente e áspero, porém não apresenta paladares estranhos.
Riada	Café que apresenta leve sabor, típico de iodofórmio.
Rio	Café que apresenta sabor típico e acentuado de iodofórmio.
Rio Zona	Café que apresenta aroma e sabor muito acentuado, assemelhado ao iodofórmio ou ao ácido fênico, sendo repugnante ao paladar.

Fonte: BRASIL (2003)

Assim, as bebidas finas são bebidas que possuem uma melhor valorização no mercado e são consideradas de boa qualidade. Já as bebidas fenicadas são bebidas que apresentam algumas irregularidades, tais como, presença de defeitos, fermentações indesejáveis e outras características que possam tornar a bebida com sabor desagradável (SENAR, 2017).

2.5.1 Cafés Especiais

A Brazilian Specialty Coffee Association (2022) define Cafés Especiais:

Cafés Especiais são grãos isentos de impurezas e defeitos que possuem atributos sensoriais diferenciados. Estes atributos, que incluem bebida limpa e doce, corpo e acidez equilibrados, qualificam sua bebida acima dos 80 pontos na análise sensorial. Além da qualidade intrínseca, os cafés especiais devem ter rastreabilidade certificada e respeitar critérios de sustentabilidade ambiental, econômica e social em todas as etapas de produção.

Nesse cenário, os parâmetros utilizados para a caracterização de cafés especiais, são os sabores diferenciados e a alta complexidade (BRESSANI *et al.*, 2020). A qualidade dos cafés é comumente avaliada por meio da degustação da bebida na xícara (CRAIG *et al.*, 2018; BELCHIOR *et al.*, 2020). Assim, para a classificação de cafés especiais, são utilizados os protocolos da *Specialty Coffee Association* (SCA), os quais são baseados em métodos de avaliação objetivos, incluindo a presença ou ausência de doçura e defeitos (BELCHIOR *et al.*, 2022). E essa avaliação é realizada por profissionais treinados em avaliação sensorial, os chamados “Q-graders”, que são considerados excelentes e precisos em dar as pontuações relacionadas à qualidade do café (BELCHIOR *et al.*, 2022).

Nesse prisma, seguindo o protocolo da SCA, para considerar um café como especial, este deve atender a três requisitos em três tipos de verificações, no qual dois são de natureza física e um de natureza sensorial. Logo, as verificações físicas são realizadas na amostra de café cru (defeitos) e torrado (grãos *Quackers*) e a avaliação sensorial é dada pela degustação da bebida, por meio de diferentes pontuações (SENAR, 2017; SCA 2022).

Posto isso, após a degustação, o café é pontuado em uma escala de 0 a 100 pontos, sendo que os cafés que atingem uma nota final maior que 80 pontos são considerados especiais. Por outro lado, os cafés pontuados entre 70 e 80 pontos são considerados cafés comerciais finos e os cafés pontuados entre 60 e 70 pontos são considerados cafés comerciais e, por fim, bebidas que atingem de 60 pontos

para baixo são considerados inferiores (SENAR, 2017). Essa classificação é exibida na Figura 6.

Figura 6 - Escala de Classificação de Cafés Especiais de acordo com a SCA.



Fonte: SCA, 2022

Nesse âmbito, são avaliados 10 atributos, com notas de 1 a 10 baseados na fragrância (proveniente do pó seco) e aroma (após hidratado e pós-quebra da crosta), na uniformidade das xícaras (5 xícaras), na ausência de defeitos (fermentações e amargor indesejáveis), na doçura, no sabor, na acidez (tipo da acidez, intensidade e qualidade), no corpo (intensidade e qualidade), na finalização (persistência e qualidade residual), no equilíbrio (interação entre corpo, sabor e acidez) e nos defeitos, sendo que a avaliação geral é dada pela soma de todos os atributos (SCA, 2022).

Por fim, ressalta-se que os cafés especiais vêm conquistando cada vez mais o mercado consumidor, que passa a apreciar grãos com qualidades excepcionais em sabor e aroma (SENAR, 2017). O sabor e o aroma delicados obtidos de uma xícara de café especial resultam de uma complexa combinação de transformações físicas e reações químicas que começam na semente e terminam no preparo da bebida (BELCHIOR *et al.*, 2020; BELCHIOR *et al.*, 2022).

REFERÊNCIAS

- AZEVEDO MENDES, Geissy *et al.* Origin geographical classification of green coffee beans (*Coffea arabica* L.) produced in different regions of the Minas Gerais state by FT-MIR and chemometric. **Current Research in Food Science**, v. 5, p. 298-305, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.crfs.2022.01.017>
- BARRIOS-RODRÍGUEZ, Yeison Fernando *et al.* Infrared spectroscopy coupled with chemometrics in coffee post-harvest processes as complement to the sensory analysis. **LWT**, v. 145, p. 111304, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2021.111304>
- BASTIAN, F. *et al.* From Plantation to Cup: Changes in Bioactive Compounds during Coffee Processing. **Foods**, v. 10, n. 11, p. 2827, 2021. <https://doi.org/10.3390/foods10112827>
- BATISTA, L. R. S.M., DE SOUZA, C., SILVA E BATISTA, C. F., SCHWAN, R. F.. Coffee: Types and Production, **Encyclopedia of Food and Health**, Academic Press, pp. 244-251, 2016. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-384947-2.00184-7>
- BELCHIOR, V.; BOTELHO, B. G.; FRANCA, A. S.. Comparison of Spectroscopy-Based Methods and Chemometrics to Confirm Classification of Specialty Coffees. **Foods**, v. 11, n. 11, p. 1655, 2022. <https://doi.org/10.3390/foods11111655>
- BELCHIOR, Verônica *et al.* FTIR and chemometrics as effective tools in predicting the quality of specialty coffees. **Food Analytical Methods**, v. 13, n. 1, p. 275-283, 2020. <https://doi.org/10.1007/s12161-019-01619-z>
- BORÉM, Flávio Meira; DE ANDRADE, Ednilton Tavares. Processing and drying of coffee. In: Drying and roasting of cocoa and coffee. **CRC Press**, 2019. p. 141-170.
- BRASIL, Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Instrução Normativa nº 8 de 11 de Junho de 2003**. Regulamento Técnico de Identidade e de Qualidade para a Classificação do Café Beneficiado Grão Cru, Brasília - DF, 2003.
- BRESSANI, Ana Paula Pereira *et al.* Characteristics of fermented coffee inoculated with yeast starter cultures using different inoculation methods. **LWT**, v. 92, p. 212-219, 2018. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2018.02.029>

- BRESSANI, Ana Paula Pereira *et al.* Co-inoculation of yeasts starters: A strategy to improve quality of low altitude Arabica coffee. **Food Chemistry**, v. 361, p. 130133, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2021.130133>
- BRESSANI, Ana Paula Pereira *et al.* Influence of yeast inoculation on the quality of fermented coffee (*Coffea arabica* var. Mundo Novo) processed by natural and pulped natural processes. **International Journal of Food Microbiology**, v. 343, p. 109107, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2021.109107>
- BRESSANI, Ana Paula Pereira *et al.* Organic acids produced during fermentation and sensory perception in specialty coffee using yeast starter culture. **Food Research International**, v. 128, p. 108773, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2019.108773>
- BRUYN, Florac *et al.* Exploring the impacts of postharvest processing on the microbiota and metabolite profiles during green coffee bean production. **Applied and environmental microbiology**, v. 83, n. 1, p. e02398-16, 2017. <https://doi.org/10.1128/AEM.02398-16>
- BSCA - *Brazil Specialty Coffee Association*. O que é café especial? Disponível em: <<https://brazilcoffeenation.com.br/a-bsca>>. Acesso em: 29 julho 2022.
- CAMPOS, G. A. F. *et al.*. Comparison of Batch and Continuous Wet-Processing of Coffee: Changes in the Main Compounds in Beans, By-Products and Wastewater. **Foods**, v. 9, n. 8, p. 1135, 2020. <https://doi.org/10.3390/foods9081135>
- CARACOSTEA, Luiza-Mădălina. Determination of caffeine content in Arabica and Robusta green coffee of indian origin. **European Journal of Natural Sciences and Medicine**, v. 4, n. 1, p. 69-79, 2021. <https://doi.org/10.26417/425qba31z>
- CARVALHO, Fabiana M.; SPENCE, Charles. Cup colour influences consumers' expectations and experience on tasting specialty coffee. **Food Quality and Preference**, v. 75, p. 157-169, 2019. <https://doi.org/10.1016/j.foodqual.2019.03.001>
- CARVALHO NETO, Dão Pedro *et al.* Yeast diversity and physicochemical characteristics associated with coffee bean fermentation from the Brazilian Cerrado Mineiro region. **Fermentation**, v. 3, n. 1, p. 11, 2017. <https://doi.org/10.3390/fermentation3010011>

- CHENG, Bing et al. Influence of genotype and environment on coffee quality. **Trends in Food Science & Technology**, v. 57, p. 20-30, 2016.
<https://doi.org/10.1016/j.tifs.2016.09.003>
- CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Acompanhamento da safra brasileira – café: terceiro levantamento, setembro 2023 – safra 2022/2023. : Brasília: Companhia Nacional de Abastecimento. 2023. Disponível em:
<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/cafe>. Acesso em: 10 out. 2023.
- CRAIG, Ana Paula *et al.* Mid infrared spectroscopy and chemometrics as tools for the classification of roasted coffees by cup quality. **Food Chemistry**, v. 245, p. 1052-1061, 2018. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2017.11.066>
- CRUZ-O'BYRNE, Rosmery; PIRANEQUE-GAMBASICA, Nelson; AGUIRRE-FORERO, Sonia. Microbial diversity associated with spontaneous coffee bean fermentation process and specialty coffee production in northern Colombia. **International Journal of Food Microbiology**, v. 354, p. 109282, 2021.
<https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2021.109282>
- EVANGELISTA, Suzana Reis *et al.* Improvement of coffee beverage quality by using selected yeasts strains during the fermentation in dry process. **Food Research International**, v. 61, p. 183-195, 2014. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2013.11.033>
- EVANGELISTA, Suzana Reis *et al.* Inoculation of starter cultures in a semi-dry coffee (*Coffea arabica*) fermentation process. **Food Microbiology**, v. 44, p. 87-95, 2014.
<https://doi.org/10.1016/j.fm.2014.05.013>
- EVANGELISTA, Suzana Reis *et al.* Microbiological diversity associated with the spontaneous wet method of coffee fermentation. **International Journal of Food Microbiology**, v. 210, p. 102-112, 2015.
<https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2015.06.008>
- ELHALIS, Hosam *et al.* The crucial role of yeasts in the wet fermentation of coffee beans and quality. **International Journal of Food Microbiology**, v. 333, p. 108796, 2020.
<https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2020.108796>
- FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2015. Disponível em: <http://www.fao.org/3/a-i4985e.pdf>. Acesso em: 12 Jul 2022.

- FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2022. Disponível em: <https://www.fao.org/markets-and-trade/commodities/coffee/en/>. Acesso em: 12 Jul 2022.
- FERREIRA, Ludmilla Janne Carvalho et al. Coffee fermentation process: A review. *Food Research International*, p. 112793, 2023. 10.1016/j.foodres.2023.112793
- FERREIRA, W. P.; RIBEIRO JÚNIOR, J. I.; FÁTIMA SOUZA, C.. Climate change does not impact on *Coffea arabica* yield in Brazil. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 99, n. 12, p. 5270–5282, 2019. <https://doi.org/10.1002/jsfa.8465>
- GALARZA, G.; FIGUEROA, J. G. Volatile Compound Characterization of Coffee (*Coffea arabica*) Processed at Different Fermentation Times Using SPME–GC–MS. **Molecules**, v. 27, n. 6, p. 2004, 2022. <https://doi.org/10.3390/molecules27062004>
- GOKAVI, N.; MOTE, K.; JAYAKUMAR, M.; RAGHURAMULU, Y.; SURENDRAN, U.. The effect of modified pruning and planting systems on growth, yield, labour use efficiency and economics of Arabica coffee. **Scientia Horticulturae**, v. 276, p. 109764, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2020.109764>
- HALL, R. D.; TREVISAN, F.; DE VOS, R. C.. Coffee berry and green bean chemistry—Opportunities for improving cup quality and crop circularity. **Food Research International**, v. 151, p. 110825, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2021.110825>
- HOSEINI, Marziyeh *et al.* Coffee by-products derived resources. A review. **Biomass and Bioenergy**, v. 148, p. 106009, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.biombioe.2021.106009>
- HAILE, Mesfin; KANG, Won Hee. Antioxidant activity, total polyphenol, flavonoid and tannin contents of fermented green coffee beans with selected yeasts. **Fermentation**, v. 5, n. 1, p. 29, 2019. <https://doi.org/10.3390/fermentation5010029>
- HAILE, M.; KANG, W. H.. Isolation, Identification, and Characterization of Pectinolytic Yeasts for Starter Culture in Coffee Fermentation. **Microorganisms**, v. 7, n. 10, p. 401, 2019. <https://doi.org/10.3390/microorganisms7100401>
- HAILE, M.; KANG, W. H.. The Role of Microbes in Coffee Fermentation and Their Impact on Coffee Quality. **Journal of Food Quality**, v. 2019, p. 1–6, 2019. <https://doi.org/10.1155/2019/4836709>

ICO. *International Coffee Organization. Trade Statistics* (2018). Disponível em: <http://www.ico.org>. Acesso em: 12 Jul 2022.

ICO. *International Coffee Organization. Trade Statistics* (2022). Disponível em: <https://www.ico.org/>. Acesso em: 12 Jul 2022.

ICO. *International Coffee Organization. Trade Statistics* (2021). Disponível em: <https://www.ico.org/>. Acesso em: 12 Jul 2022.

ICO. Padrões de Qualidade Nacionais – Conselho Internacional do Café, 122^a Seção, *International Coffee Organization*, ICO. Londres – Reino Unido. p.35, 2018.

IRIONDO-DEHOND, Amaia *et al.* Validation of coffee by-products as novel food ingredients. **Innovative Food Science & Emerging Technologies**, v. 51, p. 194-204, 2019. <https://doi.org/10.1016/j.ifset.2018.06.010>

JANISSEN, B.; HUYNH, T.. Chemical composition and value-adding applications of coffee industry by-products: A review. **Resources, Conservation and Recycling**, v. 128, pp. 110-117, 2018. <https://doi.org/10.1016/j.resconrec.2017.10.001>

KLEINWÄCHTER, Maik; BYTOF, Gerhard; SELMAR, Dirk. Coffee beans and processing. In: Coffee in health and disease prevention. **Academic Press**, 2015. p. 73-81. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-409517-5.00009-7>

LEE, Su Jeong; KIM, Mina K.; LEE, Kwang-Geun. Effect of reversed coffee grinding and roasting process on physicochemical properties including volatile compound profiles. **Innovative Food Science & Emerging Technologies**, v. 44, p. 97-102, 2017. <https://doi.org/10.1016/j.ifset.2017.07.009>

MAGALHÃES JÚNIOR, Antonio Irineudo *et al.* A critical techno-economic analysis of coffee processing utilizing a modern fermentation system: Implications for specialty coffee production. **Food and Bioproducts Processing**, v. 125, p. 14-21, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.fbp.2020.10.010>

MARTINEZ, Silvia Juliana *et al.* Different inoculation methods for semi-dry processed coffee using yeasts as starter cultures. **Food Research International**, v. 102, p. 333-340, 2017. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2017.09.096>

MARTINEZ, Silvia Juliana *et al.* Dominant microbial communities and biochemical profile of pulped natural fermented coffees growing in different altitudes. **Food Research**

International, v. 159, p. 111605, 2022.

<https://doi.org/10.1016/j.foodres.2022.111605>

MARTINEZ, Silvia Juliana *et al.* Novel stainless steel tanks enhances coffee fermentation quality. **Food Research International**, v. 139, p. 109921, 2021.
<https://doi.org/10.1016/j.foodres.2020.109921>

MARTINS, Pâmela Mynsen Machado *et al.* Coffee growing altitude influences the microbiota, chemical compounds and the quality of fermented coffees. **Food Research International**, v. 129, p. 108872, 2020.
<https://doi.org/10.1016/j.foodres.2019.108872>

MARTINS, Pâmela Mynsen Machado *et al.* Production of coffee (*Coffea arabica*) inoculated with yeasts: impact on quality. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 99, n. 13, p. 5638-5645, 2019.
<https://doi.org/10.1002/jsfa.9820>

MELESE, Y. Y.; KOLECH, S. A.. Coffee (*Coffea arabica* L.): Methods, Objectives, and Future Strategies of Breeding in Ethiopia - Review. **Sustainability**, v. 13, n. 19, pp. 10814, 2021. <https://doi.org/10.3390/su131910814>

MOTA, Marcela Caroline Batista *et al.* Influence of fermentation conditions on the sensorial quality of coffee inoculated with yeast. **Food Research International**, v. 136, p. 109482, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2020.109482>

MUNYENDO, Leah M. *et al.* Coffee phytochemicals and post-harvest handling - A complex and delicate balance. **Journal of Food Composition and Analysis**, v. 102, p. 103995, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.jfca.2021.103995>

OBEIDAT, S. M.; HAMMOUDEH, A. Y.; ALOMARY, A. A. Application of FTIR spectroscopy for assessment of green coffee beans according to their origin. **Journal of Applied Spectroscopy**, v. 84, n. 6, p. 1051-1055, 2018.
<https://doi.org/10.1007/s10812-018-0585-9>

OLIVEIRA JUNQUEIRA, Ana C. *et al.* First description of bacterial and fungal communities in Colombian coffee beans fermentation analysed using Illumina-based amplicon sequencing. **Scientific reports**, v. 9, n. 1, p. 1-10, 2019.
<https://doi.org/10.1038/s41598-019-45002-8>

- PANJI, Tri et al. "CIRAGI"-The microbial fermentation starter for developing excellent coffee flavour. In: IOP Conference Series: Earth and Environmental Science. **IOP Publishing**, 2018. p. 012015. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/183/1/012015>
- PEREIRA, G. V. M et al. Microbial ecology and starter culture technology in coffee processing. **Critical reviews in food science and nutrition**, v. 57, n. 13, p. 2775-2788, 2017. <https://doi.org/10.1080/10408398.2015.1067759>
- PEREIRA, G. V. M.; NETO, D. P. C.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. I.; VÁSQUEZ, Z.S.; MEDEIROS, A. B. P.; VANDENBERGHE, L. P. S.; SOCCOL, C. R.. Exploring the impacts of postharvest processing on the aroma formation of coffee beans – A review. **Food Chemistry**, v. 272, pp. 441-452, 2019. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2018.08.061>
- PEREIRA, Thayanna Scopel et al. Self-induced anaerobiosis coffee fermentation: Impact on microbial communities, chemical composition and sensory quality of coffee. **Food Microbiology**, v. 103, p. 103962, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2021.103962>
- PÉREZ-SARIÑANA, B. Y.; SALDAÑA-TRINIDAD, S.. Chemistry and Biotransformation of Coffee By-Products to Biofuels. **The Question of Caffeine**, p. 143-161, 2017. <http://dx.doi.org/10.5772/intechopen.68598>
- POISSON, Luigi et al. New Insight into the Role of Sucrose in the Generation of α -Diketones upon Coffee Roasting. **Journal of agricultural and food chemistry**, v. 66, n. 10, pp. 2422-2431, 2016. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.6b04849>
- POLTRONIERI, Palmiro; ROSSI, Franca. Challenges in specialty coffee processing and quality assurance. **Challenges**, v. 7, n. 2, p. 19, 2016. <https://doi.org/10.3390/challe7020019>
- PREGOLINI, V. B. et al.. Influence of Environmental Microbiota on the Activity and Metabolism of Starter Cultures Used in Coffee Beans Fermentation. **Fermentation**, v. 7, n. 4, p. 278, 2021. <https://doi.org/10.3390/fermentation7040278>
- RIBEIRO, Diego Egidio et al. Interaction of genotype, environment and processing in the chemical composition expression and sensorial quality of Arabica coffee. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, n. 27, p. 2412-2422, 2016. <https://doi.org/10.5897/AJAR2016.10832>

- RIBEIRO, L.S., MIGUEL, M.G.D.C.P., EVANGELISTA, S.R., MARTINS, P.M.M., VAN MULLEM, J., BELIZARIO, M.H. AND SCHWAN, R.F.. Behavior of yeast inoculated during semi-dry coffee fermentation and the effect on chemical and sensorial properties of the final beverage. **Food Research International**, 92, pp.26-32, 2017. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2016.12.011>
- RODRIGUEZ, Yeison FB; GUZMAN, Nelson G.; HERNANDEZ, Joel G. Effect of the postharvest processing method on the biochemical composition and sensory analysis of arabica coffee. **Engenharia Agrícola**, v. 40, p. 177-183, 2020. <https://doi.org/10.1590/1809-4430-Eng.Agric.v40n2p177-183/2020>
- ROTTA, Neil M. *et al.* A comprehensive analysis of operations and mass flows in postharvest processing of washed coffee. **Resources, Conservation and Recycling**, v. 170, p. 105554, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.resconrec.2021.105554>
- RUTA, L. L.; FARCASANU, I. C.. Coffee and Yeasts: From Flavor to Biotechnology. **Fermentation**, v. 7, n. 1, p. 9, 2021. <https://doi.org/10.3390/fermentation7010009>
- SAMOGGIA, A.; RIEDEL, B.. Coffee consumption and purchasing behavior review: Insights for further research. **Appetite**, v. 129, pp. 70-81, 2018. <https://doi.org/10.1016/j.appet.2018.07.002>
- SAUD, S.; SALAMATULLAH, A. M.. Relationship between the Chemical Composition and the Biological Functions of Coffee. **Molecules**, v. 26, n. 24, p. 7634, 2021. <https://doi.org/10.3390/molecules26247634>
- SCAA – Specialty Coffee Association of America – SCAA Protocols of Cupping Specialty Coffee, 2009. Disponível em: <<https://www.scaa.org/PDF/PR%20-%20CUPPING%20PROTOCOLS%20V.21NOV2009A.pdf>> Acesso em: 12 Jul 2022.
- SCA - *Specialty Coffee Association*. METODOLOGIA SCAA DE AVALIAÇÃO DE CAFÉS ESPECIAIS GUIA RÁPIDO - GREEN COFFEE. Disponível em: <903-SCAACuppingMethod_RESUMO_3a.pdf (coffeetraveler.net)>. Acesso em: 29 julho 2022.
- SCHOLZ, Maria Brigida dos Santos *et al.* Physico-chemical characteristics and sensory attributes of coffee beans submitted to two post-harvest processes. **Journal of Food**

Measurement and Characterization, v. 13, n. 1, p. 831-839, 2019. <https://doi.org/10.1007/s11694-018-9995-x>

SENAR – Serviço Nacional de Aprendizagem Rural. Café: cafés especiais. Brasília: SENAR, p. 104, 2017.

SENAR – Serviço Nacional de Aprendizagem Rural. Café: classificação e degustação. Brasília: SENAR, p. 112, 2017.

SENAR – Serviço Nacional de Aprendizagem Rural. Café: formação da lavoura. 1. ed. Brasília: SENAR, p.92, 2017.

SENINDE, D. R.; CHAMBERS, E.. Coffee Flavor: A Review. **Beverages**, v. 6, n. 3, p. 44, 2020. <https://doi.org/10.3390/beverages6030044>

SOUZA, Mariana Lino de *et al.* Uso de leveduras selvagens como agente de biocontrole contra fungos toxigênicos e produção de OTA. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 39, n. 3, p. 349-358, 2017. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v39i3.32659>.

WORKU, Mohammed *et al.* Effect of altitude on biochemical composition and quality of green arabica coffee beans can be affected by shade and postharvest processing method. **Food Research International**, v. 105, p. 278-285, 2018. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2017.11.016>

ZHANG, Sophia Jiyuan *et al.* Following coffee production from cherries to cup: Microbiological and metabolomic analysis of wet processing of Coffea arabica. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 85, n. 6, p. e02635-18, 2019. <https://doi.org/10.1128/AEM.02635-18>

CHAPTER 1 – MICROBIOTA PRESENT IN SOIL AND FRUITS OF ARABICA COFFEE: A REVIEW

(artigo submetido *Brazilian Journal of Microbiology* – data: 21/07/2023)

Gisele Xavier Ribeiro Costa

Master's student in Food Engineering at the Federal University of Uberlândia
Federal University of Uberlândia – UFU, Faculty of Chemical Engineering,
Patos de Minas - Minas Gerais, Brazil
E-mail: gisele.ribeiro@ufu.br

Lívia Carneiro Fidélis

PhD in Agricultural Microbiology (UFV)
Federal University of Uberlândia – UFU, Institute of Biotechnology, Patos de
Minas - Minas Gerais, Brazil
E-mail: livia.fidelis@ufu.br

***Liliane Maciel de Oliveira**

PhD in Chemical Engineering (UFSCAR)
Federal University of São João del-Rei – UFSJ, Department of Food
Engineering, Sete Lagoas – Minas Gerais, Brazil
E-mail: lilianemo@ufsjeu.br

Líbia Diniz Santos

PhD in Chemical Engineering (UFU)
Federal University of Uberlândia – UFU, Faculty of Chemical Engineering,
Patos de Minas - Minas Gerais, Brazil
E-mail: libia@ufu.br

***Corresponding Author:** Liliane Maciel de Oliveira

E-mail: lilianemo@ufsjeu.br

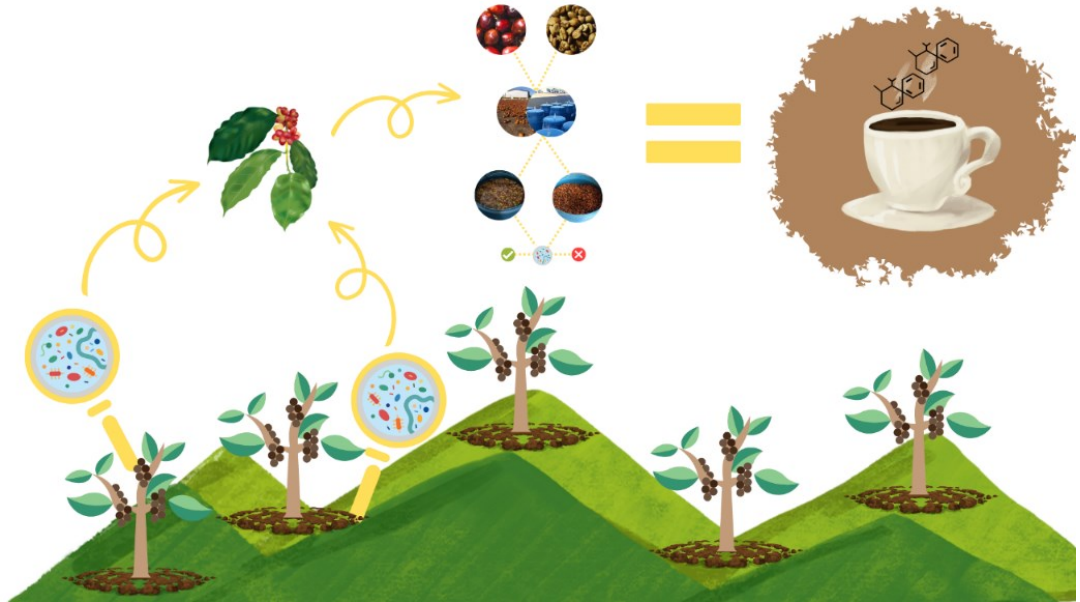
Mailing address: km 47, MG 424 road, Sete Lagoas - MG, Brazil. Postal
Code: 35701-970, mailbox 56

Author contributions: All authors contributed to the conception and design of the study. The author Líbia Diniz Santos was responsible for the central idea of the article, the author Gisele Xavier Ribeiro Costa carried out the bibliographical research, the analysis and tabulation of data, the creation of figures and wrote the article. The author Lívia Carneiro Fidélis carried out the analysis, data tabulation and creation of figures. Authors Líbia Diniz Santos and Liliane Maciel de Oliveira critically reviewed the article. All authors read and approved the final manuscript.

ABSTRACT

Studies have shown that there is a diverse and metabolically active microbiota during the different stages of coffee processing, ranging from pre- to postharvesting of the fruits. This microbiota originates from the cultivation and processing environment. In addition, the microbiota present in the soil can also be found in the fruit, since there is a sharing of microorganisms between both. In this review, similar microorganisms were found between different cultivation regions, processing methods and varieties. However, a diverse microbiota was detected between the analyzed studies. These differences confirm that environmental and genetic alterations, as well as the types of processing, can influence the coffee microbiota. In this scenario, the development of these microorganisms can influence and alter the quality of the beverage. The microbiota and fermentation are responsible for producing important compounds that serve as precursors of flavor and aroma in coffee, and each microorganism produces compounds with unique characteristics. Additionally, the fermentation process with the addition of inoculum of microorganisms selected from microbiota studies during coffee fermentation has been positively related to the quality of the beverage, modifying, and producing specialty coffees. Thus, the microbial composition data presented throughout this review open up future perspectives for researchers and rural producers, contributing relevant data that may help to improve the coffee fermentation process from the selection of specific microbial groups for inoculation in fermentations and, consequently, obtaining coffees with better sensory scores.

KEY WORDS: microbiological composition, microorganisms, yeasts, bacteria, fermentation process, coffee quality.

GRAPHICAL ABSTRACT

1. Introduction

Coffee is one of the most important and consumed beverages worldwide and is the main export commodity of approximately 70 tropical and subtropical countries. World coffee production for the 2022/23 period is forecasted to increase compared to the previous year, with 7.8 million bags more, totalling 175.0 million bags exported. Brazil ranks as the world's largest coffee producer and exporter, followed by Vietnam, Colombia, Indonesia, Ethiopia, and Honduras in terms of coffee production and export ¹⁻⁴.

Among the coffee species, Arabica stands out for being the champion in commercialization when compared to Robusta coffee, the second most commercialized coffee species in the world. It is estimated that Arabica coffee production in Brazil for the 2022/23 harvest will reach 41.5 million bags. This estimate takes into account that most producing areas are in the first year of the biennial production cycle, which results in greater production potential ^{1,3,4}.

Arabica coffee is native to Ethiopia and grows in regions that are between 500 and 2400 m above sea level. Arabica coffee has a lower caffeine concentration than Robusta coffee; however, it is considered of superior quality since it has more aroma and softness and presents sweeter and more acidic notes and organoleptic characteristics that please the consumer's palate. The Arabica species branches out into several varieties, including Moka, Maragogype, Bourbon, Mundo Novo, Caturra, Icatu, Catuaí, Catimor, Crioulo, Paraíso, and Arara ^{1,3,4}.

The coffee fruit is structured in six layers, with the outermost layer being the innermost: yellow rind, reddish-orange to red at ripening (exocarp), whitish-yellow fleshy pulp (outer mesocarp), mucilage (inner mesocarp), smooth yellow parchment (endocarp), silvery pellicle (epidermis) and, finally, grains (endosperm) ^{5,6}. In addition, coffee beans have more than 1000 substances with different physicochemical properties, including carbohydrates, which represent 60% of the total content of the raw grain, proteins, lipids, minerals, volatile compounds, phenolic compounds, alkaloids, and terpenoids, among other trace components ^{5,7}.

To become a beverage, coffee fruit undergoes a series of sequential steps, which include harvesting, drying, peeling, roasting, grinding and extraction. Depending on the structure of the farm or the producer's choice, other steps may also take place, such as washing the freshly picked fruit, separating the washed fruit

into cherry, float and green, peeling the fruit after washing or sorting and inducing fermentation before drying ^{5,8,9} . All these postharvest processes, in addition to cultivation variables such as high altitude, rich soil, shade and temperature, are important factors for obtaining desirable sensory characteristics in coffee. In this regard, the microbial fermentation process is highlighted in the production of coffee beans with the potential to increase the quality of the beverage in the cup ¹⁰ .

Microbial fermentation and the use of selected yeasts are widespread in the food industry, such as bread and wine. This advance was only possible after several studies aimed at understanding the impact of each strain on the final quality of the product. In this light, for coffee processing to reach the level of traditional fermented foods, more studies are needed to increase the understanding of the microbial ecology, physiology and biochemistry involved in coffee fermentation to apply this scientific knowledge in the development of top-quality coffee drinks. Thus, knowledge of the biodiversity of native coffee strains and their relationships with the cultivation environment, altitude, soil and processing can be an important contribution to the understanding and selection of strains with specific phenotypes capable of contributing to the final quality of the product ¹¹ .

That said, the objective of this review study is to survey the microbiota present in the pre- and postharvest stages of Arabica coffee fruits. The study aims to examine its relationship to factors such as coffee variety, altitude, region of cultivation, and the specific processing method employed. Additionally, this study aims to identify the microbial diversity present in the soil and establish its relationship with the microbiota found in coffee fruits.

2. Fermentation and coffee quality

The quality of coffee is influenced by many factors ranging from the farm to the cup. Species and variety, geographic origin and environmental factors (altitude, exposure to solar radiation, soil quality, rainfall, climate and air temperature) can be mentioned, in addition to handling and postharvest processing techniques (wet, dry, semiwet/dry method, biological digestion, fermentation processes), roasting (light, medium, dark, process speed), storage and extraction (pressure, infusion, decoction and cold extraction). The interaction and complexity of these factors can lead to a wide variety of aromas and flavors in coffee beverages ^{12–16} .

Currently, various postharvest processing steps are utilized in coffee production, and these steps can vary based on the infrastructure of the farm and the preferences of the producer. In this context, the fermentation step is considered an independent stage, occurring after the treatment of coffee fruits and prior to drying. Unlike the past, when fermentation was solely associated with wet processing, it is now understood that fermentation can be induced through different methods. These methods include open or closed environments, with or without the addition of inoculum from starter cultures, and solid-state or submerged fermentation, whether with natural or pulped coffee ⁹.

In the context of postharvest coffee processing, the fermentation process is emphasized since the aromatic profile of coffee is affected and modulated through microbial fermentation, conferring desirable aroma attributes. The literature describes that the spontaneous fermentation of coffee or induced by the inoculation of different microorganisms promotes an increase in the production of organic and volatile compounds, consequently improving the flavor and aroma of the beverage. In addition, the concentration of oxygen during the fermentation process can promote changes in sensory profiles, leading to the development of different flavors in coffee beverages ^{9,17-20}.

Coffee fermentation occurs spontaneously through the consumption of pulp and mucilage (mesocarp) present around the beans by epiphytic microorganisms, those naturally present in the fruit. The mesocarp is a fleshy, fibrous, mucilaginous, sweet, gelatinous, translucent pulp rich in carbohydrates (glucose, fructose and pectin), proteins, fats and minerals, in addition to significant amounts of tannins, polyphenols and caffeine. The mesocarp is composed of 0.91% polysaccharides, especially pectin, 84.2% water, 8.9% protein, 4.1% carbohydrates and 0.7% ash ^{3,5,17,20}.

During fermentation, degradation of the coffee pulp and mucilage occurs through pectinolytic enzymes, especially polygalacturonase, pectin lyase and pectin methylesterase of epiphytic microorganisms, which can lead to the hydrolysis of macromolecules, such as carbohydrates and proteins, and some compounds, such as polyphenols. From these various biochemical reactions, important flavor precursors such as reducing sugars, amino acids, aldehydes, esters, ketones, alcohols and acids (chlorogenic, acetic, butyric, malic, lactic and other long-chain carboxylic acids) are produced. These metabolites can significantly contribute to the

aroma and flavor of roasted coffee beans. Thus, it is inferred that the microbiota plays an extremely important role in the sensory attributes of coffee ^{3,5,15,17,20,21} .

The genera of microorganisms most found in coffee fruits are diverse and vary from study to study. According to some authors, the genera of microorganisms most found from the coffee fermentation process are bacteria *Bacillus*, *Erwinia*, *Klebsiella*, *Aerobacter*, *Escherichia*, *Bacillus*, *Acinetobacter*, *Arthrobacter* and *Weissella*, as well as leveduras *Pichia*, *Saccharomyces*, *Rhodotorula*, *Candida*, *Kluyveromyces*, *Torulaspora*, *Debaryomyces* and *Hanseniaspora*. A variety of filamentous fungi are also frequently identified ^{11,20,22} .

According to Lee et al. (2015)¹⁷, the microbial species most commonly present during coffee fermentation are aerobic bacteria, such as *Klebsiella ozaenae*, *Klebsiella oxytoca*, *Erwinia herbicola*, *Erwinia dissolvens*, *Hafnia* spp., *Enterobacter aerogenes* and lactic acid bacteria, such as *Leuconostoc mesenteroides* and *Lactobacillus brevis*. The most identified yeast species are *Kloeckera apis apiculata*, *Candida guilliermondii*, *Candida tropicalis*, *Candida parapsilosis*, *Cryptococcus albidus*, *Cryptococcus laurentii*, *Pichia kluyveri*, *Pichia anomala*, *Hanseniaspora uvarum*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Debaryomyces hansenii*, *Torulaspora delbrueckii* and *Rhodotorula mucilaginosa*.

Lactic acid bacteria (LAB) are an important microbial group naturally present during coffee processing and come from multiple ecosystems, such as water, native soil, air, and plants. These microorganisms are of great relevance during the coffee fermentation process since they are dominant in some phases of this process. LAB are divided into four families, *Leuconostoaceae*, *Lactobacillaceae*, *Streptococcaceae* and *Enterococcaceae*, dos gêneros *Leuconostoc*, *Fructobacillus*, *Weissella*, *Lactobacillus*, *Pediococcus*, *Lactococcus* and *Enterococcus* ^{14,23} .

These microorganisms act effectively in the removal of coffee mucilage through fermentation and have been associated with the generation of bioactive compounds related to fruit quality. LAB use the pulp and mucilage substrate as a source of carbon and nitrogen to produce significant amounts of lactic acid, which in turn assists in the breakdown of pectin, in addition to the production of a range of different compounds from the use of citrate and amino acid catabolism. Thus, under specific conditions, they can carry out alternative ways of using pyruvate and, consequently, produce compounds that contribute to fruity and buttery coffee aromas, in addition to several other aromatic compounds ^{14,20} .

Studies have shown that fermentation induced with LAB provided adequate production of organic acids and flavoring esters and the formation of volatile aromatic compounds during the fermentation process, such as ethyl acetate, ethyl isobutyrate and acetaldehyde. These compounds can influence the sensory attributes of coffee beverages with distinct floral, fruity (banana, orange, pineapple) and caramelized perceptions, in addition to enabling a notable increase in quality compared to the conventional process ^{23,24}.

Yeasts are characterized as the most studied microbial group in coffee fermentations and gained such emphasis for being among the microorganisms most frequently identified in the fermentation of coffee beans. In addition, yeasts are a microbial group considered important for a better performance of the fermentation process, as they have the ability to produce aromatic compounds, yeast-specific volatile constituents and high pectinolytic activity. The yeast species most identified during coffee processing are *Pichia kluyveri*, *Pichia anomala*, *Hanseniaspora uvarum*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Debaryomyces hansenii* and *Torulaspora delbrueckii* ^{11,25}.

The use of different yeast inoculums in the same fermentation process is capable of producing coffees with distinct and unique sensory profiles. Fermentations carried out with starter cultures of *Saccharomyces cerevisiae* produced coffee drinks with aromatic perceptions of citrus fruits, caramelized sugars, banana and cashew notes. With the addition of *Torulaspora delbrueckii*, it was possible to obtain milky and cocoa notes ²⁶. In another study, inoculation with *Meyerozyma caribbica* resulted in perceptions of caramelized sugar, and fermentation with *Candida parapsilosis* resulted in perceptions of caramelized sugar, citric acid, and fruity (apple, cherry) and wine flavor compounds ²⁷. Furthermore, in the study by Bressani et al. (2021)²⁸, yeast inoculation *Saccharomyces cerevisiae*, *Candida parapsilosis*, *Torulaspora delbrueckii* and coinoculation combinations between them provided the coffee beverage with chocolate, caramel, honey, molasses, fruity, red fruits, yellow fruits, wine, citric and freshness perceptions to the coffee beverage.

It is worth mentioning that *Torulaspora delbrueckii* is found naturally in coffee processed by semidry, dry and wet methods and was originally present in a high population in coffee cherries in the study by Bressani et al. (2018)²⁷. In this same study, researchers evaluated the behavior of the yeasts *Saccharomyces cerevisiae* CCMA 0543, *Candida parapsilosis* CCMA 0544 and *Torulaspora*

delbrueckii CCMA 0684 as starter cultures for arabica coffee Catuaí Amarelo variety. The researchers observed that the inoculated yeasts remained throughout the fermentations, proving that the selected strains could compete with the epiphytic microbiota present in the coffee fruits.

During coffee fermentation processes, whether carried out with natural or pulped coffee, microbial successions are initiated by bacteria followed by yeasts. Throughout the process, some complex microbiological interactions may occur (yeast-bacteria, bacteria-bacteria and yeast-yeast), with bacteria acting by acidifying the fermentation mass and providing an environment susceptible to the development of yeasts and yeasts producing pectinases and metabolites. These interactions are relevant when you want to develop different sensory profiles in coffee ^{22,29,30}.

3. Microbiota identification in arabica coffee fruits

The microorganisms, represented in Figure 1, are naturally present in all stages of coffee processing, starting with harvest and extending to the drying of the beans, and have great potential to impact the final quality of the beverage. In this scenario, bacteria, filamentous fungi, and yeasts are the groups of microorganisms found in abundance throughout the fermentation process ¹⁵. Such microorganisms can come from the soil, air, water, fruit surfaces, harvest and postharvest handling, and fermentation sites ³¹. Several microbial species and genera present in Arabica coffee beans have been identified, as reported by recent studies of coffee fruit microbiota shown in Supplementary Material 1.

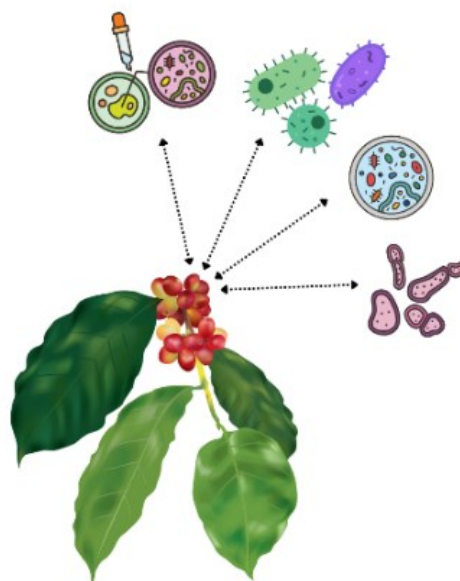


Fig. 1 Representation of the microbiota present in coffee fruits

Among the species of bacteria reported in the literature, the most common found in Arabica coffee were *Leuconostoc mesenteroides*, *Leuconostoc pseudomesenteroides*, *Weissella cibaria*, *Levilactobacillus brevis*, *Lactococcus lactis*, *Enterobacter cloacae* and *Leuconostoc pseudomesenteroides*. When analyzing the gender level, the most common genera were *Leuconostoc*, *Bacillus*, *Weissella*, *Enterobacter*, *Pantoea*, *Acinetobacter*, *Levilactobacillus* and *Staphylococcus*.

On the other hand, the most identified yeast species were *Hanseniaspora uvarum*, *Pichia kluyveri*, *Torulaspora delbrueckii*, *Candida quercitrusa*, *Meyerozyma caribbica*, *Rhodotorula mucilaginosa*, *Saccharomyces cerevisiae* and *Wickerhamomyces anomalus*. The most common genera were *Candida*, *Cystofilobasidium*, *Hanseniaspora*, *Wickerhamomyces*, *Pichia*, *Rhodotorula*, *Hannaella*, *Meyerozyma*, *Saccharomyces*, *Vishniacozyma* and *Torulaspora*. The following genera of filamentous fungi were also highlighted: *Cladosporium*, *Fusarium*, *Colletotrichum*, *Penicillium* and *Aspergillus*.

4. Influence of growing region, processing and variety on the microbiota of Arabica coffee fruits

Coffee is cultivated in diverse regions worldwide, each with unique environmental characteristics. Robusta Coffee is commonly grown at altitudes ranging from 50 to 550 m, while Arabica Coffee thrives at higher altitudes, typically

between 600 and 1,200 m. The quality of both the coffee tree and the resulting beans is influenced by a combination of climatic and soil factors. Among these factors, altitude plays a significant role in shaping coffee quality. Literature reports indicate that coffee beans cultivated at higher altitudes tend to exhibit denser and higher quality characteristics ^{32,33}.

The diversity of the microbiota (bacteria, yeasts and fungi filaments) present during coffee processing can be influenced and can differ due to the composition of the fruit, the processing method and regional characteristics, such as location, climate variation and altitude. Thus, it can be inferred that these variables may exert selective pressure, favoring the prevalence of one microbial group over the other. The influence of these factors on the structures of the microbial community reflects the chemical composition of the final coffee beans and their quality ^{20,22,25,30,33}.

In addition to identifying which microorganisms are present in coffee beans, it is also important to determine in which regions the strains of each microorganism were identified to better understand the influence that terroir can exert on the microbiological composition and, consequently, on the quality of the beverage of coffee. Figures 2 and 3 show the interactions between the genera of microorganisms most reported in the literature and the different Brazilian regions where they were identified.

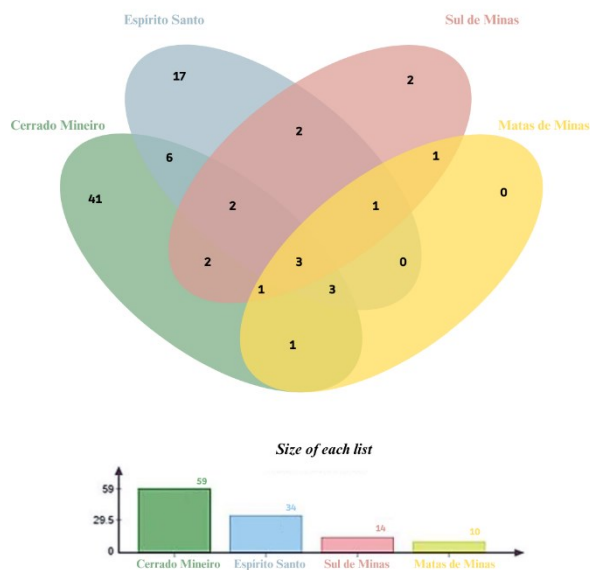


Fig. 2 Venn diagram for bacterial genera identified in different regions of Brazil in Arabica coffee beans and their correlations

By analyzing the correlations of the bacterial genera present in Arabica coffee beans cultivated in different Brazilian regions, it can be seen in Figure 2 that most of the genera found were identified exclusively in the Cerrado Mineiro region. While others were shared between regions, with emphasis on *Bacillus*, *Enterobacter* and *Leuconostoc* that were identified in the Cerrado Mineiro, in Espírito Santo, in the South region of Minas and in the Matas de Minas, appearing as common genera among these great Arabica coffee producing regions.

However, upon analyzing the correlations among yeast and fungi genera found in Arabica coffee beans cultivated across the four Brazilian regions (Figure 3), notable trends emerged. The state of Espírito Santo stands out as the primary location where the majority of the genera were identified exclusively. Additionally, a significant number of genera were shared between Espírito Santo and the Cerrado Mineiro region (21 genera). Among the yeast genera identified in common across all four regions were *Hanseniaspora*, *Meyerozyma*, and *Pichia*.

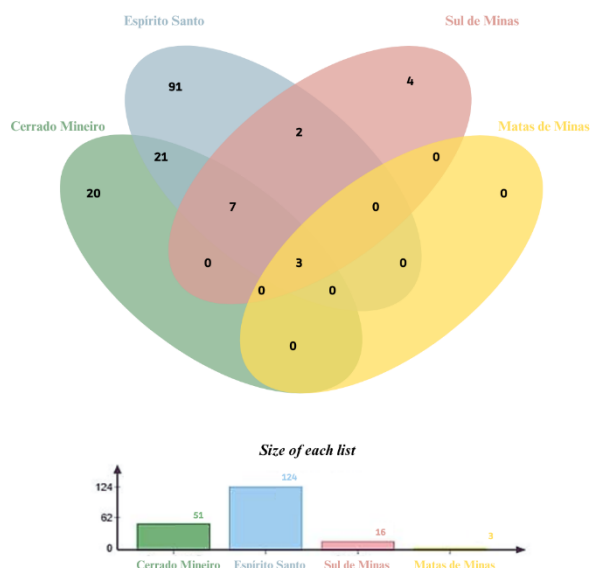


Fig. 3 Venn diagram for yeast and fungus genera identified in different regions of Brazil in Arabica coffee beans and their correlations

It is worth noting that the correlation analysis was based on a limited number of studies conducted in each region. Specifically, in the Cerrado Mineiro region, two studies identified both bacterial and yeast/fungi genera, while two studies focused only on bacterial genera and one study solely on yeast/fungi genera. In the state of Espírito Santo, three studies examined both genera, whereas in the southern region of Minas, three studies investigated bacterial and yeast/fungi genera, and one study solely focused on yeast/fungi genera. In the Matas de Minas region, one study identified both microbial genera. Given the higher number of studies identifying bacterial genera in the Cerrado Mineiro region, it can be inferred that the diversity of bacterial genera found was greater there. Consequently, further studies in different regions are needed to better understand their microbial diversity and its influence on terroir characteristics.

Furthermore, Figure 4 illustrates the correlations between bacterial genera identified in Brazil, Australia, China, Colombia, Honduras, and Ecuador. Notably, only the genus *Leuconostoc* was identified across all countries. Similarly, Figure 5 presents the correlations between yeast and fungus genera identified in Brazil, Australia, China, Colombia, Korea, Honduras, and Ecuador. While no genus was found in all countries, *Candida* was the most frequently identified, being present in all countries except Korea.

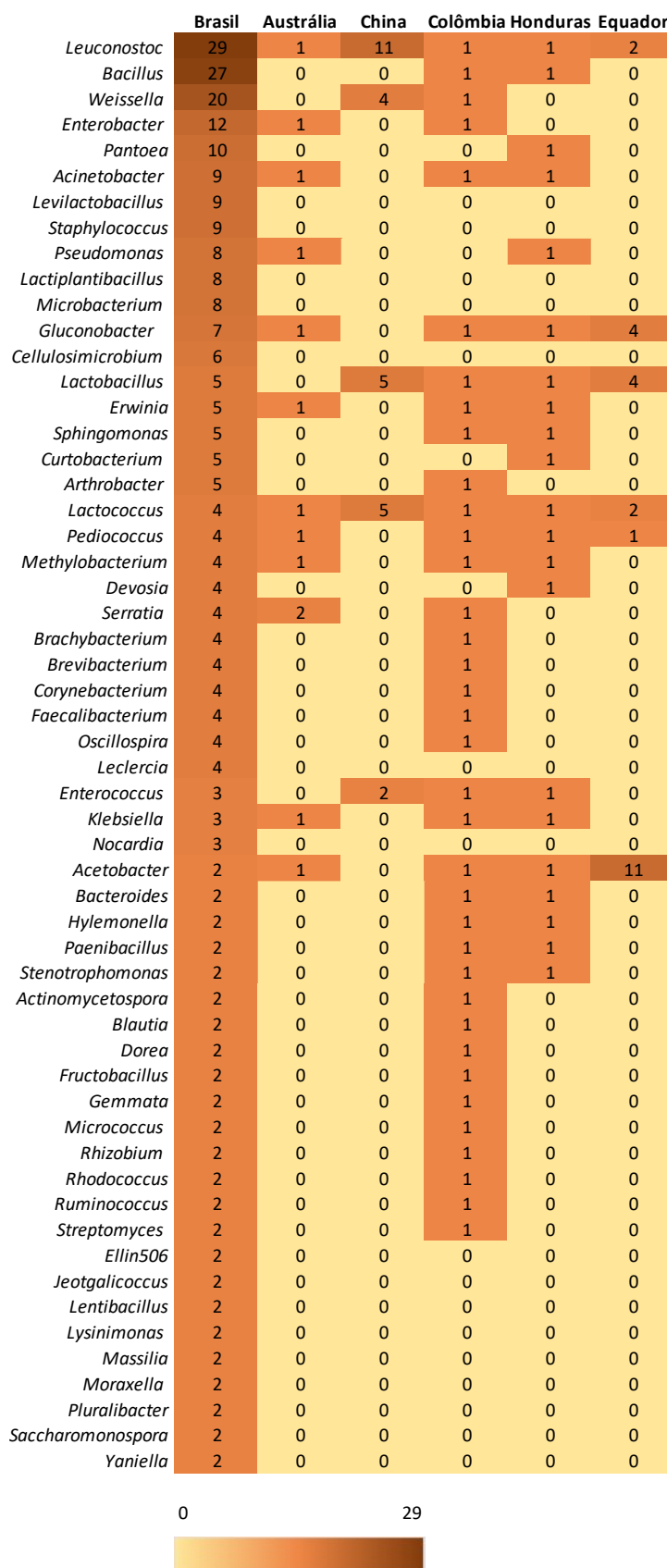


Fig. 4 Heatmap of correlation between bacterial genera most frequently identified in coffee fruits cultivated in different countries

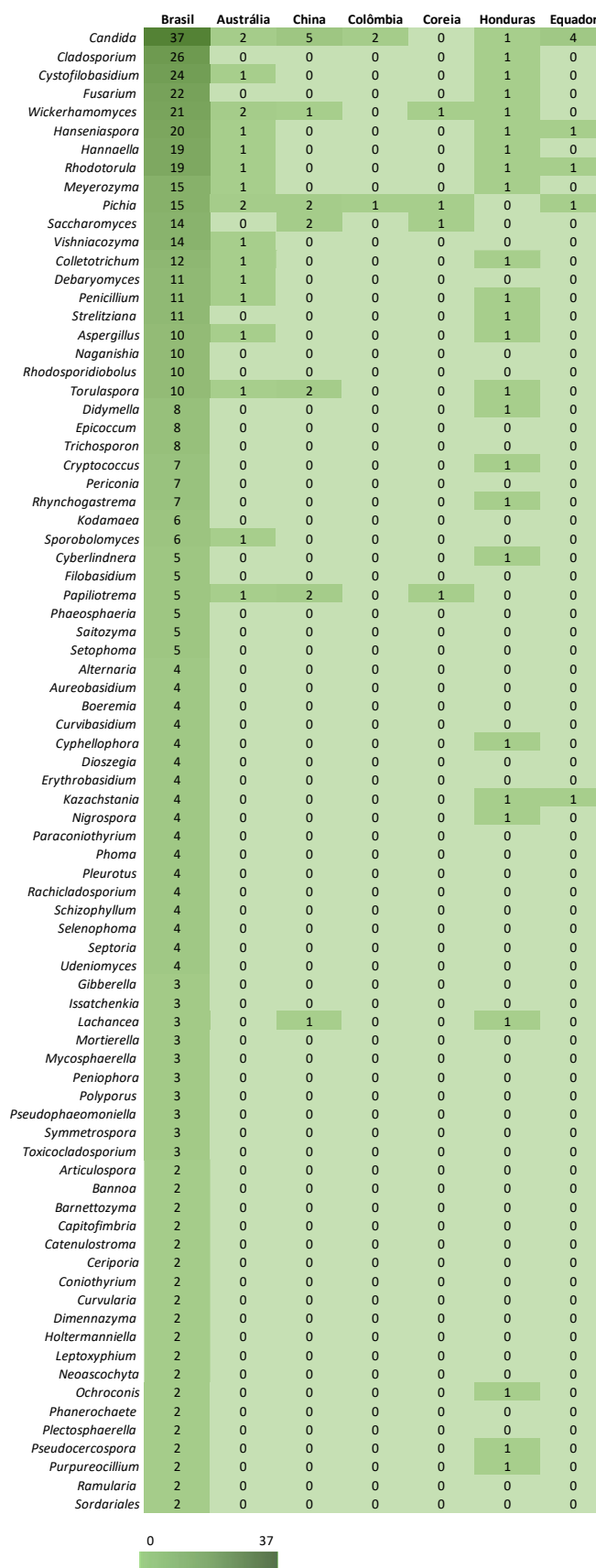


Fig.5 Heatmap of correlation between yeast and fungus genera most frequently identified in coffee fruits cultivated in different countries

Considering the influence of altitude on the composition of coffee fruits and beans, a study by Martinez et al. (2022)³⁴ revealed interesting findings. They observed that coffee grown at a lower altitude of 800 m exhibited the highest bacterial richness, while coffee at 1,000 m had the highest fungal richness. Although similar values were estimated for 800 m and 1,400 m, alpha diversity indices for bacteria (number and abundance of species) decreased as altitude increased, up to 1,200 m. Interestingly, only two bacterial species (*Leclercia* and *Weissella*) were reported at all altitudes. In terms of the fungal community, a total of 49 species were detected across all altitudes, including *Candida railenensis*, *Candida tropicalis*, *Hannaella sinensis*, *Hannaella zeae*, *Hanseniaspora uvarum*, and *Wickerhamomyces anomalus*.

Moreover, in the study conducted by Martinez et al. (2022)³⁴, the microbiological composition of pulped coffees subjected to self-induced anaerobic fermentation (SIAF) showed similar bacterial genera, which can be attributed to the specific processing method employed. Similar results were found by Martins et al. (2020)²⁰, where the microbial biodiversity varied based on both the altitude of coffee cultivation and the processing method used (natural or pulped). This indicates that both the altitude of cultivation and the processing techniques influence the overall microbial population and its presence throughout the fermentation process.

An investigation by Veloso et al. (2020)³³ revealed that topographic factors had a stronger influence on bacterial and fungal communities than edaphic factors. The researchers observed an increase in bacterial diversity with increasing altitude, while fungal richness showed a decrease. These findings contradict the results reported by Martinez et al. (2022)³⁴, where greater bacterial diversity was observed at lower altitudes and a reduction in alpha diversity was noted as altitude increased, accompanied by a higher variety and prevalence of fungi at higher altitudes. The divergence in results between the studies could be attributed to the different postharvest processing methods employed. Veloso et al. (2020)³³ focused on the natural microbiota of cherry coffees, whereas Martinez et al. (2022)³⁴ investigated the microbiota of pulped and fermented coffees for 48 hours. It is worth noting that the geographic region and coffee varieties studied were similar.

In the study by Veloso et al. (2020)³³, the most prevalent microbial communities included bacteria such as *Enterobacter* (35.1%), *Pantoea* (30.4%), *Methylobacterium* (19.4%), and *Sphingomonas* (4.6%), belonging to the phylum

Proteobacteria. The dominant fungal genera were *Cladosporium* (35.2%), *Fusarium* (16.4%), *Candida* (12.6%), *Strelitziana* (10.9%), and *Phaeosphaeria* (7.8%) from the phylum Ascomycota. Supplementary Material 1 provides a comprehensive list of other microorganisms identified in the study.

In their study, Martins et al. (2020)²⁰ identified a total of 27 species of mesophilic bacteria, 2 species of lactic acid bacteria, and 12 species of yeast in coffee fermentation. They observed that the microbiota of pulped coffee decreased at altitudes of 800 and 1000 m, while an increase was observed at altitudes of 1200 and 1400 m. Several species of mesophilic bacteria were exclusively identified in natural coffee, including *Acinetobacter pittii*, *Agrobacterium tumefaciens*, *Arthrobacter sulfonivorans*, *Cellulosimicrobium cellulans*, *Curtobacterium flaccumfaciens*, *Enterobacter cloacae*, *Lactococcus lactis*, *Lysinimonas soli*, *Microbacterium foliorum*, *Microbacterium testaceum*, *Micrococcus luteus*, and *Xanthomonas oryzae*, while others were found only in pulped coffee, such as *Acinetobacter radioresistens*, *Enterobacter aerogenes*, *Erwinia persicina*, *Gluconobacter cerinus*, *Micrococcus lactis*, and *Tatumella térra*. Among the yeasts, *Candida saopaulonesis*, *Candida railenensis*, *Cryptococcus flavescens*, *Debaryomyces hansenni*, *Lodderomyces elongisporus*, and *Wickerhamomyces anômalos* were found exclusively in natural coffee, whereas *Cryptococcus randhawai* was identified only in pulped coffee.

It is worth noting that a higher number of species were identified in natural coffee, which can be attributed to the presence of microorganisms in the fruit peel. Similar findings were reported by Pereira et al. (2022)³⁰ in fermented coffees from Lajinha and Três Pontas, Minas Gerais. Despite the differences observed, Martins et al. (2020)²⁰ also identified some similarities in the microbiota. The mesophilic bacteria with the highest abundance in both processes were *Leuconostoc mesenteroides*, *Weissella paramesenteroides*, and *Pantoea agglomerans*. Additionally, the lactic acid bacteria *Leuconostoc mesenteroides* and *Weissella paramesenteroides* were present in both processes, with *Leuconostoc mesenteroides* being the most abundant species across all altitudes studied. Among the fungi and yeasts, *Cystofilobasidium ferigula*, *Rhodotorula mucilaginosa*, and *Meyerozyma caribbica* were found in higher abundance in both natural and pulped coffee processes.

This revision clarifies the findings reported by Martins et al. (2020)²⁰ and provides a more organized presentation of the information. The distinction between the bacterial and yeast/fungal species exclusive to natural and pulped coffee is

emphasized, and the similarities in the microbiota between the two processes are highlighted. Additionally, the reference to Pereira et al. (2022)³⁰ is incorporated to support the findings.

Furthermore, in the study conducted by Martins et al. (2020)²⁰, it was observed that the highest diversity of mesophilic bacterial genera in natural and pulped coffee occurred at altitudes of 1400 m and 1200 m, respectively. Conversely, the greatest diversity of yeast genera in natural and pulped coffee was found at altitudes of 1000 m and 800 m, respectively. These findings align with the results reported by Veloso et al. (2020)³³, who also observed higher bacterial diversity at higher altitudes and greater fungal diversity at lower altitudes. Pereira et al. (2022)³⁰ further supported this correlation, as they found that in natural coffees, mesophilic and lactic acid bacteria were more abundant at higher altitudes (885 m-1161 m), while yeasts were more prevalent at lower altitudes (470-885 m). However, in contrast to these trends, Pereira et al. (2022)³⁰ identified that in pulped coffees, the highest richness of lactic acid bacteria species was found at lower altitudes (470 m), while a greater diversity of mesophilic bacteria and yeasts was detected at higher altitudes (885-1100 m).

Pereira et al. (2022)³⁰ conducted a study aiming to identify the microbiota of natural and pulped coffees processed using SIAF in different regions and altitudes, including Monte Carmelo (963.35 m), Três Pontas (885 m), Carmo de Minas (1161 m), and Lajinha (470 m). Their findings were consistent with the study by Martins et al. (2020)²⁰, as they identified several shared species, including *Leuconostoc mesenteroides* and *Staphylococcus epidermidis* among the bacteria and *Hanseniaspora uvarum* and *Meyerozyma caribbica* among the yeasts.

Pereira et al. (2022)³⁰ reported that in both natural and pulped coffees, the phylum Firmicutes dominated the microbial composition, represented by genera such as *Bacillus*, *Lactobacillus*, *Leuconostoc*, *Staphylococcus*, *Pediococcus*, and *Weissella*. Additionally, they detected nine other genera of mesophilic bacteria in natural coffees, including *Arthrobacter koreensis*, *Cellulosimicrobium* sp, *Enterobacter cloacae*, *Enterobacter hormaechei*, and *Zymomonas mobilis*. In pulped coffees, they identified *Acinetobacter johnsonii*, *Acinetobacter oryzae*, *Bacillus cereus*, and *Leuconostoc lactis*. The study also revealed the presence of five species of lactic acid bacteria in both natural and pulped coffee, namely, *Levilactobacillus brevis*, *Lactiplantibacillus plantarum*, *Leuconostoc mesenteroides*, *Pediococcus*

pentosaceus, and *Weissella cibaria*. Moreover, *Torulaspora delbrueckii* was exclusively found in natural coffee, while *Hanseniaspora opuntiae* and *Pichia kluyveri* were detected only in pulped coffee samples from Carmo de Minas and Lajinha. Last, the yeast *Hanseniaspora uvarum* was significantly abundant in both natural and pulped coffee from Três Pontas, and *Saccharomyces cerevisiae* was the most prevalent species in both types of coffee from Monte Carmelo.

With regard to the microbial composition at different altitudes, the variation in species and cell count can be attributed to climatic factors such as temperature and oxygen, which are closely linked to the altitude of coffee cultivation. It is well known that as altitude increases, there is a decrease in ambient temperature by approximately 0.6°C for every 100 meters, along with reductions in total atmospheric pressure and the partial pressure of atmospheric gases such as O₂ and CO₂. These factors have a significant impact on the microbial population ²⁰.

Throughout this review, it has been highlighted that the processing method of coffee fruit plays a crucial role in shaping the microbial community found in coffee beans. To further illustrate this influence, correlations were made between the identified genera and different fruit processing methods based on data reported in the literature. These correlations are depicted in Figures 6 and 7.

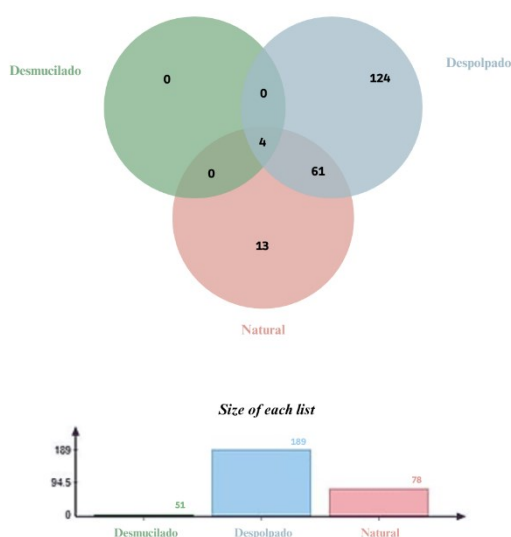


Fig.6 Venn diagram for bacterial genera identified in different processes used in Arabica coffee beans. We found 1 study with demucilated coffee, 11 studies with pulped coffee and 7 studies with natural coffee

Among the bacterial genera identified, 124 were exclusively found in pulped coffee, while 61 genera were detected in both natural and pulped coffee. Only 4 bacterial genera—*Lactobacillus*, *Lactococcus*, *Leuconostoc*, and *Weissella*—were identified across all three processing methods (natural, pulped, and demucilated). A similar pattern was observed for the genera of yeasts and fungi. Specifically, 126 genera were exclusively found in pulped coffee, 11 genera were exclusive to natural coffee, and 25 genera were shared between natural and pulped coffee. Six genera—*Candida*, *Hanseniaspora*, *Lachancea*, *Pichia*, *Saccharomyces*, and *Torulaspora*—were present in all three processing methods. Notably, the genus *Papiliotrema* was found in both pulped and demucilated coffee.

It is interesting to observe that pulped coffee presented much greater microbial diversity than natural and demucilated coffee fruits. Thus, it can be inferred that this greater diversity comes from the incorporation of microorganisms from other environments, such as the water used in pulping and equipment. However, it should be noted that for this correlation, 14 studies were found with pulped coffee, 7 studies with natural coffees and 1 study with demucilated coffee.

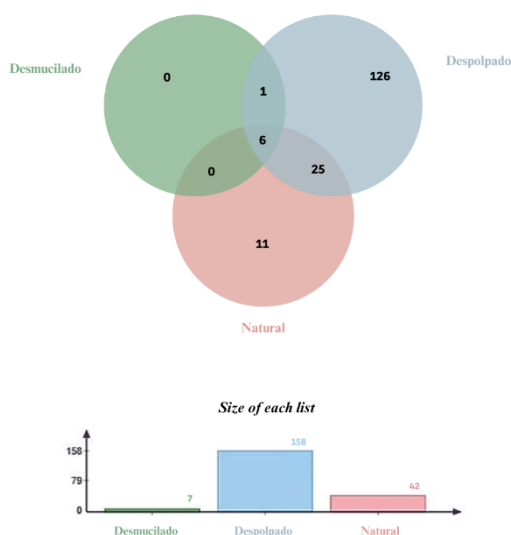


Fig.7 Venn diagram for yeast and fungus genera identified in different processes used in Arabica coffee beans. We found 1 study with demucilated coffee, 13 studies with pulped coffee and 5 studies with natural coffee

Carvalho Neto et al. (2017)²⁵ conducted a study to identify yeast species in pulped cherry coffee fruits grown at an altitude of 1250 m in the Cerrado Mineiro

region. The study identified a total of 35 yeast species at the beginning and end of the fermentation process. Initially, *Saccharomyces* sp., *Pichia kluyveri*, *Hanseniaspora uvarum*, *Meyerozyma caribbica*, *Torulaspora* sp., and *Torulaspora delbrueckii* were identified. However, after 48 hours of fermentation, only *Hanseniaspora vineae*, *Saccharomyces* sp., and *Pichia kluyveri* were detected. The most frequently detected species were *Saccharomyces* sp. (17), *Torulaspora delbrueckii* (6), and *Pichia kluyveri* (7). *Saccharomyces* sp. dominated at the end of the fermentation process, indicating its adaptability to the coffee fermentation environment. Notably, *Hanseniaspora vineae*, a species commonly associated with grapes, was identified for the first time in coffee.

It is worth emphasizing that the authors of the aforementioned study showed that there was an increase in the yeast count at the end of 48 h of fermentation when compared to the beginning. This result corroborates other studies and shows the ability of yeasts to metabolize the sugars in the coffee mucilage and to adapt to the hostile environment and the stress conditions that prevail during coffee fermentation. *Saccharomyces* sp. and *Pichia kluyveri* belong to genres found in common in all types of coffee fruit processing, which reinforces the idea of adaptation of these genres to the coffee environment. In addition, the ability to metabolize the pectin present in the coffee mucilage presented by some species of *Saccharomyces* can be considered an advantage over other nonpectinolytic yeasts²⁵. The authors suggest that *Hanseniaspora vineae* be included in research programs for the selection and development of functional coffee starter cultures since it has a great capacity to produce acetate esters that can attribute distinct fruity sensory notes to the coffee bean, enriching the final beverage's taste^{25,35,36}.

Melo Pereira et al. (2014)¹¹ identified yeasts from coffee fruits of the Mundo Novo variety (900 m), and Vilela et al. (2010)²² identified the microbiota of Bourbon variety coffee fruits (750-800 m), both cultivated in the municipality of Lavras, located in the southern region of Minas Gerais. When analyzing the identified genera, only *Saccharomyces* sp. was present in both cultivars in natural and pulped coffees. The species *Pichia fermentans*, *Pichia kluyveri*, *Candida glabrata*, *Candida quercitrusa*, *Pichia guilliermondii*, *Pichia caribbica* and *Hanseniaspora opuntiae* were exclusive to the pulped Mundo Novo variety. The species identified only in the Bourbon variety were *Arxula* sp., *Candida ernobii*, *Candida fukuyamaensis*, *Hanseniaspora uvarum*, *Kloeckera* sp., *Rhodotorula mucilaginosa*, and *Torulaspora*

delbrueckii in pulped coffee and *Candida membranifaciens*, *Candida carpophila* and *Pichia anomala* in pulped and natural coffees.

In this context, Melo Pereira et al. (2014)¹¹ carried out a preliminary screening to test the development capacity of the identified yeasts under stress conditions associated with coffee fermentation, as the ability of the yeast to adapt and grow in the hostile environment and the stress conditions that prevail in the fermentation matrix of coffee are of fundamental importance for the good performance of the fermentation process. Similarly, *Sacharomyces* sp., *Pichia fermentans*, *Pichia kluyveri*, *Pichia guilliermondii*, *Hanseniaspora opuntiae* and *Candida glabrata* were selected on the basis of their ability to grow in a pH range typical of coffee fermentation (pH 2.0 to pH 8.0), tolerance to osmotic pressure, tolerance to heat and tolerance to metabolite accumulation.

Haile and Kang (2019)³⁷ isolated yeasts during coffee fermentation by the wet processing method, and an increasing trend of yeasts was observed at the beginning of fermentation up to 48 h, and population reductions were observed at 72 and 96 h of fermentation, with the maximum growth detected at 48 h. In this context, it is worth noting that the number of yeast cells *S. cerevisiae* was significantly higher compared to other yeasts in 48 h of fermentation. A similar result was found by Melo Pereira et al. (2014)¹¹, in which *Saccharomyces* sp. was detected in greater abundance at 24 and 32 h of fermentation. Such yeast has unique characteristics, being highly reproducible and capable of fermenting very quickly, in addition to producing high amounts of carbon dioxide.

Zhang et al. (2019)³⁸ observed that pulped coffees had high counts of lactic acid bacteria, acetic acid bacteria, enterobacteria and yeasts, and the community members of these groups belonged to *Acetobacteraceae* (*Acetobacter*, *Gluconobacter* and *Kozakia*), enterobacteria, *Leuconostoc pseudomesenteroides*, *Pichia kluyveri*, *Hanseniaspora uvarum* and *Candida quercitrusa*. During the fermentation process, the counts of lactic acid bacteria prevailed in greater quantity in relation to other microbial groups. On the other hand, counts of enterobacteria and acetic acid bacteria showed a continuous decrease, and yeast counts and communities remained relatively stable, with the exception of *Starmerella bacillaris*, which became more pronounced as fermentation progressed.

Silva Vale et al. (2021)³⁹ detected a high presence of *Leuconostoc* and *Gluconobacter* in the prokaryotic group and *Saccharomycetales* and *Hanseniaspora*

in the eukaryotic group in pulped coffee. In addition, a higher prevalence of *Saccharomycetales* (19.83%), *Leuconostoc* (17.06%) and *Hanseniaspora* (15.13%) was identified in pulped coffee than in the surface of natural coffee fruits. The authors emphasize that this fact indicates a probable endophytic nature of lactic acid bacteria and fermentative yeasts in coffee fruits. The fewest sequences were associated with microbial groups originating from soil (*Edaphobacter*, *Niastella*, *Ramlibacter* and *Adhaeribacter*), freshwater bodies (*Arthrospira*, *Limnohabitans* and *Lophiostoma*), the digestive tract of coffee pests (*Chryseobacterium*, *Acinetobacter*, *Faecalibacterium* and *Ochrobactrum*) and human contact (*Micrococcus*, *Aspergillus*, *Veillonella*, *Corynebacterium* and *Malassezia*).

Pregolini et al. (2021)² reported a strong presence of the family *Saccharomycetales* in natural and pulped coffee, suggesting the favoring of the fermentation process. This order comprises approximately 1,000 known species, including yeasts *Pichia*, *Saccharomyces*, *Meyerozyma*, *Candida* and *Hanseniaspora*, that are commonly selected as starter cultures for coffee fermentation (Bressani et al., 2020; Elhalis et al., 2020). In addition, the authors highlight the likely possibility that most of the yeasts found are endophytic, given that coffee cherries had a low incidence of *Saccharomycetales* (1.33%), while pulped coffees had a high frequency (69.15%).

Furthermore, Pregolini et al. (2021)² found high frequencies of Enterobacteriaceae in natural and pulped coffees. However, this finding is not desirable because, during fermentation, Enterobacteriaceae are mainly associated with the formation of off-flavor metabolites, such as 3-isopropyl-2-methoxy-5-methylpyrazine, 2,3-butanediol and butyric acid⁴⁰. High frequencies of *Leuconostoc* were also observed in coffee beans before pulping (53.48%) and pulped beans (20.24%). This abundance may be associated with its ability to produce a diverse range of saccharolytic enzymes and because it has a carbohydrate capture system^{2,41}.

Zhang et al. (2019)³⁸ observed that the species *Lactococcus lactis*, *Hanseniaspora uvarum* and *Leuconostoc holzapfelii* were found in higher concentrations in demucilated coffee fermentations than in pulped processes. On the other hand, some species were found in greater numbers in fermentations with pulped coffee than in demucilated coffee, including *Candida humilis*, *Leuconostoc mesenteroides* and *Pichia kluyveri*. The researchers concluded that the type of fruit

processing and duration of fermentation had a significant effect on the composition of the microbial community. This fact was also observed by Vilela et al. (2010)²², who showed in their study that the microbial populations present during coffee processing directly depend on the method employed.

Despite the differences in processing methods and geographical regions, some microorganisms are commonly found in different coffee processing scenarios. For example, Elhalis et al. (2020)⁴² identified the microbiota of pulped Bourbon variety coffee in Australia, while Zhang et al. (2019)⁴³ studied pulped and demucilated Catimor variety coffee cultivated in China. In both studies, the bacteria *Leuconostoc mesenteroides* and *Lactococcus lactis* as well as the yeasts *Hanseniaspora uvarum* and *Wickerhamomyces anomalus* were found in the coffee samples, albeit only in the pulped coffee. At the genus level, the yeast genera *Pichia* and *Candida* were shared between pulped and demucilated coffees. Furthermore, Oliveira Junqueira et al. (2019)⁴⁴ examined the microbiota of pulped Arabica coffee grown in Colombia, while Leong et al. (2014)⁴⁵ investigated the microbiota of natural Arabica coffees grown in Taiwan. The researchers identified common bacterial genera, including *Weisella*, *Leuconostoc*, *Lactococcus*, *Lactobacillus*, and *Enterococcus*. These findings highlight the presence of shared microbial communities across different coffee processing methods and geographical locations.

In addition to considering the microbial variety between regions and processing methods, it is relevant to study the behavior of microorganisms in relation to coffee variety. Ribeiro et al. (2018)⁴⁶ analyzed the microbiota of three coffee varieties, Ouro Amarelo, Mundo Novo and Catuaí Vermelho. In this investigation, the researchers found expressiveness of mesophilic bacteria and lactic acid bacteria in cherry coffee. The species found in the three varieties were *Cellulosimicrobium cellulans* and *Enterobacter cloacae*. Other species were detected in common in only two varieties, such as *Bacillus asahii* in Ouro Amarelo and Mundo Novo and *Bacillus megaterium*, *Bacillus subtilis* and *Enterobacter asburiae* in Mundo Novo and Catuaí Vermelho.

Specific species were found exclusively in certain coffee varieties, in Ouro Amarelo: *Bacillus clausii*, *Bacillus licheniformis*, *Bacillus safensis*, *Rhizobium radiobacter* and *Enterococcus casseliflavus*; in Mundo Novo: *Bacillus humi* and *Bacillus simplex*; and in Catuaí Vermelho: *Arthrobacter gandavensis*, *Arthrobacter koreensis*, *Bacillus megaterium*, *Microbacterium paraoxydans*, *Pantoea*

bagglomerans, *Rhizobium pusense*, *Rhodococcus pyridinivorans*, *Rhosococcus rhodochrous*, and *Lactobacillus plantarum* ⁴⁶.

By analyzing the comprehensive data obtained from the literature, the Venn diagrams represented in Figures 8 and 9 were constructed, which correlate the microorganisms identified exclusively or in common among the varieties Bourbon, Catimor, Catuaí, Mundo Novo and Typica, which were investigated in the studies found. Upon analyzing the data, it is evident that the bacterial genus *Leuconostoc* was present in all coffee varieties studied, while the yeast genera *Candida*, *Pichia*, and *Hanseniaspora* were found in all varieties as well. Interestingly, the genus *Cordyceps* was exclusive to the Catimor variety.

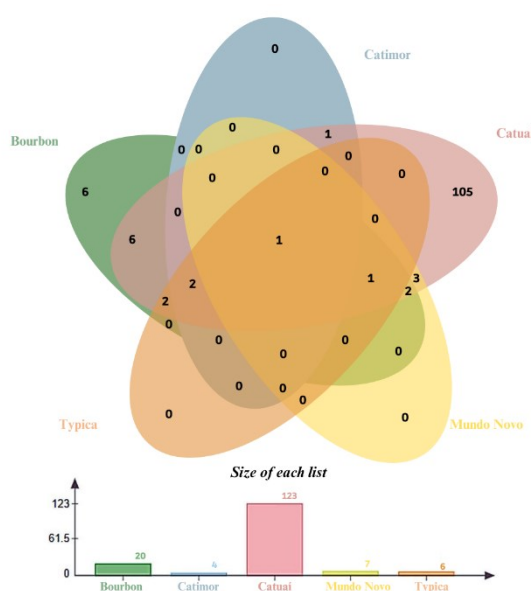


Fig. 8 Venn diagram for bacterial genera identified in Arabica coffee varieties

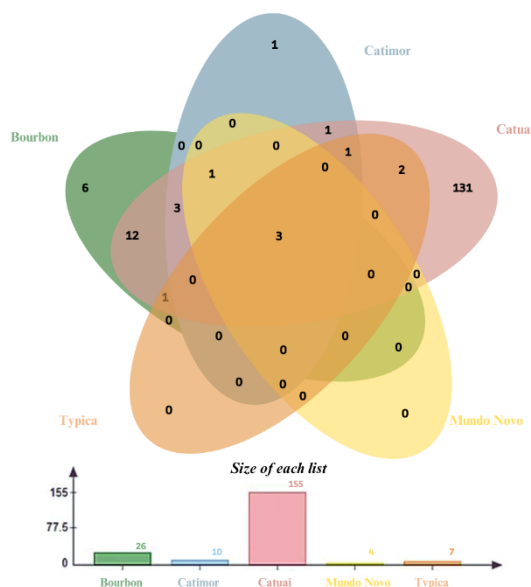


Fig. 9 Venn diagram for yeast and fungus genera identified in Arabica coffee varieties

In a study conducted by Melo Pereira et al. (2015)⁴⁷, bacteria from Catuaí coffee fruits (cultivated at an altitude of 1270 m) in the Cerrado Mineiro region were identified. Vilela et al. (2010)²², on the other hand, investigated the microbiota of Bourbon coffee fruits (grown at altitudes of 750-800 m) in the municipality of Lavras, located in the southern region of Minas Gerais. Comparing the microorganisms identified in these two varieties, it was found that only *Bacillus subtilis* was present in both pulped varieties. For the Catuaí variety, the specific bacterial species included *Microbacterium testaceum*, *Microbacterium radiodurans*, *Microbacterium paraoxydans*, *Streptomyces misionensis*, *Nocardia niigatensis*, *Nocardia transvalensis*, *Rhodococcus wratislaviensis*, *Arthrobacter scleromae*, *Pseudomonas* sp., *Cellulosimicrobium* sp., and *Curtobacterium* sp. In the Bourbon variety, the species identified were *Acinetobacter* spp., *Bacillus cereus*, *Bacillus* sp., *Bacillus macerans*, *Bacillus megaterium*, *Enterobacter agglomerans*, *Erwinia herbicola*, *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Lactobacillus brevis*, *Lactobacillus plantarum*, *Leuconostoc mesenteroides*, *Serratia* sp. for pulped coffee, and *Bacillus* sp. and *Lactococcus lactis* in natural coffee.

These findings highlight the distinct microbial profiles associated with different coffee varieties, providing valuable insights into the specific microorganisms present in each variety and their potential contributions to coffee quality and flavor.

5. Microbiota present in the soil and its relationship with the fruit

The soil microbiota plays an important role in the cycling of nutrients, considering that it provides the necessary mineral nutrition for the crop. On the other hand, the fruit microbiota is also of great importance, as it acts during coffee fermentation, degrading the mucilage and impacting the taste of the beverage. Thus, it is relevant to study and compare the microbiota shared between these two niches since the chemical and topographical factors of the soil can influence the microbial composition in coffee crops. In addition, soil microorganisms can be carried to the fruit by physical mechanisms, such as wind and insects, and therefore, there may be a relationship between the microbiota of these two habitats ^{33,48}, as illustrated in Figure 10.



Fig. 10 Representation of the exchange of microorganisms between soil and coffee fruits

In Figures 11 and 12, correlations of the genera of bacteria, yeasts, and fungi found in coffee cultivation soils and coffee fruits are presented. These correlations provide insights into the shared microorganisms between these two habitats and highlight the potential exchange of microorganisms between the soil and the fruit during coffee cultivation.

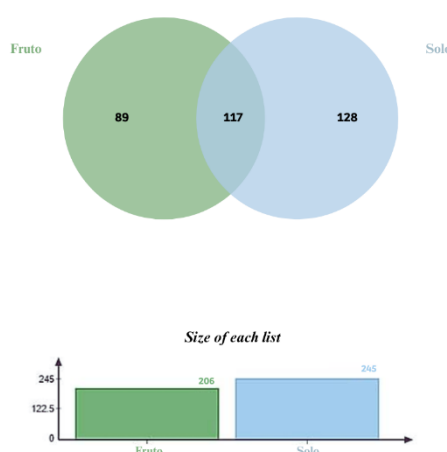


Fig. 11 Venn diagram for bacterial genera identified in soil and fruits of Arabica coffee and their correlations

In the analysis of the bacterial genera reported in the literature, 128 were identified exclusively in soil, 89 exclusively in fruits and 117 were shared between both. Of these microorganisms present both in the soil and in coffee fruits, the following stand out: *Leuconostoc*, *Bacillus*, *Acetobacter*, *Lactobacillus*, *Enterobacter*, *Gluconobacter*, *Lactococcus*, *Acinetobacter*, *Pantoea*, *Pseudomonas* and *Staphylococcus*. Similarly, considering all yeast and fungus genera reported in the literature, 120 were identified exclusively in soil, 109 exclusively in fruits and 60 were shared between the two environments. Among the yeasts and fungi present both in the soil and in coffee fruits, *Candida*, *Cladosporium*, *Cystofilobasidium*, *Hanseniaspora*, *Wickerhamomyces*, *Fusarium*, *Pichia*, *Rhodotorula*, *Hannaella*, *Meyerozyma*, *Colletotrichum*, *Torulaspora*, *Penicillium* and *Aspergillus*.

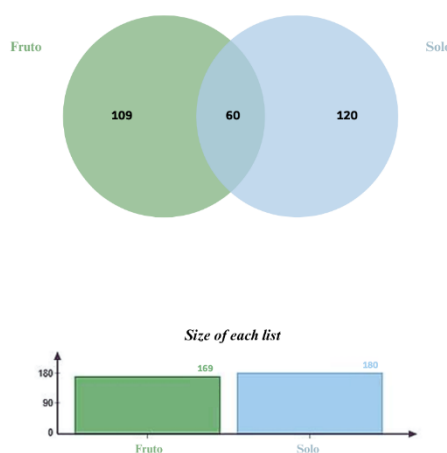


Fig. 12 Venn diagram for yeast and fungus genera identified in Arabica coffee soil and fruits and their correlations

The native microbiota present in the fruits and soil has a strong impact on any coffee fermentation process. In this sense, the microbial terroir gains prominence and relevance, since the characteristic and unique flavors and aromas of each region in fermented products, especially in coffee, may be partly due to the regionally structured microbial diversity ³⁹. To analyze the influence of terroir on the microbial composition of coffee soil, correlations were made between bacteria, yeasts and fungi reported in the literature in coffee-growing soils from different regions of Brazil, as shown in Figures 13 and 14.

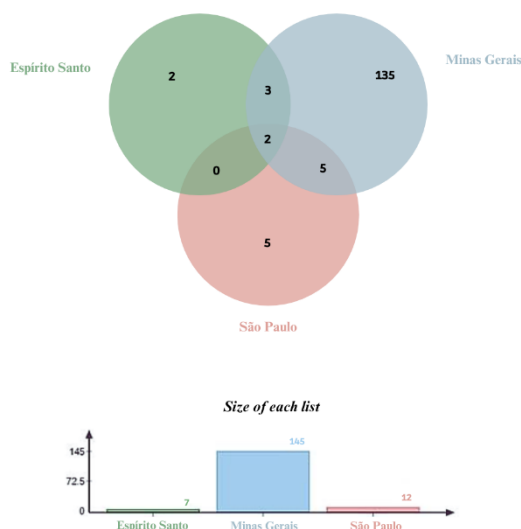


Fig. 13 Venn diagram for bacterial genera identified in soil cultivated with Arabica coffee in different Brazilian regions

Among the bacterial genera identified exclusively in soils of each region, 135 were identified in Minas Gerais, 2 in Espírito Santo and 5 in São Paulo. The genera *Bradyrhizobium* and *Sphingomonas* were found in the three regions, *Candidatus*, *Nitrospira* and *Steroidobacter* were identified in Minas Gerais and Espírito Santo, and those shared between Minas Gerais and São Paulo were *Amycolatopsis*, *Burkholderia*, *Mycobacterium*, *Pseudomonas* and *Streptomyces*.

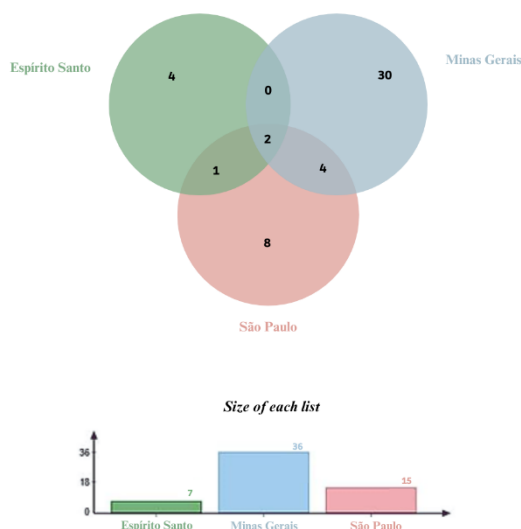


Fig. 14 Venn diagram for yeast and fungus genera identified in soil cultivated with Arabica coffee in different Brazilian regions

Concerning yeast and fungus genera, 30 were identified in Minas Gerais, 4 in Espírito Santo and 8 in São Paulo. The genera *Fusarium* and *Penicillium* were found in the three regions, *Aspergillus* was identified in São Paulo and Espírito Santo, and 4 were shared between Minas Gerais and São Paulo: *Chaetomium*, *Colletotrichum*, *Purpureocillium* and *Trichoderma*. It is worth noting that Minas Gerais had a greater diversity of microbial genera, as more studies and research were found with a greater number of data on microorganisms than the other Brazilian states.

In addition, correlations were performed between the bacterial and yeast/fungal genera identified in Brazil, China, Colombia, Honduras and Mexico, as shown in Figures 15 and 16. The microbial genera most found in coffee soils were *Candidatus*, *Bradyrhizobium*, *Nitrospira*, *Sphingomonas*, *Mycobacterium*, *Ruminococcus* and *Streptomyces*. The most identified yeast and fungus genera were *Acaulospora*, *Fusarium*, *Penicillium*, *Aspergillus*, *Chaetomium*, *Colletotrichum*, *Purpureocillium* and *Trichoderma*.

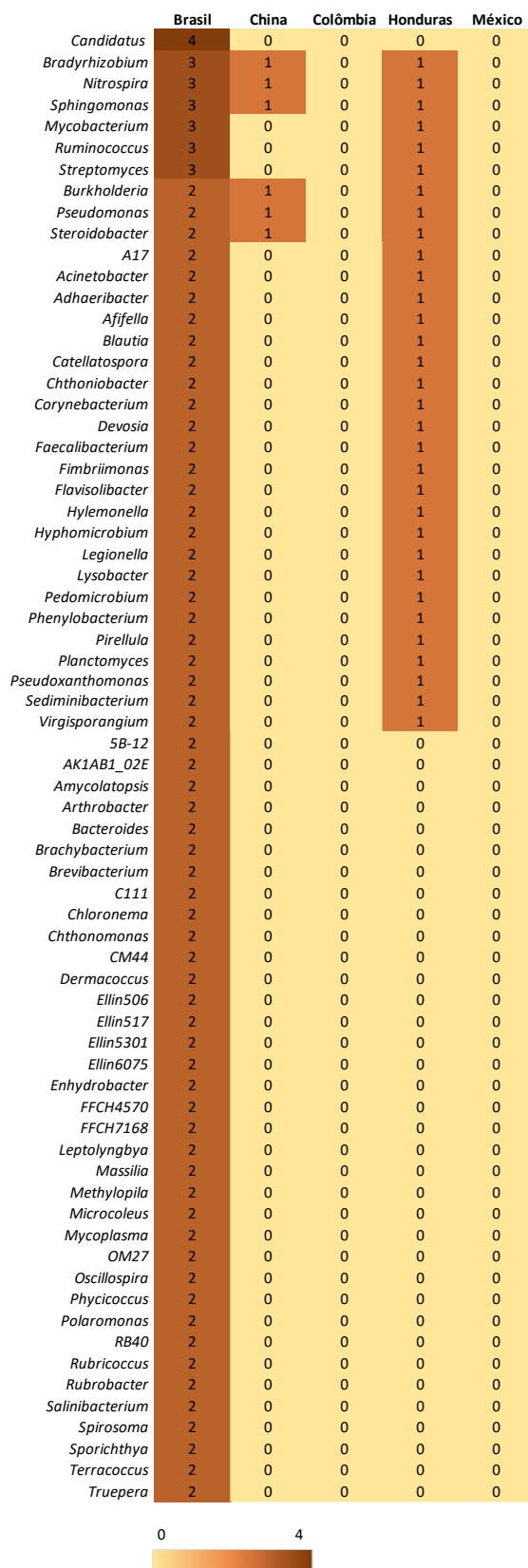


Fig. 15 Correlation heatmap between the bacterial genera most frequently identified in coffee-growing soil in different countries

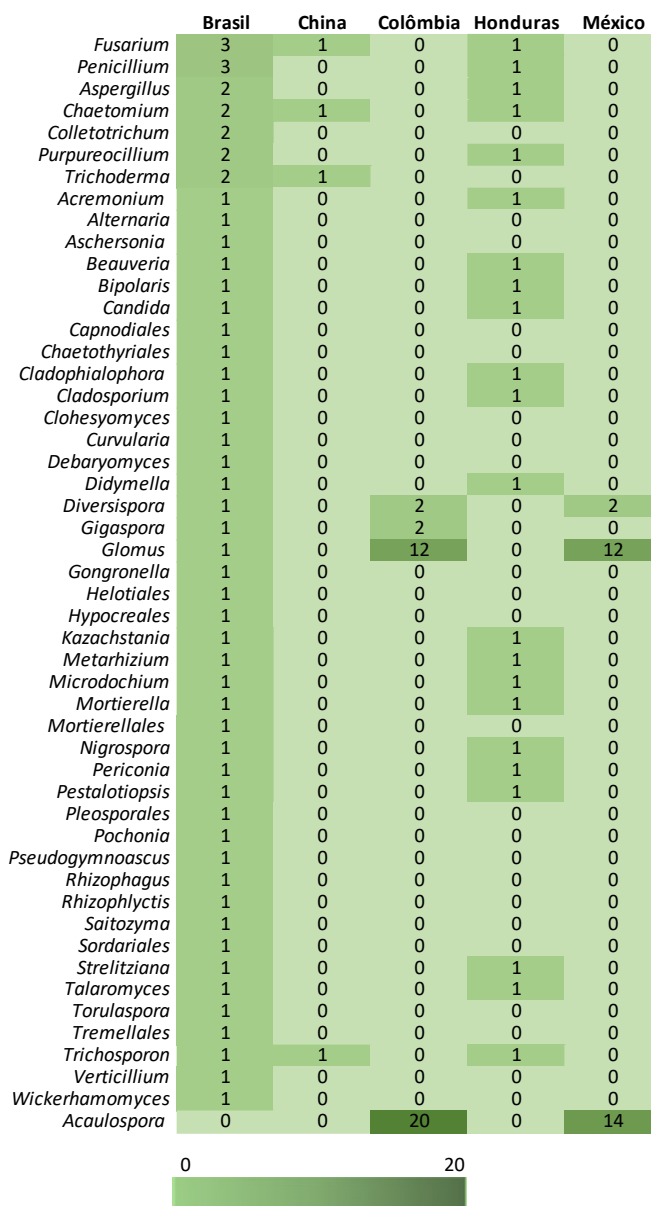


Fig. 16 Heatmap of the correlation between yeast and fungal genera most frequently identified in coffee-growing soil in different countries

Veloso et al. (2020)³³ studied the taxonomic composition and bacteria shared between soil and fruits in three altitudinal zones: low altitudes (< 800 m), medium altitudes (between 800 and 1,000 m) and high altitudes ($\geq$ 1,000 m). In all altitudinal zones, the most abundant bacterial phylum was Proteobacteria, which was more predominant in the soil (76 to 98%) than in the fruits (35 to 98%), and Ascomycota was the most abundant fungal phylum, both in the soil and fruit. The bacterial community was more influenced by edaphic factors than by topographic factors. On the other hand, the fungal community was equally influenced by both.

The bacterial indices in the soil were influenced by solar radiation but were not influenced by altitude, while the altitude-soil relationship was suggested to be responsible for the richness and uniformity of the fungi.

In this same study, researchers identified two fungal phyla in fruits (Ascomycota, Basidiomycota) and three in soil (Ascomycota, Basidiomycota, Mortierellomycota). Only the genus *Fusarium* was found in the soil and fruit. Regarding the bacterial population, 9 phyla were found in the fruits and 14 phyla in the soil, with Acidobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes, Gemmatimonadetes, Nitrospirae, Planctomycetes, Proteobacteria and Verrucomicrobia being the phyla found in the soil and in the fruits. The genus *Sphingomonas* was found in both ³³.

In addition, the researchers assessed the percentage of fungi and bacteria shared between soil and fruit across the three altitude zones and found that as altitude increased, the percentage of shared bacterial operational taxonomic units (OTUs) decreased and fungal OTUs increased. In addition, a prediction of the functional profile of these shared bacteria was performed, and they found an increase in functional roles in the higher altitudinal zones, with some shared functions such as degradation of aromatic compounds and nitrate reduction being found exclusively in the higher altitudinal zone (> 1,000 m) ³³.

Differences in microbiota at different altitudes can be explained, for example, by exposure to slopes, as topographic factors cause differences in microclimate, in particular, in soil temperature, which correlates with carbon and nitrogen content. of the soil, which can promote changes in the structure of the bacterial community. In addition, light intensity, soil electrical conductivity and temperature are influenced by the elevation of the mountain slope, by the cultivation system and/or the interaction of both, which are factors that have the potential to affect soil macrofauna in coffee plantations ^{33,49}.

Veloso et al. (2020)³³ found an increase in bacterial diversity in coffee berries at higher altitudes, and Siles & Margesin (2016)⁵⁰ found this correlation in the soil. This increase in microbial diversity can be explained by the greater contribution of the soil as a source of bacteria compared to the soil at low altitudes. Thus, the soil can act as a source of bacteria for the development of endophytic bacteria. In addition, high-altitude soils provide bacteria with functional properties that can act with a greater production of metabolites by providing enzymes and important compounds for conducting the fermentation process of the coffee mucilage, thus

contributing to better fermentation of the fruits. in postharvest processing and obtaining higher quality beverages ^{33,37,51–53} .

Silva Vale et al. (2021)³⁹ detected 299 bacteria and 221 fungi in coffee soil, with the presence of bacteria being reported as *Corynebacterium*, *Micrococcus*, *Candidatus Solibacter*, and *Candidatus*, with emphasis on *Nitrososphaera*. The genus *Bacillus* (22.52%) markedly dominated the bacterial composition of the soil, followed by *Gaiellaceae* (6.12%). In this context, it is worth noting that species of the genus *Bacillus* are famous for dominating soil microbial communities due to their good adaptation to soil pH and moisture, in addition to the presence of organic matter promoted by agricultural management practices ^{39,54} .

Nevertheless, according to the study by Silva Vale et al. (2021)³⁹, the predominant soil eukaryotic communities were the orders Pleosporales (16.18%) and Hypocreales (15.04%). The soil acts as a shelter environment for these eukaryotic organisms, which have the potential to migrate to the plant via the xylem ⁵⁵ . Some fungi within the two aforementioned orders have been reported as endophytic microorganisms on coffee plants in different regions ^{39,56,57} . The second highest microbial incidence was of *Enterobacteria*, which included in the samples the fruits and leaves collected from the coffee tree and the soil, and the proportion of Enterobacteriaceae increased in the leaves and fruits collected from the soil (28.21% and 61.04%, respectively) compared to leaves and fruits collected directly from the coffee tree (3.93% and 28.64%, respectively). Finally, the least abundant sequences were commonly associated with microbial groups originating from native soil (*Edaphobacter*, *Niastella*, *Ramlibacter* and *Adhaeribacter*) ³⁹.

It is also worth mentioning the common microorganisms found in soil and coffee fruits that were identified in the study by Silva Vale et al. (2021)³⁹. Fifty bacterial genera and 28 fungal genera were found in common in soil and fruit, including the bacteria *Leuconostoc*, *Gluconobacter*, *Acetobacter*, *Klebsiella*, *Enterobacter*, *Erwinia*, *Lactococcus*, *Methylobacterium*, *Sphingomonas*, among others, and the fungi *Candida*, *Hanseniaspora*, *Fusarium*, *Meyerozyma*, *Rhodotorula*, *Aspergillus*, *Penicillium*, among others.

Pregolini et al. (2021)² detected 214 bacterial groups in the soil of a coffee farm, thus constituting a rich soil with high microbial complexity, with emphasis on the high dominance of *Amycolatopsis* and *Methylobacterium* and low frequency of *Enterobacteriaceae*. However, a large part of the bacterial groups that have been

identified in coffee plantation soils, such as *Amycolatopsis*, *Bacillus*, *Bradyrhizobium*, *Pseudolabrys*, *Rhodoplanes* and *Sphingomonas*, are not associated with fermentation; therefore, contact with the fruits must be avoided at this time preceding the fermentation process, as they can interfere with postharvest processing, which can lead to the production of unwanted aromas for the coffee beans.

Furthermore, Pregolini et al. (2021)² characterized coffee soil by the low frequency of *Saccharomycetales*, the dominance of specific groups such as *Pleosporales*, *Mycosphaerellaceae* and *Colletotrichum*, and the marked presence of filamentous fungi such as *Cladosporium*, *Colletotrichum*, *Fusarium* and *Mycosphaerellaceae*, which are undesirable in the fermentation process. Thus, cleaning procedures must be performed to prevent the growth of these microbial groups. As in the aforementioned study, the genera *Cladosporium* and *Fusarium* were also observed at high frequencies in the soil of Honduras in the study by Silva Vale et al. (2021)³⁹ previously mentioned.

In the study conducted by Pregolini et al. (2021),² microorganisms in coffee fruits were identified, and when comparing the two microbial communities, 215 bacterial genera and 28 fungal genera were found in common in the soil and in the fruit, including the bacteria *Erwinia*, *Leuconostoc*, *Methylobacterium*, *Lactobacillus*, *Pediococcus*, *Pseudomonas*, *Streptococcus*, and *Mycobacterium*, among others, and the fungi *Cladosporium*, *Fusarium*, *Wickerhamomyces*, *Torulaspora*, *Candida*, *Mortierella*, *Penicillium*, and *Talaromyces*, among others.

Zhao et al. (2018)⁵⁸ selected four coffee plantations with 4, 18, 26 and 57 years of monoculture history to investigate the influence of continuous cultivation on chemical properties and soil microbial communities. In this research, they identified 12 bacterial phyla over the years of cultivation, and among these phyla, Proteobacteria was the most abundant (31.82%), followed by *Acidobacteria* (23,07%), *Bacteroidetes* (7,20%), *Verrucomicrobia* (7,08%), *Actinobacteria* (5,13%), *Firmicutes* (1,90%), *Chloroflexi* (1,74%) and *Planctomycetes* (1,39%). Five fungal phyla were detected in the soil samples: *Ascomycota* (80,95%), *Basidiomycota* (9,83%), *Chytridiomycota* (0,02%), *Glomeromycota* (0,02%), and *Zygomycota* (0,37%). It was observed that the abundance of the bacterial phyla *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Nitrospira* and *Gemmatimonadetes* and the fungal phylum *Ascomycota* decreased with years of cultivation, while *Firmicutes* bacteria and the fungus *Basidiomycota* increased over time (Zhao et al., 2018). Nevertheless, they

investigated the 20 most abundant genera, and it was found that the relative abundances of the bacteria *Gp 6*, *Gp 4*, *Terrimonas*, *Pseudomonas*, *Nitrospira* and *Gemmatimonas* and the fungi *Phaeosphaeria*, *Coniochaeta*, *Thermomyces* and *Trichoderma* decreased significantly with the continuous cultivation of coffee, while the relative abundance of *Thiobacillus* bacteria and *Cryptococcus* fungi increased significantly in coffee fields with 57 years of cultivation.

The results of the redundancy analysis based on the relative abundances of bacterial and fungal phyla and environmental variables indicated that soil pH, organic matter, electrical conductivity and N, P and K contents explained 42.42% and 51.50% of the total variation in bacterial and fungal communities, respectively. *Proteobacteria*, *Nitrospira* and *Bacteroidetes* were more associated with soil organic matter, while *Acidobacteria* and *Firmicutes* were more related to N and electrical conductivity, respectively. Fungi, on the other hand, were more related to soil pH and organic matter, with *Ascomycota* being more associated with soil organic matter, while *Basidiomycota* was associated with P and electrical conductivity ⁵⁸.

Yamauchi et al. (2021)⁵⁹ identified in the soil of the Botucatu region (São Paulo) that the most frequent fungal phylum was *Ascomycota*, a result similar to that found by Sousa et al. (2022)⁶⁰ in Campinas (Sao Paulo). Second, the authors found *Basidiomycota* more frequently and *Mortierellomycota*, *Mucoromycota*, *Chytridiomycota* and *Glomeromycota* were found in smaller quantities. Some orders, such as *Hypocreales*, *Eurotiales* and *Pleosporales*, were the most dominant. *Sordariales*, *Agaricales*, *Onygenales*, *Mortierellales*, *Microascales* and *Saccharomycetales* also showed high frequencies. The other results differed from those of Sousa et al. (2022)⁶⁰, who detected a predominance of bacteria from the phyla *Proteobacteria* and *Actinobacteria*, with more than 70% abundance, in soil samples from Arabica Coffee, while in the fungal community, *Mucoromycota* prevailed in addition to *Ascomycota*, with more than 80% abundance. In relation to the taxonomic distribution, the predominant ones were the bacteria of the genera *Streptomyces*, *Bradyrhizobium* and *Mycobacterium* and fungi of the genera *Fusarium*, *Trichoderma*, *Aspergillum*, *Rhizophagus*, *Penicillium* and *Periconia*.

It is worth noting that several members of the bacteriomas detected in the study by Sousa et al. (2022)⁶⁰ are related to promoting growth, such as *Bradyrhizobium*, *Pseudomonas*, *Burkholderia*, *Sphingomonas*, *Methylobacterium*, *Bacillus* and *Azospirillum*. In addition, fungi have the potential to promote plant

growth and control phytopathogens, such as *Aspergillus*, *Penicillium* and *Trichoderma*^{60,61}.

Nevertheless, Caldwell et al. (2015)⁶² identified in their coffee soil microbiome study that the most prevalent phylum detected was Proteobacteria, followed by Acidobacteria and Actinobacteria, similar to that found by Sousa et al. (2022)⁶⁰. This reinforces the statement by Caldwell et al. (2015)⁶² in their study, which emphasized that such an event is common in other soil microbiomes, since the rhizospheric soil of the studied coffee tree contained a highly diverse group of prokaryotes.

Posada et al. (2018)⁶³ described the species composition of *Glomeromycotian* in coffee plantations in Colombia and Mexico. In that research, species of arbuscular mycorrhizal fungi were detected that were distributed in 25 genera of *Glomeromycotian*: *Acaulospora*, *Albahypha*, *Ambispora*, *Archaeospora*, *Cetraspora*, *Claroideoglossum*, *Dentiscutata*, *Diversispora*, *Dominikia*, *Entrophospora*, *Funneliformis*, *Fuscutata*, *Gigaspora*, *Glomus*, *Intraspora*, *Kuklospora*, *Orbispora*, *Otospora*, *Paraglossum*, *Quatunica*, *Racocetra*, *Rhizoglossum*, *Sclerocystis*, *Scutellospora* and *Septoglossum*. Among the species, only 9 were not shared between the two countries, *Acaulospora* sp, *Cetraspora armeniaca*, *Glomus pallidum*, *Glomus spinuliferum*, *Glomus* sp., *Glomus* sp.6, *Kuklospora* sp, *Scutellospora calospora* and *Septoglossum deserticola*. Nevertheless, the most common species in both countries were *Acaulospora mellea*, *Acaulospora spinosa*, *Ambispora fênica*, *Diversispora aurantium*, *Dominikia aurea*, *Glomus brohultii*, *Rhizoglossum clarum* and *Rhizoglossum intraradices*. The less common species were *Cetraspora gilmorei*, *Sclerocystis taiwanensis*, *Otospora bareae*, *Quatunica erythroa*, *Scutellospora arenicola* and *Septoglossum xanthium*.

6. Conclusion

Differences found in microbial structure and diversity in coffee fruits and soil confirm that climate and microclimate changes can directly influence the microbiota associated with coffee. In addition, genetics and the processing method used postharvest are also factors that exert a strong influence on the microbial community. Together, these aspects corroborate the composition of a unique microbiota with distinct characteristics in coffee beans and, therefore, influence the

production of beverages with different and varied sensory perceptions, since the microbiota and fermentation are responsible for producing important precursor compounds of flavor and aroma to coffee.

Furthermore, some similarities can be observed in the composition of the microbiota of soil and fruit, since microorganisms were found in common in both environments, confirming that there is an exchange of microorganisms between both. Correlations were also found between growing region, processing method and varieties, in which some microorganisms were shared between Brazilian regions and between different countries, between different processing methods and between some varieties of Arabica coffee.

The fermentative process inoculated with microorganisms selected from coffee fermentation has been related to changes in chemical compounds and has shown that it is capable of modifying and producing coffees with desirable sensory characteristics, giving the beverage a higher score and different sensory profiles. In view of the literature survey, it is observed that the starter cultures most used for inducing the fermentation process are *Meyerozyma caribbica*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Candida parapsilosis* and *Torulaspora delbrueckii*. It is worth mentioning that these results are only possible due to the study of the microbiota during fermentation.

The microbiota data from coffee fruits and soil presented throughout this review contribute to a better understanding of the composition of the coffee microbiome. All this information about the microorganisms present in coffee fruits opens up perspectives for their application in improving the coffee fermentation process, such as the production of high-quality coffee beans, selection of specific microbial groups for inoculation in fermentations and obtaining the modulation of aroma and taste. However, the microbial terroir of different coffee-producing regions must be deeply investigated before its practical application.

STATEMENTS AND DECLARATIONS

Competing interests

The authors have no competing interests to declare that are relevant to the content of this article.

Funding

The authors thank CAPES, FINEP (0514/18), FAPEMIG (APQ-04267-22), and FAPESP (2021/06968-3) for financial support to this project and the Rural Producer Décio Bruxel for making this work feasible. We also thank the Brazilian development agency, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), with the provision of 1 graduate scholarship.

REFERENCES

1. Pérez-Sariñana BY, Saldaña-Trinidad S, Pérez-Sariñana BY, Saldaña-Trinidad S. Chemistry and Biotransformation of Coffee By-Products to Biofuels. *The Question of Caffeine*. Published online June 21, 2017. <https://doi.org/10.5772/INTECHOPEN.68598>
2. Pregolini VB, de Melo Pereira GV, da Silva Vale A, de Carvalho Neto DP, Soccol CR. Influence of environmental microbiota on the activity and metabolism of starter cultures used in coffee beans fermentation. *Fermentation*. 2021;7(4):278. <https://doi.org/10.3390/fermentation7040278>
3. Ruta LL, Farcasanu IC. Coffee and Yeasts: From Flavor to Biotechnology. *Fermentation* 2021, Vol 7, Page 9. 2021;7(1):9. <https://doi.org/10.3390/FERMENTATION7010009>
4. Coffee: World Markets and Trade | USDA Foreign Agricultural Service. Accessed November 6, 2022. <https://www.fas.usda.gov/data/coffee-world-markets-and-trade>
5. de Melo Pereira G V., de Carvalho Neto DP, Magalhães Júnior AI, et al. Exploring the impacts of postharvest processing on the aroma formation of coffee beans – A review. *Food Chem.* 2019;272:441-452. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2018.08.061>
6. Rotta NM, Curry S, Han J, et al. A comprehensive analysis of operations and mass flows in postharvest processing of washed coffee. *Resour Conserv Recycl.* 2021;170:105554. <https://doi.org/10.1016/J.RESCONREC.2021.105554>
7. Saud S, Salamatullah AM. Relationship between the chemical composition and the biological functions of coffee. *Molecules*. 2021;26(24):1-14. <https://doi.org/10.3390/molecules26247634>
8. Bhandarkar NS, Mouatt P, Majzoub ME, Thomas T, Brown L, Panchal SK. Coffee pulp, a by-product of coffee production, modulates gut microbiota and improves metabolic syndrome in high-carbohydrate, high-fat diet-fed rats. *Pathogens*. 2021;10(11):1369. <https://doi.org/10.3390/PATHOGENS10111369>

9. Janne Carvalho Ferreira L, de Souza Gomes M, Maciel de Oliveira L, Diniz Santos L. Coffee fermentation process: A review. *Food Research International*. 2023;169:112793. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2023.112793>
10. S R S, H P S, Prakash I, et al. Microbial ecology and functional coffee fermentation dynamics with *Pichia kudriavzevii*. *Food Microbiol*. 2022;105:104012. <https://doi.org/10.1016/J.FM.2022.104012>
11. de Melo Pereira GV, Soccol VT, Pandey A, et al. Isolation, selection and evaluation of yeasts for use in fermentation of coffee beans by the wet process. *Int J Food Microbiol*. 2014;188:60-66. <https://doi.org/10.1016/J.IJFOODMICRO.2014.07.008>
12. De Bruyn F, Zhang SJ, Pothakos V, et al. Exploring the impacts of postharvest processing on the microbiota and metabolite profiles during green coffee bean production. *Appl Environ Microbiol*. 2017;83(1):2398-2414. <https://doi.org/10.1128/AEM.02398-16>
13. Pereira LL, Guarçoni RC, Pinheiro PF, et al. New propositions about coffee wet processing: Chemical and sensory perspectives. *Food Chem*. 2020;310:125943. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2019.125943>
14. de Melo Pereira G V., da Silva Vale A, de Carvalho Neto DP, Muynarsk ES, Soccol VT, Soccol CR. Lactic acid bacteria: what coffee industry should know? *Curr Opin Food Sci*. 2020;31:1-8. <https://doi.org/10.1016/j.cofs.2019.07.004>
15. Bastian F, Hutabarat OS, Dirpan A, et al. From plantation to cup: Changes in bioactive compounds during coffee processing. *Foods*. 2021;10(11):1-27. <https://doi.org/10.3390/foods10112827>
16. Wang X, Wang Y, Hu G, et al. Review on factors affecting coffee volatiles: from seed to cup. *J Sci Food Agric*. 2022;102(4):1341-1352. <https://doi.org/10.1002/JSFA.11647>
17. Lee LW, Cheong MW, Curran P, Yu B, Liu SQ. Coffee fermentation and flavor - An intricate and delicate relationship. *Food Chem*. 2015;185:182-191. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2015.03.124>

18. Martinez SJ, Bressani APP, Miguel MG da CP, Dias DR, Schwan RF. Different inoculation methods for semi-dry processed coffee using yeasts as starter cultures. *Food Research International*. 2017;102:333-340. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2017.09.096>
19. Bressani APP, Martinez SJ, Sarmiento ABI, Borém FM, Schwan RF. Organic acids produced during fermentation and sensory perception in specialty coffee using yeast starter culture. *Food Research International*. 2020;128:108773. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2019.108773>
20. Martins PMM, Batista NN, Miguel MG da CP, Simão JBP, Soares JR, Schwan RF. Coffee growing altitude influences the microbiota, chemical compounds and the quality of fermented coffees. *Food Research International*. 2020;129(December 2019):108872. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2019.108872>
21. Seninde DR, Chambers E. Coffee Flavor: A Review. *Beverages 2020, Vol 6, Page 44*. 2020;6(3):44. <https://doi.org/10.3390/BEVERAGES6030044>
22. Vilela DM, Pereira GV de M, Silva CF, Batista LR, Schwan RF. Molecular ecology and polyphasic characterization of the microbiota associated with semi-dry processed coffee (*Coffea arabica* L.). *Food Microbiol*. 2010;27(8):1128-1135. <https://doi.org/10.1016/J.FM.2010.07.024>
23. Pereira GV de M, de Carvalho Neto DP, Medeiros ABP, et al. Potential of lactic acid bacteria to improve the fermentation and quality of coffee during on-farm processing. *Int J Food Sci Technol*. 2016;51(7):1689-1695. <https://doi.org/10.1111/IJFS.13142>
24. Wang C, Sun J, Lassabliere B, et al. Potential of lactic acid bacteria to modulate coffee volatiles and effect of glucose supplementation: fermentation of green coffee beans and impact of coffee roasting. *J Sci Food Agric*. 2019;99(1):409-420. <https://doi.org/10.1002/jsfa.9202>
25. de Carvalho Neto DP, de Melo Pereira GV, Tanobe VOA, et al. Yeast Diversity and Physicochemical Characteristics Associated with Coffee Bean Fermentation from the Brazilian Cerrado Mineiro Region. *Fermentation 2017, Vol 3, Page 11*. 2017;3(1):11. <https://doi.org/10.3390/FERMENTATION3010011>

26. Bressani APP, Batista NN, Ferreira G, et al. Characterization of bioactive, chemical, and sensory compounds from fermented coffees with different yeasts species. *Food Research International*. 2021;150(September). <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2021.110755>
27. Bressani APP, Martinez SJ, Evangelista SR, Dias DR, Schwan RF. Characteristics of fermented coffee inoculated with yeast starter cultures using different inoculation methods. *Lwt*. 2018;92(October 2017):212-219. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2018.02.029>
28. Bressani APP, Martinez SJ, Sarmiento ABI, Borém FM, Schwan RF. Influence of yeast inoculation on the quality of fermented coffee (*Coffea arabica* var. Mundo Novo) processed by natural and pulped natural processes. *Int J Food Microbiol*. 2021;343(June 2020). <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2021.109107>
29. Wang CY, Wu SJ, Shyu YT. Antioxidant properties of certain cereals as affected by food-grade bacteria fermentation. *J Biosci Bioeng*. 2014;117(4):449-456. <https://doi.org/10.1016/J.JBIOSEC.2013.10.002>
30. Pereira TS, Batista NN, Santos Pimenta LP, et al. Self-induced anaerobiosis coffee fermentation: Impact on microbial communities, chemical composition and sensory quality of coffee. *Food Microbiol*. 2022;103(August 2021). <https://doi.org/10.1016/j.fm.2021.103962>
31. Vinícius de Melo Pereira G, Soccol VT, Brar SK, Neto E, Soccol CR. Microbial ecology and starter culture technology in coffee processing. 2017;57(13):2775-2788. <https://doi.org/10.1080/10408398.2015.1067759>
32. Iamanaka BT, Teixeira AA, Teixeira ARR, Copetti M V., Bragagnolo N, Taniwaki MH. Reprint of "The mycobiota of coffee beans and its influence on the coffee beverage." *Food Research International*. 2014;61:33-38. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2014.05.023>
33. Veloso TGR, da Silva M de CS, Cardoso WS, Guarçoni RC, Kasuya MCM, Pereira LL. Effects of environmental factors on microbiota of fruits and soil of *Coffea arabica* in Brazil. *Scientific Reports* 2020 10:1. 2020;10(1):1-11. <https://doi.org/10.1038/S41598-020-71309-Y>

34. Martinez SJ, Bressani APP, Simão JBP, Pylro VS, Dias DR, Schwan RF. Dominant microbial communities and biochemical profile of pulped natural fermented coffees growing in different altitudes. *Food Research International*. 2022;159:111605. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2022.111605>
35. Medina K, Boido E, Fariña L, et al. Increased flavour diversity of Chardonnay wines by spontaneous fermentation and co-fermentation with *Hanseniaspora vineae*. *Food Chem*. 2013;141(3):2513-2521. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2013.04.056>
36. Lleixà J, Martín V, Portillo M del C, Carrau F, Beltran G, Mas A. Comparison of fermentation and wines produced by inoculation of *Hanseniaspora vineae* and *Saccharomyces cerevisiae*. *Front Microbiol*. 2016;7(MAR):338. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00338>
37. Haile M, Kang WH. Isolation, identification, and characterization of pectinolytic yeasts for starter culture in coffee fermentation. *Microorganisms*. 2019;7(10). <https://doi.org/10.3390/microorganisms7100401>
38. Zhang SJ, De Bruyn F, Pothakos V, et al. Following coffee production from cherries to cup: Microbiological and metabolomic analysis of wet processing of *Coffea arabica*. *Appl Environ Microbiol*. 2019;85(6). <https://doi.org/10.1128/AEM.02635-18>
39. da Silva Vale A, de Melo Pereira GV, de Carvalho Neto DP, et al. Facility-specific 'house' microbiome ensures the maintenance of functional microbial communities into coffee beans fermentation: implications for source tracking. *Environ Microbiol Rep*. 2021;13(4):470-481. <https://doi.org/10.1111/1758-2229.12921>
40. Gueule D, Fourny G, Ageron E, et al. *Pantoea coffeiphila* sp. nov., cause of the 'potato taste' of Arabica coffee from the African great lakes region. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2015;65(1):23-29. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.063545-0>
41. Pothakos V, De Vuyst L, Zhang SJ, et al. Temporal shotgun metagenomics of an Ecuadorian coffee fermentation process highlights the predominance of lactic acid bacteria. *Curr Res Biotechnol*. 2020;2:1-15. <https://doi.org/10.1016/J.CRBIOT.2020.02.001>

42. Elhalis H, Cox J, Zhao J. Ecological diversity, evolution and metabolism of microbial communities in the wet fermentation of Australian coffee beans. *Int J Food Microbiol.* 2020;321(January):108544. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2020.108544>
43. Zhang SJ, De Bruyn F, Pothakos V, et al. Influence of Various Processing Parameters on the Microbial Community Dynamics, Metabolomic Profiles, and Cup Quality During Wet Coffee Processing. *Front Microbiol.* 2019;10:2621. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02621>
44. de Oliveira Junqueira AC, de Melo Pereira G V., Coral Medina JD, et al. First description of bacterial and fungal communities in Colombian coffee beans fermentation analysed using Illumina-based amplicon sequencing. *Scientific Reports* 2019 9:1. 2019;9(1):1-10. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-45002-8>
45. Leong KH, Chen YS, Pan SF, et al. Diversity of lactic acid bacteria associated with fresh coffee cherries in taiwan. *Curr Microbiol.* 2014;68(4):440-447. <https://doi.org/10.1007/s00284-013-0495-2>
46. Ribeiro LS, Evangelista SR, da Cruz Pedrozo Miguel MG, van Mullem J, Silva CF, Schwan RF. Microbiological and chemical-sensory characteristics of three coffee varieties processed by wet fermentation. *Ann Microbiol.* 2018;68(10):705-716. <https://doi.org/10.1007/s13213-018-1377-4>
47. de Melo Pereira GV, Neto E, Soccol VT, Medeiros ABP, Woiciechowski AL, Soccol CR. Conducting starter culture-controlled fermentations of coffee beans during on-farm wet processing: Growth, metabolic analyses and sensorial effects. *Food Research International.* 2015;75:348-356. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2015.06.027>
48. Sahu N, Vasu D, Sahu A, Lal N, Singh SK. Strength of microbes in nutrient cycling: A key to soil health. *Agriculturally Important Microbes for Sustainable Agriculture.* 2017;1:69-86. https://doi.org/10.1007/978-981-10-5589-8_4
49. Chu H, Xiang X, Yang J, et al. Effects of Slope Aspects on Soil Bacterial and Arbuscular Fungal Communities in a Boreal Forest in China. *Pedosphere.* 2016;26(2):226-234. [https://doi.org/10.1016/S1002-0160\(15\)60037-6](https://doi.org/10.1016/S1002-0160(15)60037-6)

50. Siles JA, Margesin R. Abundance and Diversity of Bacterial, Archaeal, and Fungal Communities Along an Altitudinal Gradient in Alpine Forest Soils: What Are the Driving Factors? *Microb Ecol.* 2016;72(1):207-220. <https://doi.org/10.1007/S00248-016-0748-2>
51. Frank AC, Guzmán JPS, Shay JE. Transmission of Bacterial Endophytes. *Microorganisms* 2017, Vol 5, Page 70. 2017;5(4):70. <https://doi.org/10.3390/MICROORGANISMS5040070>
52. Haile M. The Role of Microbes in Coffee Fermentation and Their Impact on Coffee Quality. 2019;2019.
53. Haile M, Kang WH. Antioxidant activity, total polyphenol, flavonoid and tannin contents of fermented green coffee beans with selected yeasts. *Fermentation.* 2019;5(1). <https://doi.org/10.3390/fermentation5010029>
54. Meneghini AK, Nielsen S, Varani AM, Thomas T, Alves LMC. Metagenomic analysis of soil and freshwater from zoo agricultural area with organic fertilization. *PLoS One.* 2017;12(12):e0190178. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0190178>
55. Zhang Y, Crous PW, Schoch CL, Hyde KD. Pleosporales. *Fungal Diversity* 2011 53:1. 2011;53(1):1-221. <https://doi.org/10.1007/S13225-011-0117-X>
56. Duong B, Marraccini P, Maeght JL, Vaast P, Lebrun M, Duponnois R. Coffee Microbiota and Its Potential Use in Sustainable Crop Management. A Review. *Front Sustain Food Syst.* 2020;4:237. <https://doi.org/10.3389/FSUFS.2020.607935>
57. Vega FE, Simpkins A, Aime MC, et al. Fungal endophyte diversity in coffee plants from Colombia, Hawai'i, Mexico and Puerto Rico. *Fungal Ecol.* 2010;3(3):122-138. <https://doi.org/10.1016/J.FUNECO.2009.07.002>
58. Zhao Q, Xiong W, Xing Y, Sun Y, Lin X, Dong Y. Long-Term Coffee Monoculture Alters Soil Chemical Properties and Microbial Communities. *Scientific Reports* 2018 8:1. 2018;8(1):1-11. <https://doi.org/10.1038/S41598-018-24537-2>
59. Yamauchi DH, Garces HG, Teixeira MDM, et al. Soil mycobiome is shaped by vegetation and microhabitats: A regional-scale study in Southeastern Brazil. *Journal of Fungi.* 2021;7(8):587. <https://doi.org/10.3390/JOF7080587>

60. de Sousa LP, Guerreiro-Filho O, Mondego JMC. The Rhizosphere Microbiomes of Five Species of Coffee Trees. *Microbiol Spectr.* 2022;10(2). <https://doi.org/10.1128/SPECTRUM.00444-22>
61. Thambugala KM, Daranagama DA, Phillips AJL, Kannangara SD, Promptuttha I. Fungi vs. Fungi in Biocontrol: An Overview of Fungal Antagonists Applied Against Fungal Plant Pathogens. *Front Cell Infect Microbiol.* 2020;10:718. <https://doi.org/10.3389/FCIMB.2020.604923>
62. Caldwell AC, Silva LCF, Da Silva CC, Ouverney CC. Prokaryotic Diversity in the Rhizosphere of Organic, Intensive, and Transitional Coffee Farms in Brazil. *PLoS One.* 2015;10(6):e0106355. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0106355>
63. Posada RH, Sánchez de Prager M, Heredia-Abarca G, Sieverding E. Effects of soil physical and chemical parameters, and farm management practices on arbuscular mycorrhizal fungi communities and diversities in coffee plantations in Colombia and Mexico. *Agroforestry Systems.* 2018;92(2):555-574. <https://doi.org/10.1007/S10457-016-0030-0>

CAPÍTULO 2 – INFLUÊNCIA DO CONTROLE DE TEMPERATURA DURANTE O PROCESSO FERMENTATIVO DE CAFÉ ARÁBICA

RESUMO: A fermentação é um método empregado na etapa de pós-colheita do café e apresenta-se como uma excelente alternativa para melhorar a qualidade sensorial da bebida, desenvolvendo percepções sensoriais complexas e agradáveis ao paladar do consumidor. Sabendo que a temperatura durante a fermentação exerce influência na cinética microbiana, na composição dos frutos e na qualidade da bebida. O presente estudo objetivou avaliar a influência do controle de temperatura ambiente nas características físico-químicas, na produção de metabólitos funcionais e na melhoria da qualidade da bebida de café. Para isso, os cafés arábica foram submetidos à fermentação anaeróbica autoinduzida, em estado sólido e submerso, controlando e não controlando a temperatura ambiente. Como resultado, o controle de temperatura possibilitou maior atividade microbiana durante a fermentação, sugerida por meio da maior redução de °Brix e pH. Ainda, as bebidas de café apresentaram maiores as notas na escala sensorial, sendo que a maior nota de café Paraíso apresentou aumento de 2,12 pontos e as maiores notas de café Arara apresentaram aumento de 3,60 e 3,65 pontos em comparação à testemunha. Além disso, as bebidas apresentaram uma rica gama de percepções sensoriais, incluindo notas de caramelo, chocolate, rapadura, açúcar mascavo, mel, castanhas, frutado, alcoólico, whisky, rum, vinho, floral, especiarias.

PALAVRAS-CHAVE: fermentação anaeróbica auto-induzida; qualidade do café; café especial; percepções sensoriais.

1. INTRODUÇÃO

O emprego da fermentação durante o processamento do café é uma excelente alternativa para melhorar a qualidade da bebida e modificar o seu perfil sensorial, desenvolvendo novos sabores na xícara (Pereira et al., 2022; Ferreira et al., 2023). Nesse cenário, existem diferentes métodos de fermentação que podem ser empregados, como utilização de *starters*, uso ou não de água, controles de variáveis de processos e fermentações em batelada utilizando biorreatores abertos ou fechados (Mota et al., 2020; Martins et al., 2020; Martinez et al., 2021).

Dentre esses diferentes métodos existentes, nota-se uma vantagem no uso de biorreatores fechados para indução de fermentação, pois, nesta forma de operação, os biorreatores proporcionam um ambiente anaeróbio favorável ao desenvolvimento da comunidade microbiana fermentativa (Martinez et al., 2021). A fermentação em biorreatores vem ganhando cada vez mais destaque entre os cafeicultores que buscam alternativas para obtenção de cafés de maior qualidade, tendo em vista que o equipamento permite maior controle e padronização do processo, uma vez que eles podem atuar no controle de diversas variáveis físico-químicas que influenciam a fermentação, como temperatura, pH, agitação, oxigênio dissolvido, além de ser um ambiente que fornece melhores condições higiênico-sanitárias. Com o maior controle desse processo, é possível uma produção em larga escala de cafés com qualidade superior (Martinez et al., 2021; Ferreira et al., 2023).

O emprego da fermentação anaeróbica autoinduzida (SIAF), que consiste na produção gradativa de gás carbônico (CO_2) e consumo de oxigênio (O_2) por meio do metabolismo microbiano, é vantajosa porque a anaerobiose atua melhorando o desempenho fermentativo de bactérias lácticas e leveduras benéficas ao processo, aumentando a produção de metabólitos e, conseqüentemente, a qualidade sensorial da bebida (Martinez et al., 2021; Pereira et al., 2022).

O processo fermentativo pode ser influenciado por vários fatores, como as condições ambientais, incluindo a temperatura do ambiente; o pH do meio; a presença de água; a composição da microbiota natural e o modo de condução da fermentação (Elhalis et al., 2021; Ferreira et al., 2023). Tendo isso em vista, torna-se relevante buscar o controle da fermentação para a obtenção de condições físico-

químicas ótimas que favoreçam o desenvolvimento e as atividades metabólicas dos microrganismos para o alcance de uma fermentação positiva, pois, em um processo fermentativo não controlado existe a possibilidade da formação de produtos indesejados, como os ácidos butírico, propiônico e micotoxinas, que irá impactar negativamente no qualidade da bebida (Ferreira et al., 2023).

A fermentação é caracterizada como uma reação exotérmica, na qual há liberação de energia por meio das reações bioquímicas do metabolismo dos microrganismos (Elhalis et al., 2020, Elhalis et al., 2021). E nesse prisma, controlar a temperatura ambiente é fundamental, pois, a temperatura pode afetar as espécies microbianas presentes no café, as culturas iniciadoras e o seu grau de colonização, bem como o desenvolvimento e as atividades metabólicas dos microrganismos, e, consequentemente, podem influenciar no tempo de fermentação, na taxa de degradação da mucilagem e na variedade e concentração dos metabólitos produzidos (Bressani et al., 2021; Elhalis et al., 2021).

Sabendo que o controle da temperatura dentro de um biorreator é dependente do controle da temperatura ambiente, Peñuela-Martínez et al. (2023), buscaram controlar a temperatura ambiente em 15 e 30°C durante a fermentação de cafés e observaram alterações nas condições do processo, como o tempo necessário para a completa degradação da mucilagem e finalização da fermentação, valores de temperatura interna e atividade das comunidades microbianas. Ainda, as temperaturas controladas à 15°C foram mais vantajosas, pois, as notas sensoriais foram mais altas em comparação com o café submetido a fermentação em ambiente controlado a 30°C.

Em outro estudo, Peñuela-Martínez et al. (2023b), observaram influência da temperatura controlada no tempo de degradação da mucilagem, nos valores de pH, nos teores de glicose e ácido láctico. Além disso, a temperatura controlada apresentou tendência a melhorar as características do café. Vaz et al. (2023), observaram que tempos de fermentação mais longos e temperaturas mais altas reduziram as concentrações de sacarose e glicose para zero, aumentaram a concentração de glicerol, além de influenciarem nos valores de pH, o qual apresentou redução mais significativa em temperaturas mais altas. Além disso, concluíram que as condições ótimas para a fermentação e obtenção de cafés com

maior qualidade variaram em temperaturas entre 24 e 32°C, em 35 a 45 horas de fermentação.

Dessa forma, é notável que a temperatura é uma variável que exerce efeito significativo na cinética microbiana, na composição dos frutos e na qualidade da bebida. Entretanto, o controle da temperatura externa durante a fermentação ainda não é bem compreendido e seu efeito na qualidade final da bebida de café deve ser investigado. Diante desse fato, o presente estudo objetivou avaliar a influência do controle de temperatura ambiente nas características físico-químicas dos grãos de café durante a condução de SIAF, em estado sólido e submerso. Além de averiguar a produção de metabólitos funcionais e sua relação com a melhoria da qualidade final da bebida de café e produção de diferentes percepções sensoriais na xícara.

2. MATERIAIS E MÉTODOS

2.1. Cafés

Os experimentos foram realizados na Fazenda Chuá, localizada no município de Patos de Minas, Minas Gerais, durante o mês de julho de 2022. Os cafés (*Coffea arabica* L.), cv. Paraíso e Arara, cultivados em latitude 18° 35' 15, altitude 1050 m e longitude de 46° 25'35, foram colhidos mecanicamente. Após a colheita, os cafés foram submetidos ao processo de lavagem mecânica, onde são separados por estádios de maturação, no qual os frutos sobremaduros boiam e são retirados, restando apenas os frutos maduros e os verdes. Posteriormente, foi conduzido ao processo SIAF com os grãos de café selecionados.

2.2. Fermentação dos cafés

Os cafés cereja natural foram fermentados em biorreatores de polietileno de alta densidade, com capacidade total de 200 litros. As tampas dos biorreatores eram dotadas de válvulas “airlock”, para possibilitar a saída do CO₂ e impedir a entrada de ar externo. Os frutos de café foram adicionados aos biorreatores até a sua capacidade máxima, o que correspondeu a 124kg. Resultou-se nas fermentações em estado sólido (com adição apenas dos frutos no biorreator) e nas fermentações submersas, o qual adicionou-se 60 L de água, 30% do volume total do biorreator. Os

cafés foram fermentados em três tempos distintos, 24, 48 e 72 horas, empregando diferentes condições de fermentação conforme ilustra a Tabela 1. Ao todo foram induzidas fermentações em 24 biorreatores correspondentes a cada condição de fermentação, cultivar, temperatura e tempo de processo (24, 48 e 72h).

Tabela 1 - Diferentes condições de fermentação empregadas por meio do método SIAF em café arábica, nos tempos de 24h, 48h e 72h.

Condição	Cultivar	Temperatura externa
SSF	Paraíso	18°C
SSF	Paraíso	Temperatura ambiente
SMF	Paraíso	18°C
SMF	Paraíso	Temperatura ambiente
SSF	Arara	27°C
SSF	Arara	Temperatura ambiente
SMF	Arara	27°C
SMF	Arara	Temperatura ambiente

Legenda – SSF: fermentação em estado sólido e SMF: fermentação submersa.

Conforme exibido na Tabela 1, as fermentações foram conduzidas em dois ambientes distintos, em ambiente sem controle de temperatura (temperatura ambiente) e em ambiente com temperatura controlada. Para a fermentação do café Paraíso, alguns biorreatores foram acondicionados em ambiente fechado e submetidos ao controle de temperatura constante de 18°C por um ar-condicionado (Gree/Split Hi Wall Inverter) instalado no local. A temperatura de 18°C foi escolhida por corresponder a temperatura média ambiente entre dia/noite da propriedade. Já para a fermentação do café Arara, um conjunto de biorreatores foram mantidos em ambiente fechado com temperatura constante de 27°C, por um aquecedor instalado no local. A temperatura de 27°C foi selecionada por meio dos resultados positivos encontrados em fermentações conduzidas anteriormente pelo grupo de pesquisa. Outros conjuntos de biorreatores foram acondicionados em ambiente externo e sombreado, à temperatura ambiente. Foram retiradas amostras de frutos no início (tempo 0h) e ao final de cada tempo de fermentação (24, 48 e 72h), que foram refrigeradas para análises posteriores.

Ao final de cada fermentação, os grãos de café foram lavados e então submetidos à secagem solar em terreiros de asfalto até atingir o teor de 11-12% de umidade. Os cafés secos foram armazenados em sacos de juta (fibra vegetal têxtil), à temperatura ambiente. Após 30 dias foram descascados, dando origem ao café

verde. Este foi armazenado em sacos plásticos, à temperatura ambiente, longe da luz e exposição solar até o momento da torra. Além disso, foram selecionadas amostras testemunha, para que fosse possível a comparação com o café fermentado durante as análises sensoriais. O café testemunha é uma representação daqueles frutos que não foram submetidos ao processo fermentativo, apenas foram lavados e secos ao sol em terreiro de asfalto até atingir a umidade ideal (11-12%).

2.3. Análises físico-químicas

Ao longo das fermentações foram aferidos a concentração de sólidos solúveis (°Brix) e o pH do meio em cada biorreator. Os instrumentos utilizados para a aferição de tais medidas foram refratômetro digital (Milwaukee®) e pHmetro digital portátil (Akso®), respectivamente. Além disso, a temperatura foi monitorada por meio de dispositivos eletrônicos baseados na tecnologia Internet das Coisas (IoT) que funcionavam como “*dataloggers*” durante todo o processo fermentativo. As aferições de °Brix e pH foram realizadas em intervalos de 24 horas, sendo que em todas as aferições foram realizadas cinco medidas. Os dispositivos eletrônicos IoT “*dataloggers*” foram instalados no interior dos biorreatores com a finalidade de aferir a temperatura continuamente de forma intermitente nas fermentações com 72 horas de duração. As amostras dos frutos de café retiradas ao longo da fermentação foram utilizadas para determinações de umidade (método 925.09) e cinzas (método 923.03) de acordo com os métodos padrões da AOAC (2005).

2.4. Análises de açúcares, ácidos orgânicos e álcoois

As concentrações de açúcares (sacarose, glicose e frutose), álcoois (glicerol e etanol) e ácidos orgânicos (cítrico, málico, succínico, láctico, acético, propiônico e butírico) foram determinadas utilizando um sistema de cromatografia líquida de alta eficiência (HPLC), segundo metodologia de Silva et al. (2013) e Evangelista et al. (2014). Para isto, utilizou-se o cromatógrafo marca Shimadzu®, modelo LC-20^a Prominence, acoplado a um detector de arranjo de fotodiodos (PDA) para detecção dos ácidos ($\lambda = 210$ nm), e um detector de índice de refração (RID) para detecção dos açúcares e álcoois. Os componentes foram separados por meio da coluna SUPELCOGEL Ca C-610H (Sigma Aldrich, Missouri, EUA). Como solução de arraste

foi utilizada água deionizada, o fluxo da bomba de foi 0,5 mL/min, a temperatura do forno foi 32,5°C e o volume de injeção na coluna cromatográfica foi de 20 microlitros. Por fim, a análise e o processamento dos dados foram realizados no software LC-Solutions, com quantificação baseada em curvas de calibração obtidas a partir de padrões analíticos. A identificação dos componentes da amostra foi feita por comparação dos tempos de retenção dos padrões.

Para o preparo das amostras foi seguida a metodologia proposta por Elhalis et al. (2020): 10 gramas de frutos de café cereja foram misturados com 100 mL de água deionizada e homogeneizadas em liquidificador doméstico (Oster® 1400W) por 2 minutos. A pasta foi filtrada através de duas camadas de organza de polipropileno e depois centrifugada no equipamento Heal Force (Neofuge® 18R) a 13.000 rpm por 15 min a 17°C. Os sobrenadantes retidos foram filtrados através de um filtro de nylon de 0,45 micron antes da injeção no sistema de cromatografia líquida.

2.5. Análise sensorial da bebida

As amostras de café foram preparadas de acordo com as diretrizes da SCA (*Specialty Coffee Association*) para a realização da análise sensorial (SCA, 2018). O café (100 g) foi torrado em torrador Atila GOLDEN PLUS 10 e moído em moinho elétrico (Tramontina, Carlos Barbosa, RS, Brasil). A proporção de preparo da bebida para degustação foi de 8,25 g de café para 150 mL de água. Um painel de 5 especialistas em café treinados com certificados de *Q-Grader* avaliou as amostras voluntariamente.

A avaliação sensorial foi realizada para identificar e pontuar os seguintes atributos, com notas de 6 a 10: fragrância, aroma, uniformidade das xícaras, ausência de defeitos, doçura, sabor, acidez, corpo, finalização, equilíbrio e defeitos. A avaliação geral é dada pela soma de todos os atributos, sendo aplicada uma escala de 0 a 100 pontos. Os cafés que atingem uma nota final maior que 80 pontos são considerados especiais. Além disso, os *Q-Graders* atribuíram notas sensoriais descritivas às bebidas avaliadas com base nos atributos descritos na Roda de Sabores da SCA (SCA, 2016).

2.6. Processamento dos dados e análise estatística

Para análise dos dados foram realizados testes estatísticos de normalidade Shapiro-Wilk e para os dados com distribuição normal, a comparação das médias de tratamentos foi realizada no *software* MiniTab® 17.1.0 (Minitab, Inc., Quality Plaza, 1829 Pine Hall Road, State College, Pennsylvania 16801, USA) por ANOVA seguida do teste de Tukey. As comparações entre médias (valor- $p < 0,05$) foram consideradas estatisticamente significativas.

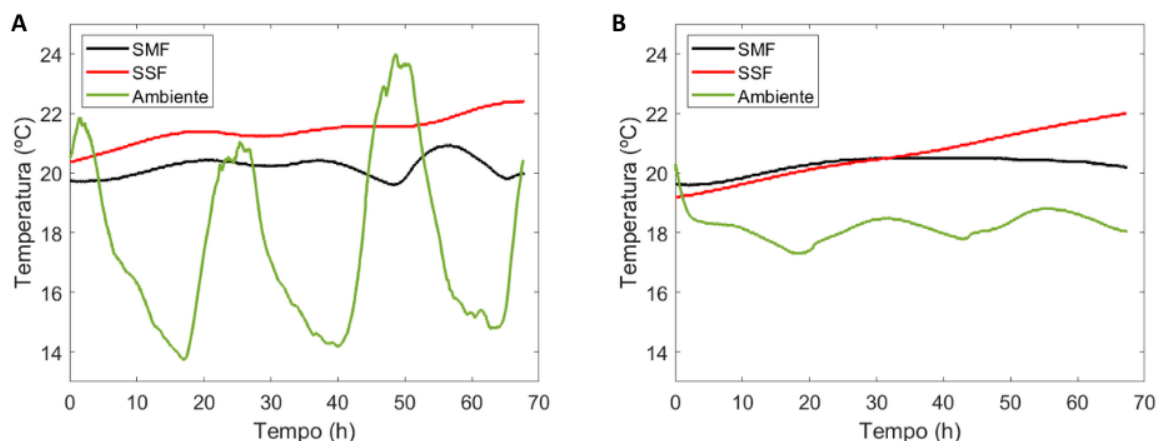
Nas análises sensoriais do café utilizou-se o método de classificação por árvores de decisão, que é um método de aprendizado de máquina utilizado para identificar quais são os atributos raiz que classificam mais precisamente subgrupos no estudo. Para testar e validar a precisão dessas árvores de decisão, o método '*full-training-cross-validation*' foi aplicado. Este método envolve usar todas as instâncias no conjunto de dados simultaneamente para treinamento e teste, com o resultado sendo a porcentagem de erros identificados.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Parâmetros Físico-Químicos do Café

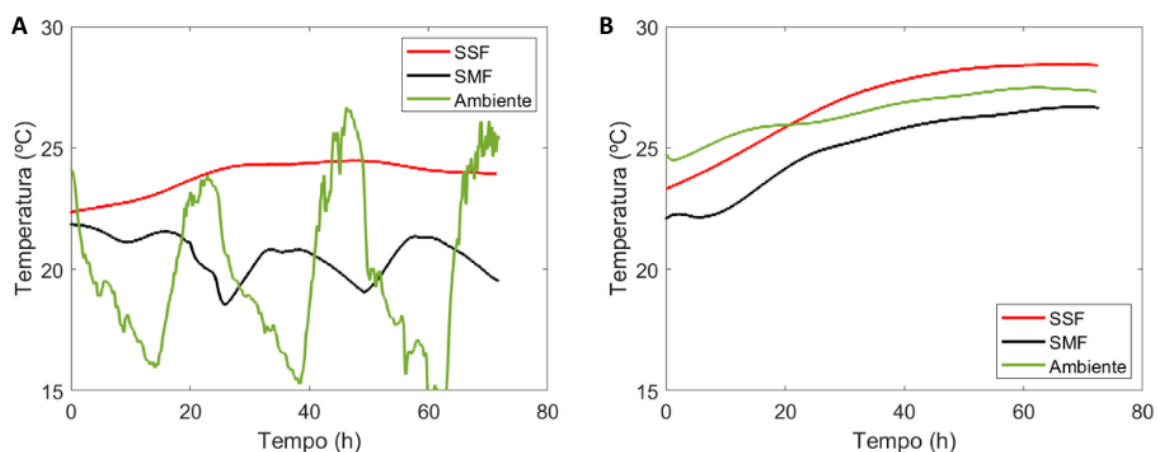
Os valores de temperatura aferidos nas diferentes condições de fermentação por meio dos dispositivos eletrônicos IoT "*dataloggers*" estão exibidos nas Figuras 1 e 2:

Figura 1 - Comportamento da temperatura mensurada no ambiente e no interior dos biorreatores de café Paraíso acondicionados em ambiente sem controle de temperatura (A) e em ambiente com temperatura controlada (B) durante todo o processo fermentativo.



Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SFF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

Figura 2 - Comportamento da temperatura mensurada no ambiente e no interno dos biorreatores de café Arara acondicionados em ambiente sem controle de temperatura (A) e em ambiente com temperatura controlada (B) durante todo o processo fermentativo.



Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SFF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

Verifica-se na Figura 1B que o comportamento da temperatura ambiente ao longo do processo fermentativo permaneceu estável em torno de 18°C no ambiente com temperatura controlada. Ao passo que a temperatura em ambiente sem controle (Figura 1A) mostrou-se variação entre 14°C e 24°C, acompanhando as variações climáticas do local entre os períodos de dia e noite. Essa variação também é

observada na Figura 2, em que a temperatura do ambiente sem controle apresentou uma variação de 10°C entre dia e noite (Figura 2A).

Observa-se que ao controlar a temperatura ambiente a 27°C (Figura 2B) com o café arara, a temperatura estabilizou mais rapidamente, por volta de 40 h de fermentação, indicando que o processo exotérmico da fermentação já encerrou neste momento. Já com controle de temperatura a 18°C (Figura 1B) com o café paraíso, observa-se que a fermentação ainda ocorria com a liberação de calor, necessitando mais tempo para a fermentação cessar.

O comportamento da temperatura ambiente refletiu diretamente na temperatura interna dos biorreatores. Ao analisar as Figuras 1A e 2A, é possível verificar que nos experimentos SMF (fermentações submersas) houve maiores flutuações de temperatura no interior dos biorreatores que foram submetidos à fermentação em ambiente sem controle de temperatura. Os experimentos SSF (fermentações em estado-sólido) mostraram comportamento diferente, no qual a temperatura não oscilou de forma expressiva, apresentando aumento constante ao longo do tempo, e uma certa estabilização após 24 h de fermentação do café Paraíso.

Tal diferença de comportamento pode ser explicada pela adição de água nos experimentos SMF, pois esta sofreu influência da temperatura externa e provocou as oscilações de temperatura dentro dos biorreatores. A água possui um valor de calor específico elevado ($= 1$), isso faz com que ela possa tanto ceder ou absorver muita quantidade de calor e seu aquecimento ou resfriamento é mais difícil e lento (Amabis & Martho, 2004), o que pode ser observado nas Figuras 1 e 2, em que o interior dos experimentos SMF demoram mais a perder e ganhar calor em relação às variações da temperatura do ambiente. Quando a temperatura do ambiente está subindo, a temperatura da água dentro dos biorreatores está reduzindo e vice-versa.

As maiores flutuações de temperatura nas fermentações submersas podem ser explicadas pela maior condutividade térmica da água em relação à do ar. Assim, as taxas de transferência de calor eram maiores nas fermentações submersas, promovendo maiores alterações na temperatura. No período de baixas temperaturas externas, o gradiente de temperatura gerava uma transferência de calor para fora dos biorreatores, levando a uma queda na temperatura interna. Com a temperatura

interna mais baixa, a cinética fermentativa era mais lenta, gerando menos calor no interior dos biorreatores. Assim, os biorreatores em fermentação submersa apresentaram queda na temperatura, que voltava a aumentar com o aumento da temperatura externa, devido ao efeito combinado da cinética microbiana e do gradiente de temperatura. Já nas SSF esta oscilação de temperatura não foi observada. O ar é considerado um material isolante devido à baixa condutividade térmica. O período de temperaturas baixas ou altas parece não ter sido longo o suficiente para induzir alterações na temperatura interna do biorreator. É possível, também, que o gradiente de temperatura dentro do biorreator tenha promovido a formação de correntes de convecção natural, levando à transferência de calor não apenas pela condução de calor, mas também pela advecção de energia (Sousa et al., 2022).

Além disso, nos experimentos SSF, tanto em ambiente sem controle quanto em ambiente com temperatura controlada, a temperatura interna dos biorreatores foi maior ao longo e ao final da fermentação em comparação com os experimentos SMF. Ainda, é possível observar que na fermentação do café Paraíso (Figura 1B), o experimento SMF CT apresentou queda de temperatura em torno de 50h de processo, indicando uma possível paralização das atividades metabólicas dos microrganismos.

As diferenças de temperatura observadas entre os experimentos de SSF e de SMF, podem ser explicadas por uma possível maior atividade dos microrganismos nos experimentos de SSF. Sabe-se que o aumento de temperatura durante a fermentação é fruto da intensa atividade metabólica dos microrganismos, caracterizada por reações exotérmicas que convertem açúcares e pectinas em álcoois e ácidos orgânicos (Batista da Mota et al., 2022; Silva et al., 2024).

Ao analisar o comportamento da temperatura interna dos biorreatores em ambiente controlado, nota-se que em ambas as variedades de café e condições de fermentação, as temperaturas foram aumentando gradativamente e de forma constante conforme o tempo de fermentação aumentava. As temperaturas internas dos biorreatores mantiveram-se controladas, conforme o esperado.

Peñuela-Martínez et al. (2023b) induziram fermentações em cafés e observaram grandes diferenças de temperaturas durante os momentos de aferição,

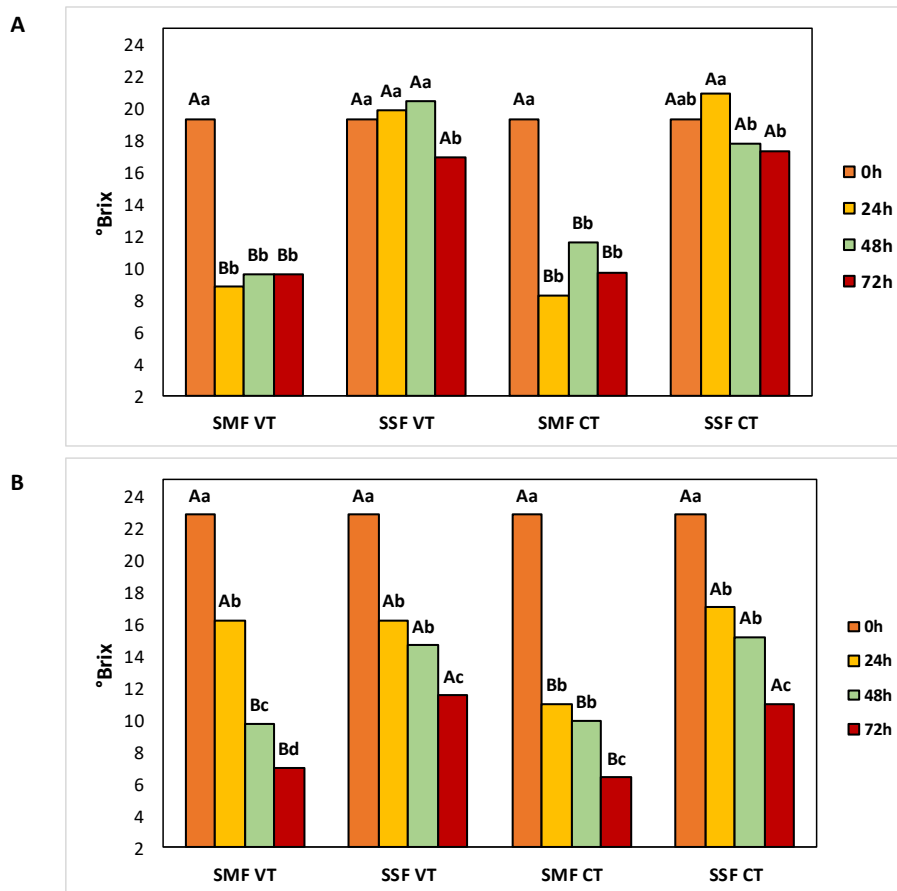
no qual encontraram valores mais elevados no início e mais baixos ao final da fermentação. Os valores mais altos foram associados ao “calor de campo” que os frutos possuíam pois foram colhidos durante o dia, e a redução da temperatura observada ao final da fermentação foi associada à redução de temperatura ambiente que geralmente acontecia durante a noite, uma vez que as temperaturas diárias foram aferidas no período da manhã. Ainda, os autores supracitados, observaram que apenas nas fermentações mais prolongadas a temperatura final apresentou maior valor que a temperatura inicial, o que pode ser explicado pelo acúmulo de calor gerado pelas reações químicas que ocorreram ao longo do processo.

Martinez et al. (2021) induziram fermentações pelo método SIAF em biorreatores de aço inoxidável e, ao final da fermentação obtiveram valores de 26 a 27°C em cafés naturais e 23 a 23,5°C em cafés descascados. Batista da Mota et al., (2022) observou um aumento significativo na temperatura durante as fermentações, e esse aumento foi mais significativo nas fermentações conduzidas pelo método SIAF (13°C para o café natural e 6,89°C para o café descascado) em comparação ao método convencional em plataforma (10,84°C para o café natural e 1,48°C para café despulpado), indicando maior atividade metabólica dos microrganismos pelo método SIAF.

Dessa forma, fica claro que o controle da temperatura durante o processo fermentativo é fundamental, tendo em vista que o alcance de uma temperatura ótima durante a fermentação afeta positivamente o crescimento microbiano e a atividade metabólica dos microrganismos durante o processo. Além disso, maiores temperaturas reduzem o tempo de fermentação e agilizam o tempo de processamento pós-colheita, sendo mais vantajoso para o produtor (Correa et al., 2014; Evangelista et al., 2014; Batista da Mota et al., 2022).

As concentrações de sólidos solúveis (°Brix) estão expressas na Figura 3. Vale enfatizar que para a variedade Paraíso, o teor de sólidos solúveis das fermentações SSF foi aferido diretamente do fruto e nas fermentações SMF, a medida foi realizada no vinho, meio formado durante o processo fermentativo e diluído na água que foi adicionada dentro dos biorreatores e apenas no tempo inicial essa medida foi realizada no fruto.

Figura 3 - Concentrações de sólidos solúveis (°Brix) aferidos durante o processo fermentativo do café Paraíso (A) e Arara (B) nos tempos 0, 24, 48 e 72 horas.



Barras com letras maiúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os experimentos para um mesmo tempo de fermentação e barras com letras minúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os tempos de fermentação em um mesmo experimento. Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SSF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

Nesse cenário, é possível identificar que o °Brix dos frutos de café Paraíso reduziram conforme o tempo de fermentação, sendo as maiores quedas observadas nos experimentos SMF. O experimento SMF VT apresentou redução de 9,78°Brix ($p < 0,05$) e o experimento SMF CT apresentou redução de 9,6°Brix ($p < 0,05$). Para o café Arara houve redução na concentração de sólidos solúveis em todos os experimentos, sendo que SSF VT e SSF CT apresentaram redução de 11,3 e 11,84°Brix ($p < 0,05$), respectivamente e os experimentos SMF VT e SMF CT apresentaram redução de 15,82 e 16,42°Brix ($p < 0,05$), respectivamente.

Assim, é possível observar que houve maior consumo de sólidos solúveis nas fermentações de café Arara em comparação com o café Paraíso ($p < 0,05$). Esse

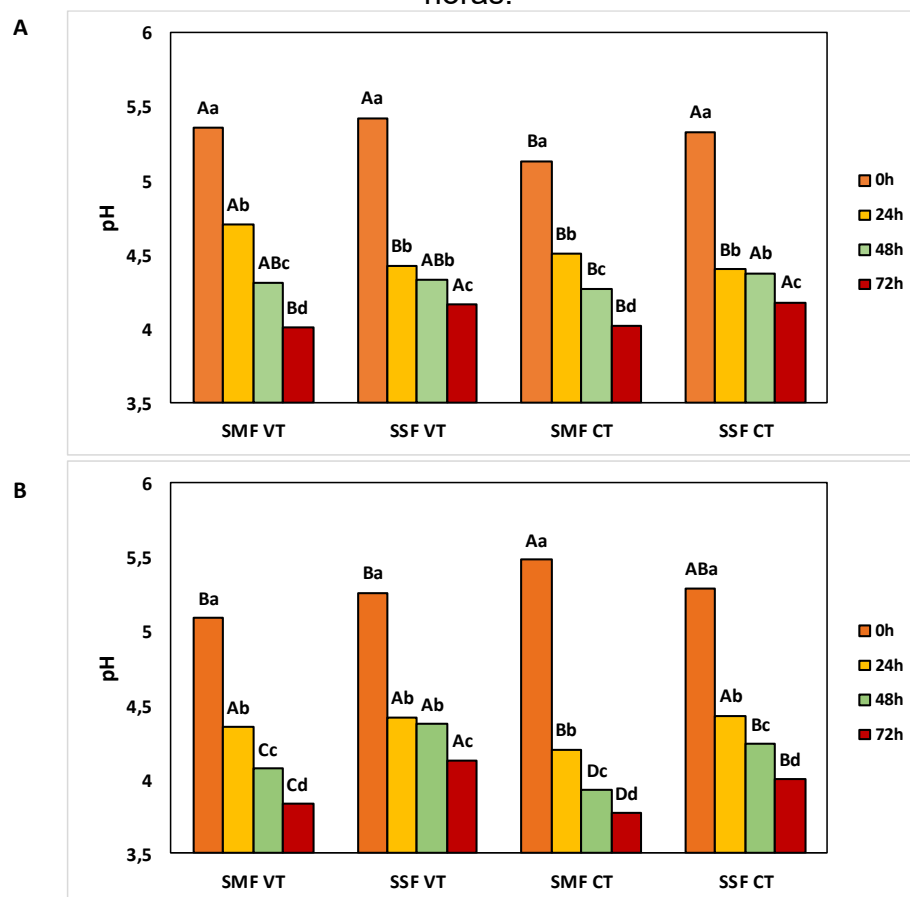
resultado indica que houve maior atividade dos microrganismos durante a fermentação do café Arara, uma vez que as temperaturas atingidas durante a sua fermentação (27°C) foram maiores do que as temperaturas de fermentação do café Paraíso (22°C), dessa forma através da maior atividade microbiana impulsionada pelas altas temperaturas, houve maior consumo de açúcares pelos microrganismos (Taylor et al., 2019; Batista da Mota et al., 2022; Rocha et al., 2024).

Na fermentação do café Arara, pode-se observar que ao longo do processo houve redução significativa da concentração de sólidos solúveis em todos os experimentos e os experimentos SMF apresentaram um valor menor ao final quando comparados com os experimentos SSF ($p < 0,05$). Tal comportamento pode ser atribuído à adição de água dentro dos biorreatores, uma vez que ocorre a perda de compostos do fruto para a água por meio de lixiviação.

Batista da Mota et al. (2022) detectaram uma concentração de sólidos solúveis em torno de 25,83 °Brix no café Catuaí Amarelo, valores semelhantes aos detectados no café Arara e maiores do que os detectados no café Paraíso. Ainda, observaram que pelo método SIAF houve redução intensa da concentração de sólidos solúveis no café natural (8,83 °Brix). Pereira et al. (2022) também detectaram redução da concentração de sólidos solúveis dos frutos do café em até 8 °Brix, diferindo dos resultados do presente estudo, no qual a maior redução detectada do café Paraíso foi de 3,62 °Brix e 16,42 °Brix no café Arara.

Os valores de pH estão exibidos na Figura 4. Pode-se verificar comportamento semelhante entre todos os experimentos, uma vez que em todos houve redução de pH. Ao final das 72h de fermentação, os todos experimentos SMF apresentaram-se mais ácidos em comparação aos experimentos SSF ($p < 0,05$). E analisando o café Arara, o experimento SMF CT se apresentou mais ácido ($p < 0,05$) em relação aos demais, indicando maior produção de ácidos pelo metabolismo dos microrganismos fermentativos. De acordo com o comportamento observado, pode-se inferir que a temperatura controlada a 27°C contribuiu para o desenvolvimento e maior atividade dos microrganismos neste processo.

Figura 4 – Valores de pH aferidos no meio interno dos biorreatores durante o processo fermentativo de café Paraíso (A) e Arara (B) nos tempos 0, 24, 48 e 72 horas.



Barras com letras maiúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os experimentos para um mesmo tempo de fermentação e barras com letras minúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os tempos de fermentação em um mesmo experimento. Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SSF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

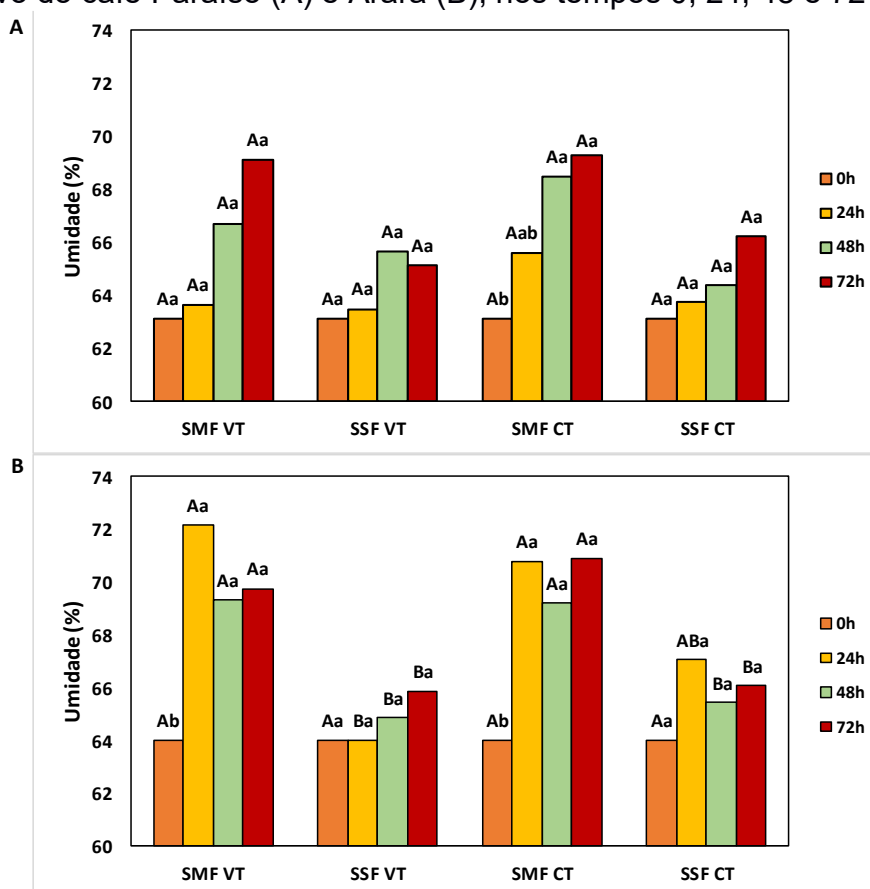
A redução do pH durante a fermentação é uma consequência da produção de ácidos orgânicos através do metabolismo das bactérias, que por sua vez contribui para o crescimento das leveduras. Além de contribuir para o desenvolvimento das leveduras, o pH ácido exerce forte influência na qualidade do café, uma vez que a presença de ácidos orgânicos geralmente é reconhecida como um precursor de sabor para descritores de qualidade do café (Evangelista et al., 2014; Elhalis et al., 2020; Cassimiro et al., 2023; Silva et al., 2024).

Em relação aos parâmetros físico-químicos do café, pode-se inferir que a alta concentração de carboidratos no café cereja natural e o controle de temperatura ambiente em 27°C potencializou as reações metabólicas da microbiota durante o

processo fermentativo, contribuindo com o aumento de temperatura da massa do café, reduzindo as concentrações de sólidos solúveis e os valores de pH, devido à produção de ácidos orgânicos.

Sabendo da importância de analisar a influência que cada método de fermentação exerce nas características físico-químicas nos grãos de café, foram quantificados os teores de umidade e cinzas ao longo da fermentação dos frutos de café. Os resultados estão exibidos nas Figuras 5 e 6.

Figura 5 - Teores de umidade quantificados nos grãos de café, durante o processo fermentativo do café Paraíso (A) e Arara (B), nos tempos 0, 24, 48 e 72 horas.



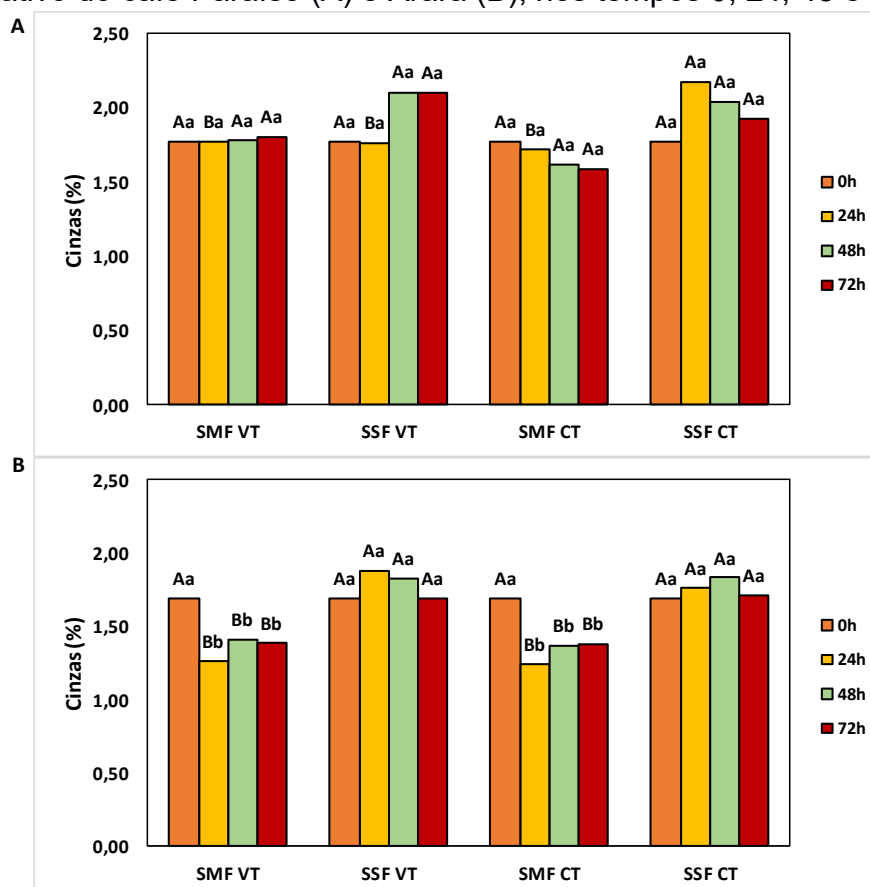
Barras com letras maiúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os experimentos para um mesmo tempo de fermentação e barras com letras minúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os tempos de fermentação em um mesmo experimento. Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SSF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

Ao analisar o teor de umidade dos grãos de café Paraíso submetidos à diferentes condições de fermentação, pode-se observar que ao final das 72h de processo, somente o experimento SMF CT apresentou aumento significativo ($p < 0,05$) de 6,19%. Já no café Arara, é possível verificar que houve aumento no teor

de umidade ao final da fermentação em todos os experimentos SMF ($p < 0,05$). Tal fato pode ser explicado pela absorção da água contida no meio pelos grãos e pode ser confirmado, uma vez que os experimentos SSF apresentaram menores teores de umidade ($p < 0,05$).

Em relação aos teores de cinzas dos grãos de café Paraíso não foram encontradas diferenças significativas ($p > 0,05$) ao longo da fermentação. Por outro lado, ao analisar os dados do café Arara, é possível identificar que houve perda significativa de conteúdo mineral dos grãos ao longo das 72h de fermentação em todos os experimentos SMF, indicando perda de nutrientes para a água através de lixiviação.

Figura 6 - Teores de cinzas quantificados nos grãos de café, durante o processo fermentativo do café Paraíso (A) e Arara (B), nos tempos 0, 24, 48 e 72 horas.



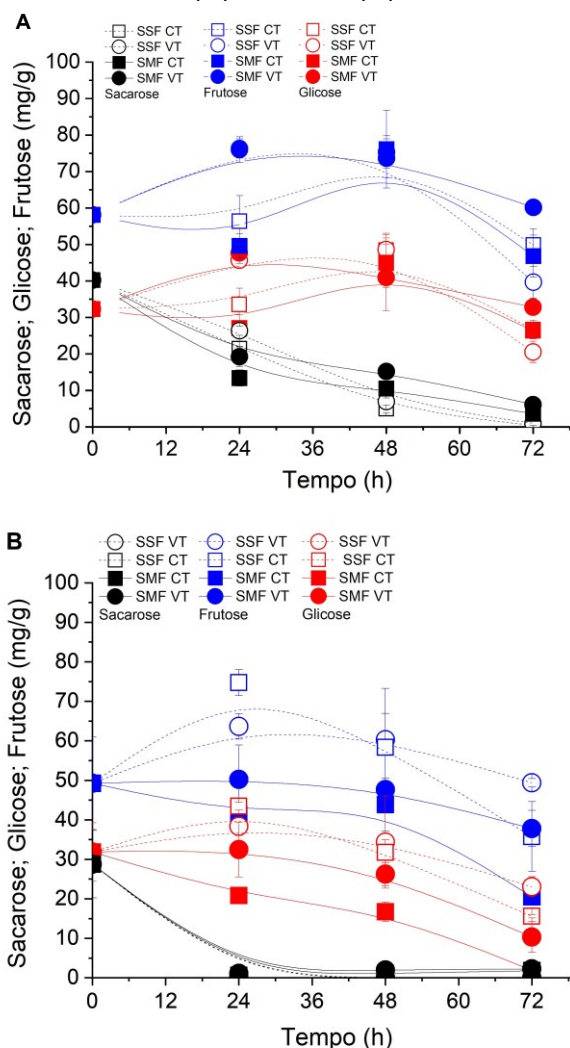
Barras com letras maiúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os experimentos para um mesmo tempo de fermentação e barras com letras minúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os tempos de fermentação em um mesmo experimento. Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SFF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

O conteúdo de minerais presentes nos grãos de café está relacionado à constituição do solo e a outros fatores ambientais de cultivo (altitude, umidade, temperatura e sombreamento). Dentro de todo conteúdo mineral presente nos grãos de café, os minerais que ganham maior destaque em termos de quantidade são o potássio, fósforo, magnésio e cálcio, respectivamente (de Melo Pereira et al., 2019). Além disso, o zinco é um mineral que também está presente no café e é essencial para a síntese de aminoácidos, carboidratos e proteínas, compostos que estão diretamente relacionados à composição química dos grãos de café cru e apresentam capacidade de influenciar na qualidade da bebida (Lacerda et al., 2018).

3.2. Concentrações de açúcares, álcoois e ácidos dos frutos café

Após a análise cromatográfica, foram detectados os açúcares: sacarose, glicose e frutose, conforme poder ser observado na Figura 7. Na Figura 8, estão expressos os resultados de glicerol e etanol. E na Figura 9, os dados de ácidos orgânicos detectados nos frutos de café estão ali representados. Ainda, no material suplementar 1, é possível verificar todos os dados analisados estatisticamente.

Figura 7 – Concentração de açúcares ao longo das 72h de fermentação dos cafés Paraíso (A) e Arara (B).



Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SSF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

O consumo de sacarose foi observado durante a fermentação dos cafés Paraíso e Arara em todos os experimentos, sendo detectadas baixas concentrações ao final da fermentação e, nesse caso, é observado que a sacarose é consumida e hidrolisada logo nas primeiras horas de processo. Ainda, as menores concentrações ao final da fermentação foram detectadas nos experimentos SSF em ambos cultivares, indicando que houve maior atividade dos microrganismos em SSF do que em SMF.

Em relação à glicose e frutose, foi observado aumento no meio da fermentação, devido à hidrólise da sacarose, e redução ao final do processo nos experimentos de café Paraíso, devido a metabolização pelos microrganismos. As

menores concentrações dos açúcares ao final das 72h foram detectadas no experimento SSF VT e as maiores em SMF VT, com concentrações intermediárias em SSF CT e SMF CT. Nas fermentações de café Arara, foi observado comportamento mais prevalente de redução de glicose ao longo do processo e, em relação às concentrações de frutose, foi observada manutenção das concentrações ao longo da fermentação e redução ao final apenas no experimento SMF CT, o qual apresentou as menores concentrações de ambos compostos. Batista da Mota et al. (2022), observou redução nas concentrações de glicose e frutose ao longo de 87h de fermentação, além de consumo integral da sacarose. Ao contrário deste estudo, Ribeiro et al. (2017) observaram aumento nos teores de glicose e frutose do início ao fim do processo.

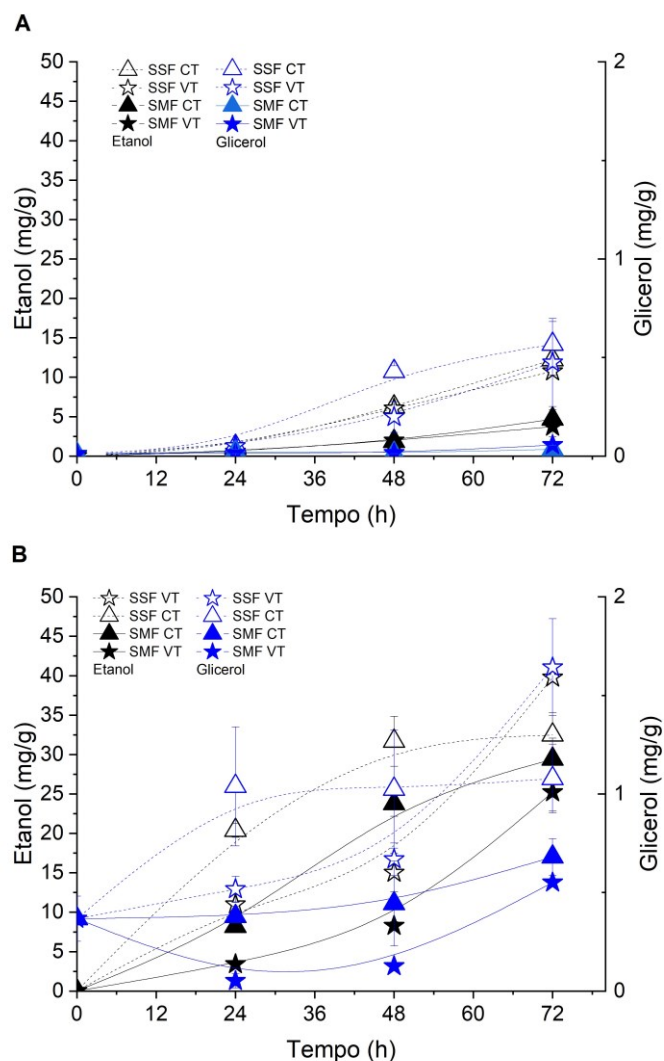
A mucilagem do café é um substrato rico em nutrientes, que fornece um ambiente favorável ao crescimento microbiano. Dentre os principais nutrientes presentes na mucilagem e nos grãos de café, destacam-se os açúcares (sacarose, glicose e frutose) e os ácidos orgânicos (cítrico, málico e succínico) (Batista da Mota et al., 2022). Nesse sentido, durante a fermentação do café, é possível analisar e acompanhar o metabolismo das leveduras e bactérias, o qual provoca redução na concentração de açúcares ao longo da fermentação.

A sacarose é o principal açúcar de baixo peso molecular constituinte dos grãos de café verde e é um importante precursor de sabor e aroma desenvolvidos durante o processo de torra. Assim, a sacarose apresenta-se como um dos principais compostos responsáveis pela qualidade da bebida de café. Vale destacar que o maior teor de sacarose presente nos grãos de café arábica é considerado uma das razões para a superioridade de aroma e sabor em comparação com o café canéfora (Stredansky et al., 2018; Cruz-O'Byrne et al., 2023).

O aumento das concentrações de glicose e frutose no meio do processo pode ser explicado pela hidrólise da sacarose, que é constituída por uma molécula de glicose e uma de frutose (Nelson & Cox, 2019). Além disso, os grãos de café são ricos em polissacarídeos formados por moléculas de glicose (ex. celulose), que sofrem hidrólise durante o processo de fermentação, liberando o monossacarídeo (Ribeiro et al., 2017). A redução nas concentrações de glicose e frutose detectada em alguns experimentos pode ser explicada pelo fato de que os microrganismos

utilizam os carboidratos simples como fonte preferencial e consomem esses açúcares durante o processo (Pothakos et al., 2020; Cruz-O'Byrne et al., 2023).

Figura 8 - Concentração de etanol e glicerol ao longo das 72h de fermentação dos cafés Paraíso (A) e Arara (B).



Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SSF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

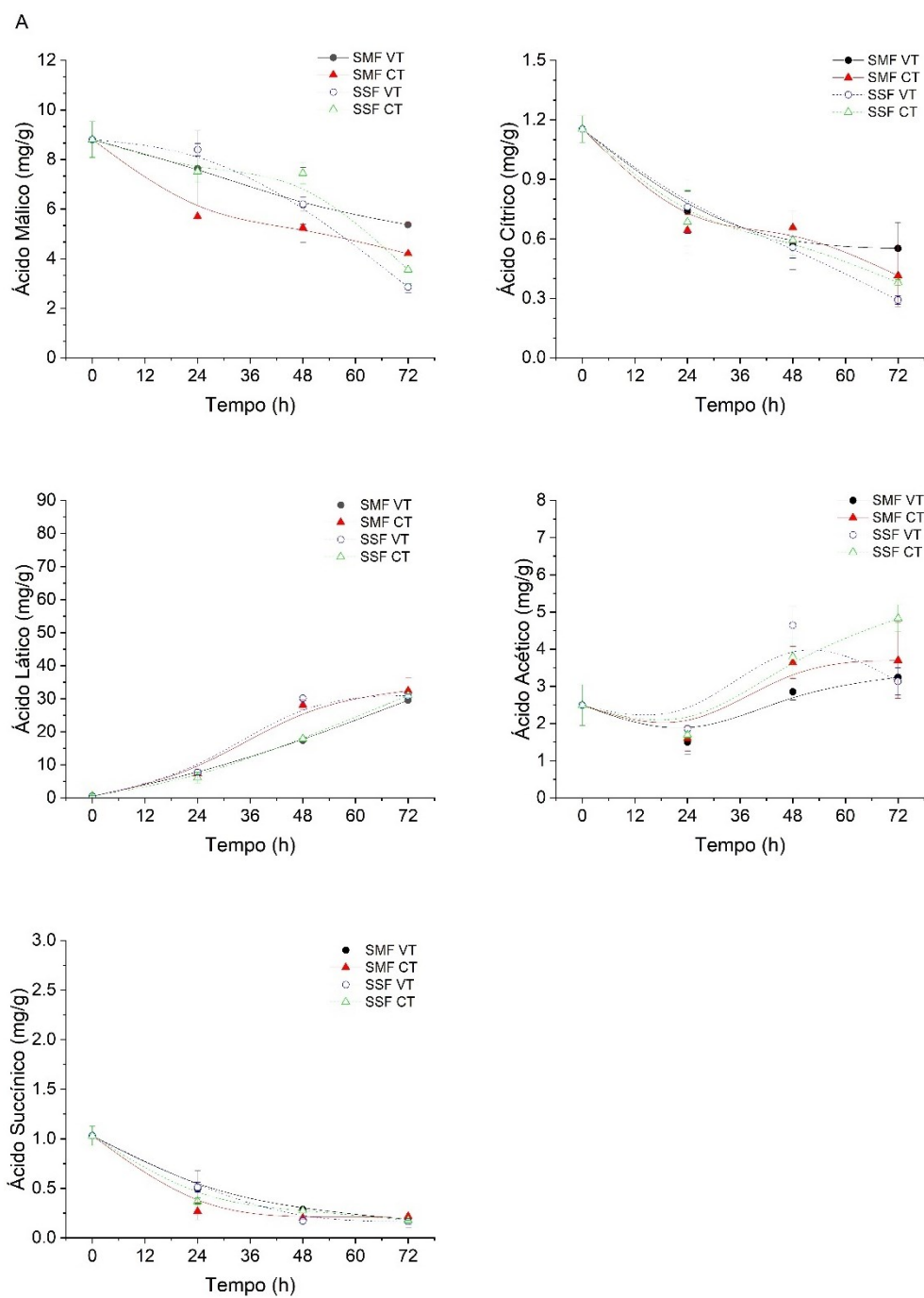
O glicerol foi produzido em pequenas quantidades durante a fermentação ao final do processo em todos os experimentos, exceto no experimento SMF CT do café Paraíso, em que a concentração foi próxima de zero. No café Paraíso, os experimentos SSF apresentaram maior produção e no café Arara, apenas o experimento SSF VT produziu glicerol em maior quantidade. Em condições de anaerobiose tem-se o estímulo para a produção de glicerol, pois, o CO₂ produzido

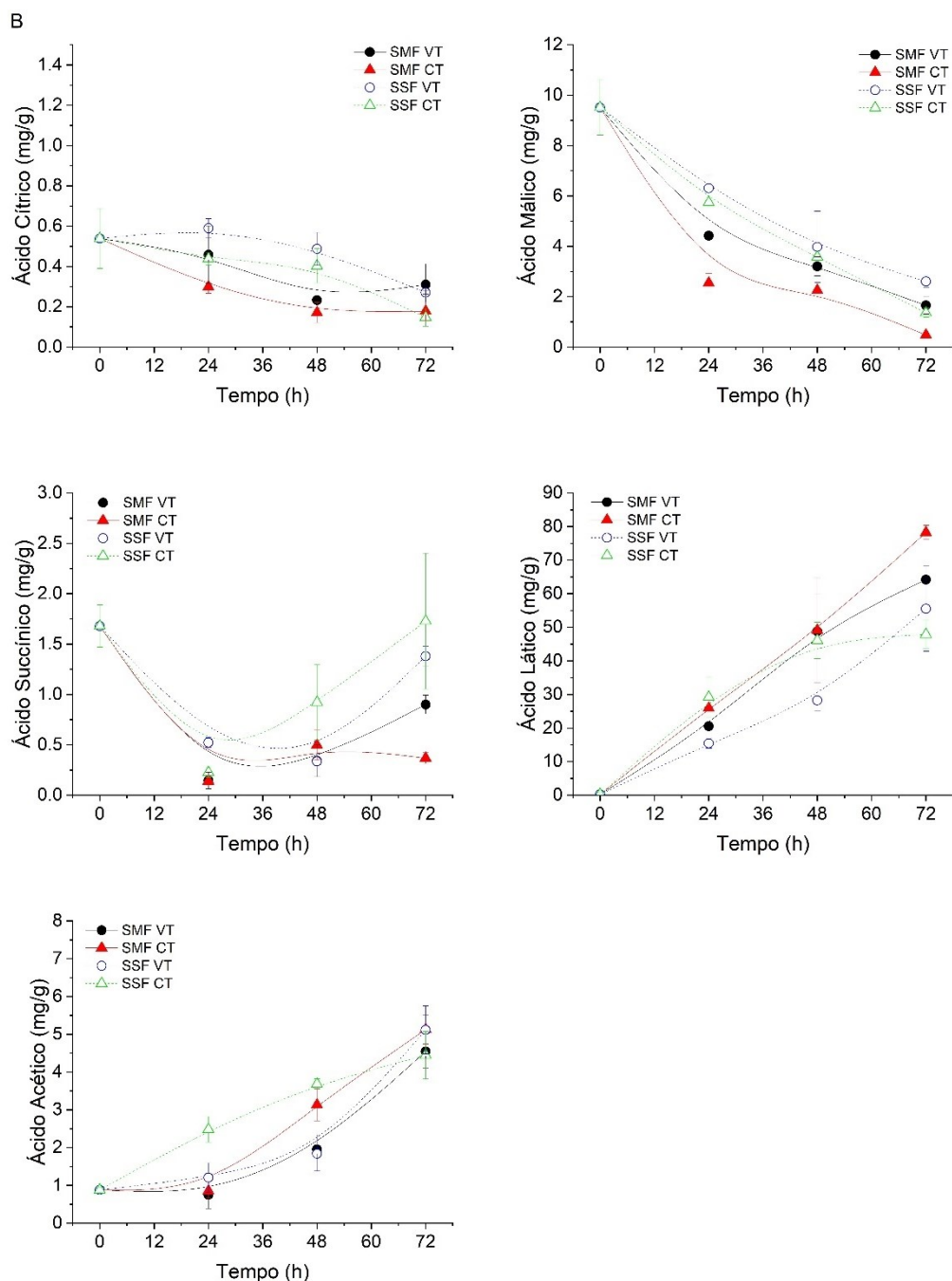
durante o processo fermentativo exerce efeito essencial nas vias de formação do ácido oxalacético a partir do ácido pirúvico e na formação de ribose-5-fosfato a partir da glicose-6-fosfato, influenciando não só a produção de glicerol, como também dos ácidos succínico e acético (Batista da Mota et al., 2022).

O consumo de açúcares da mucilagem e do grão durante a fermentação resulta no acúmulo de metabólitos microbianos como o glicerol. O glicerol geralmente está presente em alimentos fermentados e confere uma sensação doce e suave na boca, que normalmente contribui positivamente para a qualidade sensorial da bebida de café (Elhalis et al., 2021b). Mota et al. (2020) também observaram produção de glicerol durante a fermentação de cafés e associaram essa produção à alta concentração de monossacarídeos presentes no início do processo fermentativo, o qual foi um estímulo para esta produção por meio das leveduras. No presente estudo, também foram observadas altas concentrações de glicose e frutose nos frutos de café.

Além disso, foi observada produção de etanol durante a fermentação em todos os experimentos de cafés Arábica, com destaque para a fermentação SSF VT, que apresentou as maiores concentrações de etanol. Semelhantemente, nos experimentos de café Paraíso, também foram observados maiores teores de etanol no fruto dos experimentos SSF. Apesar do comportamento semelhante, os cafés Arara apresentaram maiores concentrações de etanol ao final da fermentação, em comparação aos cafés Paraíso. Esta diferença observada na produção de etanol entre os cafés Arara e Paraíso se deve à temperatura externa, que foi menor no Paraíso. O etanol é produzido por meio do metabolismo dos microrganismos a partir do consumo dos açúcares. Vale trazer avante que o etanol contribui para a viscosidade e o sabor alcoólico da bebida de café e atua como solvente para outros compostos voláteis (Elhalis et al., 2021c).

Figura 9 - Concentrações de ácidos ao longo das 72h de fermentação dos cafés Paraíso (A) e Arara (B).





Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SSF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

Durante a fermentação dos cafés Paraíso e Arara foi observada a presença dos ácidos orgânicos cítrico, málico e succínico. A presença destes ácidos durante a fermentação do café é esperada, uma vez que estão naturalmente presentes na composição natural dos frutos. Além disso, a presença desses ácidos pode estar associada ao metabolismo de microrganismos e tendem a ser mantidos durante a

fermentação (Evangelista, Silva, et al., 2014; Bressani et al., 2020; Elhalis, Cox, & Zhao, 2020; Elhalis et al., 2020; Cassimiro et al., 2023).

Durante a condução dos experimentos no café Arara, foi observado aumento na concentração de ácido cítrico nos experimentos SSF VT e CT em 24h e 48h, seguido de redução ao final da fermentação, com destaque para o experimento SSF CT que apresentou a menor concentração. Por outro lado, em todos os experimentos conduzidos com café Paraíso foi observada uma redução significativa durante toda a fermentação.

Conforme já mencionado, apesar de presente naturalmente nos frutos de café, o ácido cítrico também pode ser produzindo por meio do metabolismo de carboidratos realizado principalmente pelas leveduras. A síntese de ácido cítrico é o resultado da primeira etapa do ciclo de Krebs, no qual o acetil-CoA, molécula proveniente da transformação da glicose, se combina com o oxaloacetato, formando o citrato, que pode acumular e ser excretado pela célula na forma de ácido cítrico (Martinez et al., 2019; Batista da Mota et al., 2022).

Evangelista et al. (2015) e Martinez et al. (2019) também detectaram redução de ácido cítrico durante o processo fermentativo de café. Tal fato pode estar associado à produção dos ácidos acético e láctico, uma vez que as bactérias lácticas, por meio da fermentação, utilizam o ácido cítrico disponível como substrato para a produção de ácido láctico, ácido acético e diversos outros compostos voláteis (Ho et al., 2018; Martinez et al., 2019; Batista da Mota et al., 2022). Este ácido apresenta propriedades de conferir acidez e sabores frutados ao café, sendo um composto de interesse para os produtores que pretendem obter notas frutadas em sua bebida (Martinez et al., 2019; Batista da Mota et al., 2022).

Foi observada redução na concentração de ácido málico em todos os experimentos durante o processo fermentativo. Vale destacar que as menores concentrações foram detectadas nos experimentos SSF no café Paraíso e no experimento SMF CT no café Arara. Esse consumo pode ser explicado pela conversão de ácido málico, naturalmente presente no café, em ácido láctico pelo metabolismo bacteriano durante a fermentação, processo caracterizado por fermentação malolática, em que microrganismos convertem o ácido málico em ácido láctico e dióxido de carbono em uma proporção molar igual. O que pode ser

confirmado pelo aumento de ácido láctico observado durante o processo (Evangelista et al., 2015; da Mota et al., 2020; Rocha et al., 2024).

A concentração do ácido succínico também foi reduzida ao longo da fermentação do café Paraíso em todos os experimentos. Em contrapartida, nas fermentações SSF VT, SSF CT e SMF VT de café Arara, foi possível observar uma redução em 24-48h e produção em 72h, sendo o experimento SMF CT com a menor concentração do ácido. O ácido succínico é um ácido dicarboxílico de quatro carbonos e se caracteriza como o principal ácido orgânico produzido por leveduras e é formado no ciclo do glioxilato pela oxidação do isocitrato, bem como no ciclo redutor do ácido cítrico. Dessa forma é produzido como um intermediário do ciclo do ácido tricarboxílico (Evangelista et al., 2014; Martinez et al., 2019; Robertiello et al., 2023). Vale trazer avante que a translocação do ácido succínico ocorre da mucilagem do café para o grão com auxílio da atividade microbiana, sendo esta ação de extrema relevância para provocar alterações no perfil sensorial da bebida de café (da Mota et al., 2020).

Conforme observado na Figura 9, durante a fermentação dos cafés Paraíso a Arara houve a produção dos ácidos orgânicos láctico e acético. Ao final das fermentações, o experimento SMF CT café Arara destacou-se com a maior produção de ácido láctico em comparação com os demais. A produção dos ácidos láctico e acético pode ser confirmada pelo aumento de acidez observada na redução dos valores de pH. Dessa forma, infere-se que as condições anaeróbicas alcançadas nos biorreatores proporcionaram um ambiente ideal para o crescimento e desenvolvimento das bactérias lácticas. Nesse contexto, vale ressaltar que a acidez é um importante atributo para a qualidade do café em combinação com doçura, amargor e aroma. Além disso, a produção desses ácidos pode influenciar a formação de voláteis durante a torra do café, conferindo maior diversidade de percepções na xícara (Bressani et al., 2020; Elhalis et al., 2021c).

A produção de ácido láctico pode ocorrer de duas formas, sendo por meio das bactérias ácido-lácticas homofermentativas que utilizam a enzima aldolase e produzem ácido láctico como principal produto ou por meio das bactérias ácido-lácticas heterofermentativas que apresentam potencial função em converter

açúcares pentoses em ácido láctico e subprodutos, como o ácido acético, via fosfocetolase (Vandenberghe et al., 2018; Batista da Mota et al., 2022).

O ácido acético é um ácido carboxílico volátil e a sua produção durante a fermentação é influenciada pela temperatura, o qual normalmente é mais facilmente acumulado em temperaturas ambientais quentes ($T > 22^{\circ}\text{C}$) (Bertrand et al., 2012). No presente estudo, as temperaturas internas dos biorreatores variaram entre 19 e 27°C , o que provavelmente não apresentou relação positiva com o acúmulo de ácido acético, tendo em vista que as quantidades produzidas foram baixas em comparação com o café testemunha, assim como no estudo de Evangelista et al. (2014), no qual temperaturas entre 14,6 e $28,2^{\circ}\text{C}$ produziram baixas quantidades de ácido acético, sendo a maior concentração observada de 10,52g/kg no fruto.

O ácido acético pode ser produzido por bactérias ácido láctico, bactérias do ácido acético e por leveduras e a sua presença nas amostras iniciais (tempo 0h), pode ser explicada pelo fato de que os frutos de café podem sofrer fermentação pela microbiota naturalmente presente nos frutos durante as fases de pré-colheita e preparação dos frutos. As concentrações de ácido acético detectadas nos experimentos são positivas, uma vez que níveis mais baixos de ácido acético estão relacionados com a produção de sabor agradável, limpo e doce, enquanto os níveis mais elevados ($>1\text{mg/mL}$) produzem vinagre e sabor fermentado (Elhalis et al., 2021c).

Ácido cítrico, láctico, succínico, acético e málico são considerados os principais ácidos dos grãos de café verde e atuam como precursores de aroma e sabor, favorecendo as características sensoriais da bebida. A presença desses ácidos é desejável, pois, contribuem para uma maior acidez da bebida e a presença dessa acidez é importante para realçar a doçura e agregar nuances sensoriais positivas ao café (Evangelista et al., 2014; Evangelista, Silva et al., 2014; Bressani et al., 2020; Elhalis, Cox, & Zhao, 2020; Elhalis et al., 2020; Cassimiro et al., 2023). Dessa forma, esses compostos podem conferir aromas diversos à bebida de café, como, amanteigados, frutados e florais (Vandenberghe et al., 2018; Batista da Mota et al., 2022).

Por outro lado, a presença dos ácidos butírico e propiônico é indesejável, pois podem prejudicar a sabor da bebida. Diante disso, é possível inferir que o processo

fermentativo dos frutos de café foi conduzido de forma controlada, uma vez que não foi detectada a presença desses ácidos, indicando que os frutos não foram fermentados de forma excessiva. A literatura relata que esses ácidos não devem estar presentes em concentrações superiores a 1 mg/mL para a produção de uma bebida de café com qualidade (Evangelista, Silva et al., 2014, Evangelista et al., 2015; Haile, 2019; Martinez et al., 2019).

3.3. Análise Sensorial

As notas sensoriais dos experimentos estão exibidas na Figuras 10 e 11 e na Tabela 2 estão plotadas as notas e as percepções sensoriais. Todas as bebidas foram classificadas como cafés especiais de acordo com a metodologia da SCA, pois apresentaram notas superiores a 80 pontos. Para definir quais características de condução de fermentação foram mais vantajosas em relação à pontuação sensorial, o café testemunha foi utilizado como parâmetro de comparação.

Nas fermentações de café Paraíso, o experimento SSF CT 72h apresentou-se mais vantajoso, com nota sensorial de 86,05 pontos, conferindo aumento de 2,45 pontos em comparação à testemunha. Já nas fermentações de café Arara, os experimentos SSF CT 48h e SSF CT 72h destacaram-se com as maiores notas, atribuindo aumento de 3,60 e 3,65 pontos, respectivamente, na nota sensorial em comparação com a testemunha. Além disso, os experimentos SMF CT 48h, SSF VT 72h e SMF VT 48h foram capazes de acrescentar 3,40, 3,35 e 3,30 pontos, respectivamente, na nota sensorial em relação à testemunha. Os outros experimentos não mostraram diferenças significativas com a testemunha, indicando que a fermentação não foi capaz de aumentar a nota sensorial.

Figura 10 - Resultados da análise sensorial das bebidas de café Paraíso testemunha e fermentadas por 24, 48 e 72h, em estado sólido e submerso, com e sem controle de temperatura.



Notas com letras diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os experimentos e a testemunha. Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SFF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

Figura 11 - Resultados da análise sensorial das bebidas de café Arara testemunha e fermentadas por 24, 48 e 72h, em estado sólido e submerso, com e sem controle de temperatura.



Notas com letras diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os experimentos e a testemunha. Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SFF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

Batista da Mota et al. (2022), ao induzir fermentação pelo método SIAF, obteve um aumento de 2,83 pontos no escore sensorial em relação ao método convencional em café despulpado, resultado semelhante ao obtido no presente estudo. Além disso, todos os cafés no estudo de Batista da Mota et al. (2022), foram avaliados como cafés especiais (pontuação > 80), sendo o café natural com 82,33 e o despulpado com 84,83 pontos, fermentados por 87h. Com a obtenção de notas sensoriais mais altas, pode-se considerar que o emprego do método SIAF é vantajoso, uma vez que é acessível aos produtores, contribui para cafés com perfis sensoriais diferenciados e aumenta a qualidade da bebida.

Tabela 2 – Notas e percepções sensoriais das bebidas de café resultantes dos experimentos conduzidos com café Paraíso e Arara. Notas com letras diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os experimentos e a testemunha.

	Paraíso	Percepções sensoriais
Testemunha	83,60 ^{bc} ± 0,89	Chocolate, castanhas, rapadura, caramelo, frutas vermelhas, licoroso.
SSF VT 24h	85,40 ^{ab} ± 0,82	Rapadura, caramelo, chocolate, açúcar queimado, açúcar mascavo, pimenta, frutas vermelhas, mirtilo, jabuticaba, frutas amarelas.
SSF VT 48h	82,80 ^c ± 1,05	Castanhas, chocolate, amêndoas, caramelo, frutado, maçã, frutas vermelhas.
SSF VT 72h	83,10 ^c ± 0,42	Chocolate, mel, caramelo, castanhas, frutas amarelas, chá verde.
SSF CT 24h	82,50 ^c ± 0,87	Açúcar mascavo, chocolate, caramelo, castanhas, cogumelo, cereal.
SSF CT 48h	85,75 ^{bc} ± 1,30	Chocolate, caramelo, rapadura, castanhas, frutado, frutas negras, ameixa, especiarias.
SSF CT 72h	86,05 ^a ± 0,57	Açúcar mascavo, vinho, alcóolico, rum, castanhas, frutas vermelhas, frutas amarelas, frutas tropicais, ameixa, caju, abacaxi, caramelo, chocolate, especiarias, pimenta rosa, malte.
SMF VT 24h	83,55 ^{bc} ± 0,57	Doce de leite, nibs de cacau, chocolate, caramelo, caramelo salgado, castanhas, nozes, amêndoas, canela,
SMF VT 48h	83,00 ^c ± 0,00	Chocolate, castanhas, caramelo, rapadura, frutas amarelas, limão siciliano, laranja, chá verde.
SMF VT 72h	83,85 ^{bc} ± 1,36	Chocolate, rapadura, caramelo, melaço, frutas amarelas, pamonha.
SMF CT 24h	84,05 ^{bc} ± 0,87	Chocolate, cacau, caramelo, melaço, castanha, frutado, ameixa, cural de milho.
SMF CT 48h	83,80 ^{bc} ± 1,02	Caramelo, chocolate, castanhas, rapadura, mel, melaço, pêssego, frutas amarelas.
SMF CT 72h	83,60 ^{bc} ± 0,58	Chocolate, caramelo, castanhas, milho, cereal, doce, frutas brancas, tamarindo, herbal, chá verde, frutas vermelhas, frutado, vinho.
	Arara	Percepções sensoriais
Testemunha	82,65 ^d ± 1,63	Caramelo, chocolate, castanhas, rapadura, melaço, ameixa seca, cural de milho, frutas cítricas.
SSF VT 24h	83,94 ^{bcd} ± 1,02	Caramelo, rapadura, chocolate, castanhas, frutas amarelas, abacaxi, alcóolico, vinho, mirtilo.
SSF VT 48h	83,45 ^d ± 0,37	Caramelo, chocolate, castanhas, maltado, frutas vermelhas, laranja, alcóolico, rum.
SSF VT 72h	86,00 ^{ab} ± 0,94	Melaço, mel, frutado, frutas vermelhas, morango, ameixa, suco de uva, jabuticaba, abacaxi, alcóolico, rum, conhaque, especiarias.
SSF CT 24h	83,85 ^{cd} ± 1,63	Rapadura, caramelo, melaço, chocolate, frutado, lichia, pêssego, damasco, floral, malte, vinho.

SSF CT 48h	86,25 ^a ± 0,77	Rapadura, mel, frutado, frutas vermelhas, uva, morango, frutas negras, alcóolico, whisky, rum, vinho, vinho rosê, especiarias, floral.
SSF CT 72h	86,30 ^a ± 1,34	Caramelo, chocolate, rapadura, caramelo, frutado, frutas vermelhas, jabuticaba, amora, ameixa, frutas secas, frutas amarelas, alcóolico, whisky, rum branco, malte, floral.
SMF VT 24h	82,60 ^d ± 0,82	Cacau em pó, chocolate, rapadura, caramelo, castanhas, abacaxi.
SMF VT 48h	85,95 ^{abc} ± 0,76	Caramelo, chocolate, frutado, frutas amarelas, banana, maracujá, tamarindo, framboesa, licor, vinho, suco de uva.
SMF VT 72h	83,65 ^d ± 0,68	Chocolate, castanhas, caramelo, cereal, doce de amendoim, frutado, abacaxi.
SMF CT 24h	82,30 ^d ± 1,48	Chocolate, castanhas, amêndoas torradas, nozes, caramelo, frutado, cereal, doce de amendoim.
SMF CT 48h	86,05 ^{ab} ± 0,72	Chocolate, castanhas, caramelo, mel, frutado, cereal.
SMF CT 72h	83,55 ^d ± 0,62	Caramelo, melaço, castanhas, chocolate, cereal, frutas amarelas, pêssego, abacaxi.

Notas com letras diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os experimentos e a testemunha. Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SFF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

As diferentes percepções sensoriais observadas nos cafés fermentados estão sumarizadas nas Figuras 12 e 13. Nas fermentações de café Paraíso, ganham destaque os experimentos SMF, tendo que vista que apresentaram maior diversidade sensorial em comparação aos experimentos SSF. O inverso é obtido nas fermentações de café Arara, uma vez que os experimentos SSF apresentaram maior gama de percepções sensoriais, com destaque para frutado, fermentado, noz/cacau e doce. Assim, para o café Paraíso foi mais vantajosa a fermentação SMF e para o café Arara, a condução da fermentação SSF apresentou-se mais positiva em relação à diversidade sensorial. Ademais, todos os cafés apresentaram complexidade de sabores devido ao processo fermentativo.

Figura 12 – *Heatmap* representativo das diferentes percepções sensoriais obtidas por meio análise sensorial das bebidas de café Paraíso fermentadas por 24, 48 e 72h, conduzidas em estado sólido (A) e submerso (B), com (CT) e sem (VT) controle de temperatura.

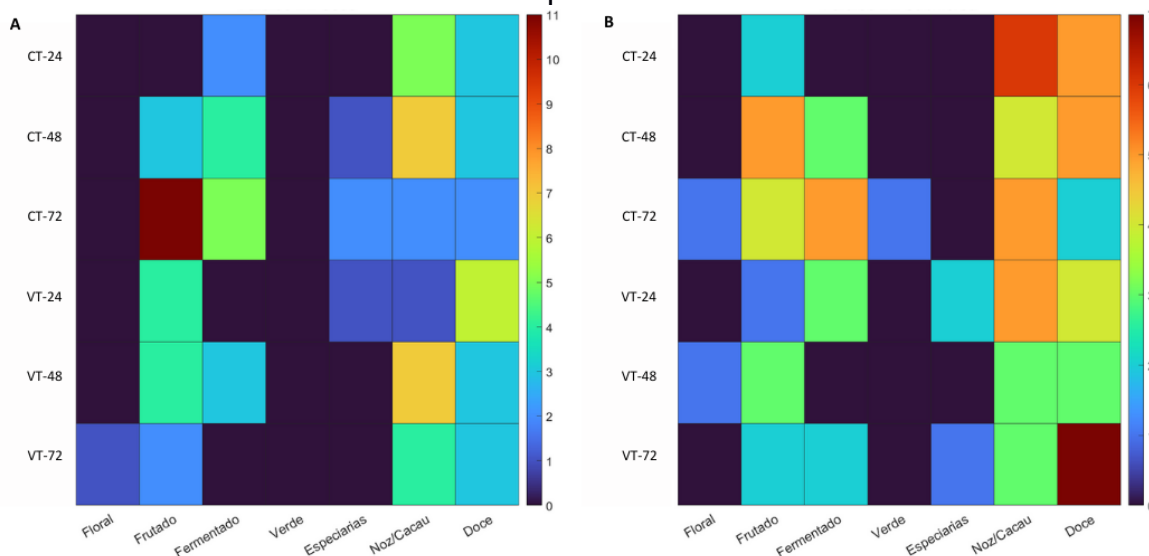
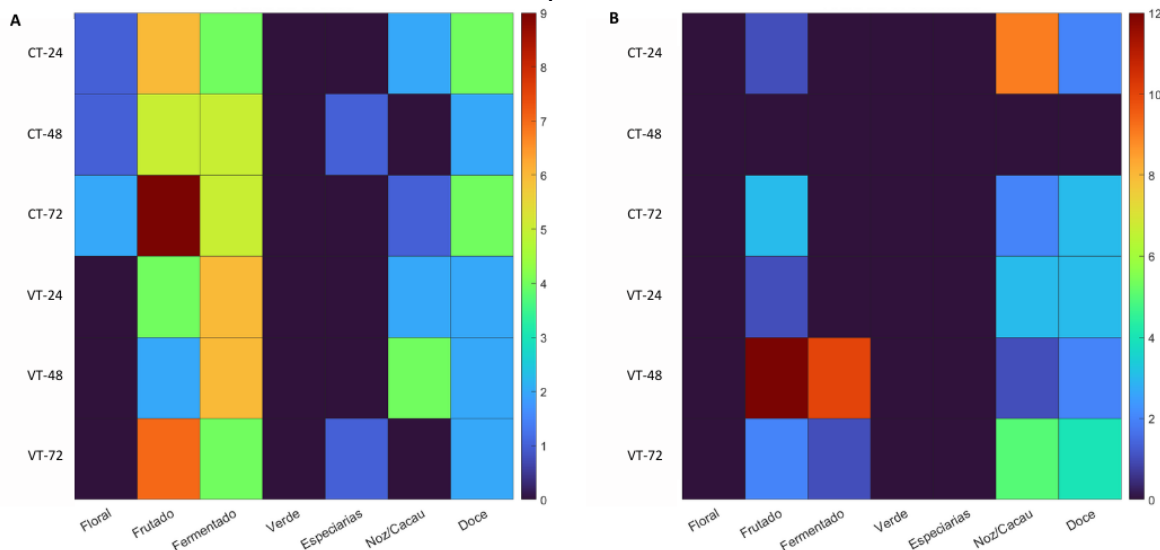


Figura 13 - *Heatmap* representativo das diferentes percepções sensoriais obtidas por meio análise sensorial das bebidas de café Arara fermentadas por 24, 48 e 72h, conduzidas em estado sólido (A) e submerso (B), com (CT) e sem (VT) controle de temperatura.



As comparar as percepções sensoriais dos cafés fermentados com e sem controle de temperatura, nas Figuras 14 e 15, pode-se observar que para o café Paraíso, os experimentos conduzidos em ambiente sem controle de temperatura apresentaram perfil sensorial mais diversificado em relação aos cafés mantidos em ambiente com temperatura controlada a 18°C, indicando assim, que temperaturas mais altas que 18°C podem ser responsáveis por produzir cafés fermentados com perfis sensoriais múltiplos. Os cafés fermentados com controle de temperatura

apresentaram mais notas nos aspectos frutado e noz/cacau, já os cafés fermentados à temperatura ambiente, apresentaram mais notas de frutado, noz/cacau e doce.

Por outro lado, nas fermentações de café Arara, a temperatura ambiente controlada foi benéfica para a produção de bebidas de café com percepções sensoriais variadas, uma vez que os cafés fermentados em ambiente com controle de temperatura (27°C) apresentaram notas evidentes de frutado, fermentado, noz/cacau e doce, enquanto os cafés fermentados em ambiente sem controle de temperatura mostraram baixa evidência dessas notas.

A diferença observada na riqueza sensorial entre os cafés Arara e Paraíso se deve à maior temperatura de fermentação empregada no ambiente controlado à 27°C para a fermentação do café Arara. Isso destaca-se como um forte indício para fortalecer as hipóteses levantadas anteriormente, que a maior temperatura durante o processo fermentativo proporciona uma maior diversidade sensorial na xícara.

Figura 14 - *Heatmap* representativo das diferentes percepções sensoriais obtidas por meio análise sensorial das bebidas de café Paraíso fermentadas por 24, 48 e 72h, conduzidas em estado submerso (SMF) e em estado sólido (SSF), com (A) e sem (B) controle de temperatura.

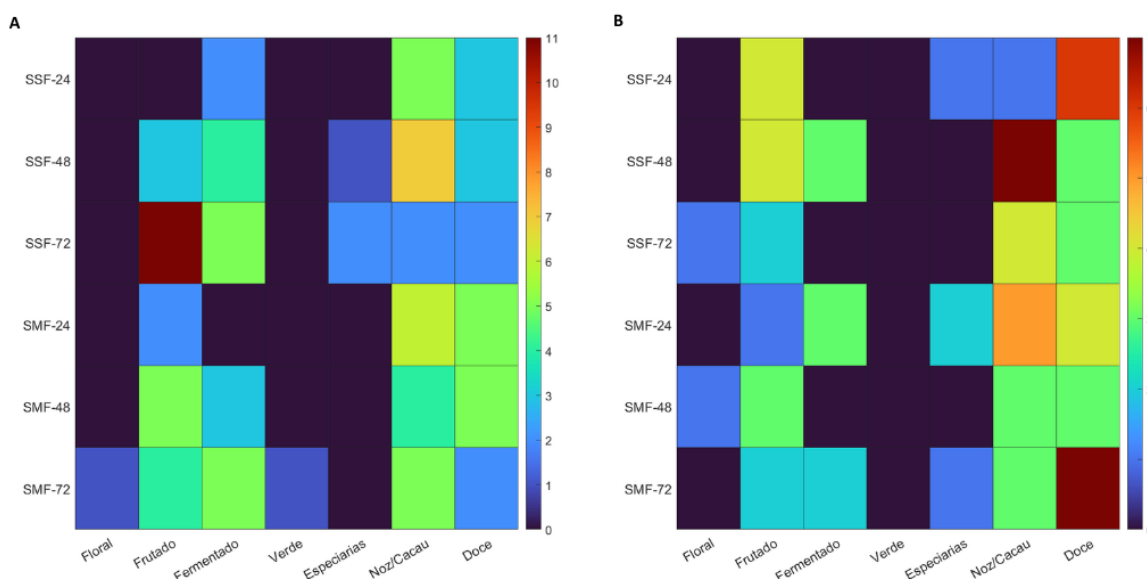
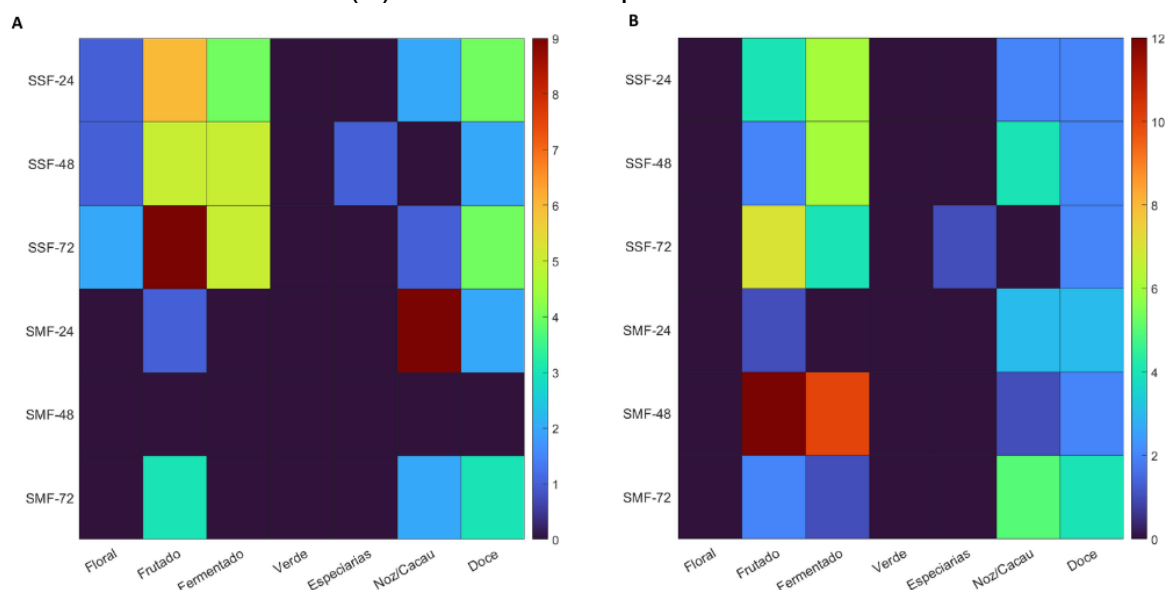


Figura 15 - *Heatmap* representativo das diferentes percepções sensoriais obtidas por meio análise sensorial das bebidas de café Arara fermentadas por 24, 48 e 72h, conduzidas em estado submerso (SMF) e em estado sólido (SSF), com (A) e sem (B) controle de temperatura.



Pereira et al., (2022) induziram fermentação pelo método SIAF em cafés naturais (*Coffea arabica* L.), cultivados em Monte Carmelo, Três Pontas, Carmo de Minas e Lajinha, em Minas Gerais, Brasil. O processo SIAF em Carmo de Minas foi conduzido com temperatura ambiente de 18-20°C, semelhante às temperaturas do presente estudo, e obtiveram notas dominantes de frutado, cana-de-açúcar e açúcar caramelizado; em Três Pontas, com temperatura ambiente maior (22-25°C) encontraram notas de cana-de-açúcar, caramelo herbáceo e chocolate; em Monte Carmelo (temp. ambiente 22-25°C) foram caramelo, vinho e amadeirado as percepções obtidas; e em Lajinha, com variação maior de temperatura (21-29°C) o café apresentou notas de frutado, chocolate e herbáceo.

As técnicas de inteligência artificial classificaram os resultados das análises sensoriais (notas) dos experimentos por árvores de decisão, estas são capazes de orientar as decisões de realizar as fermentações (Figura 16). Assim, observa-se que a nota de corte média para os cafés fermentados Paraíso foi de 83,5 pontos, sendo considerados bons resultados as provas que obtiverem notas altas acima de 83,5 e resultados não tão bons quanto as notas foram menores de 83,5. A variável mais representativa destes experimentos com o café Paraíso foi a realização de fermentação acima de 60 horas ou abaixo de 60 horas, sendo que 82% das

fermentações que foram realizadas acima de 60 horas com controle de temperatura conseguiram notas acima de 83,5 pontos na prova de xícara.

Na Figura 17 foram analisados somente os experimentos de fermentação do café Paraíso com controle de temperatura, sendo que o resultado com 81,8% de notas altas, também foi conseguido com um tempo de fermentação acima de 60 horas. Agora, nas fermentações com o café Paraíso sem controle de temperatura 77,8% dos resultados acima de 83,5 foi com tempos de fermentação abaixo de 36 horas.

Figura 16 – Árvore de decisão criada por meio das notas sensorial das bebidas de café Paraíso fermentadas por 24, 48 e 72h, conduzidas em estado submerso (SMF) e em estado sólido (SSF), com (CT) e sem (VT) controle de temperatura.

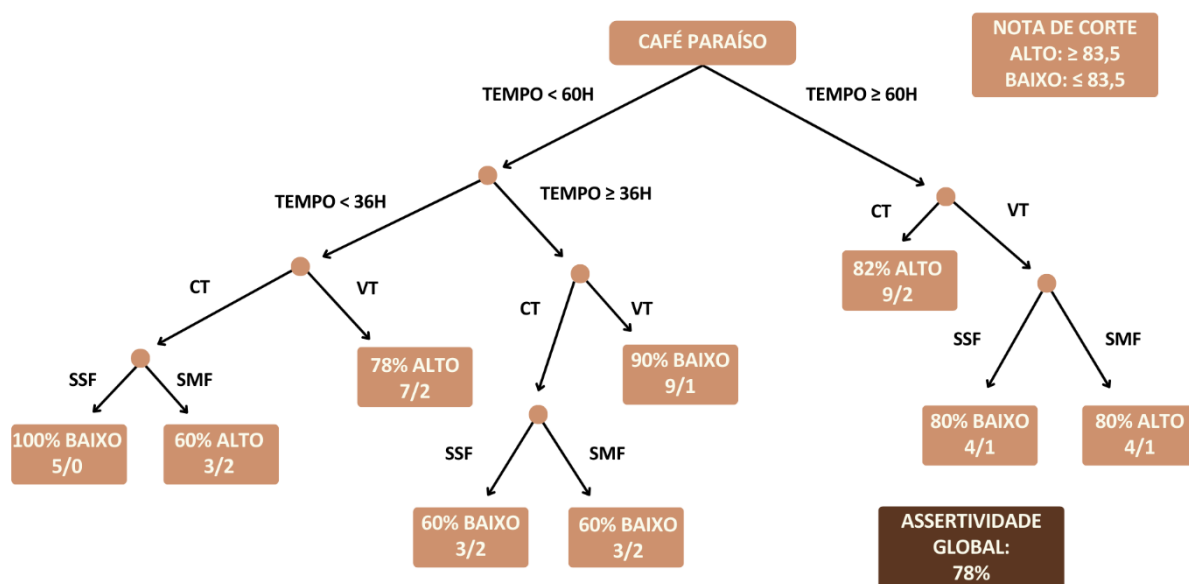
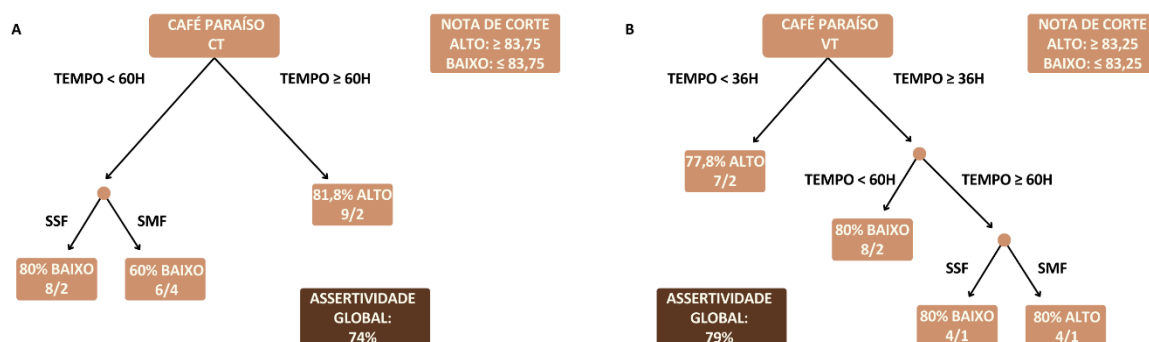


Figura 17 - Árvore de decisão criada por meio das notas sensorial das bebidas de café Paraíso fermentadas por 24, 48 e 72h, conduzidas em estado submerso (SMF) e em estado sólido (SSF), com (CT) (A) e sem (VT) (B) controle de temperatura.



Ao observar a árvore de decisão para os processos fermentativos do café Arara (Figura 18), pode-se constatar que o tempo de fermentação é a variável mais relevante para conseguir notas acima ou abaixo da média dos experimentos. Sendo que 82% dos experimentos que foram conduzidos com tempo de fermentação acima ou igual a 60 horas obteve notas maiores que 84 pontos. Ainda, ao analisar a influência do controle de temperatura (Figura 19), observa-se que a fermentação SSF em um tempo maior que 36h foi a mais viável, atingindo 100% das notas acima de 84,5 pontos.

Figura 18 - Árvore de decisão criada por meio das notas sensorial das bebidas de café Arara fermentadas por 24, 48 e 72h, conduzidas em estado submerso (SMF) e em estado sólido (SSF), com (CT) e sem (VT) controle de temperatura.

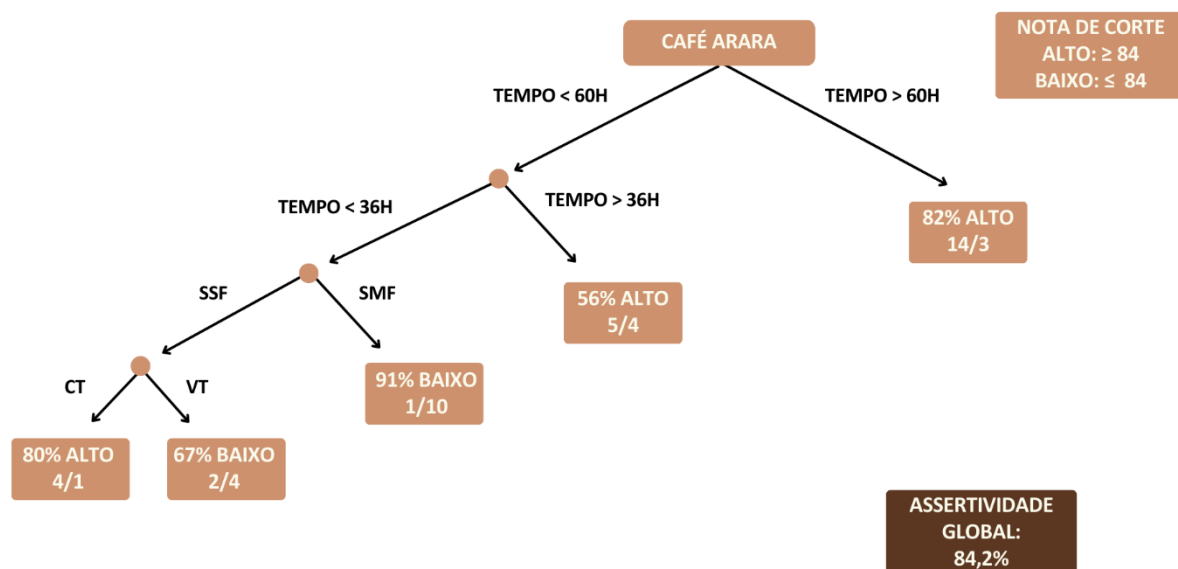
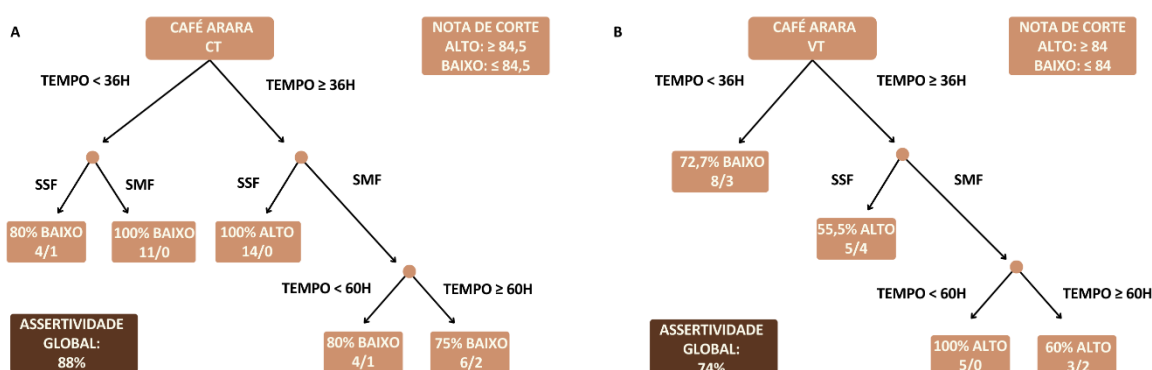


Figura 19 - Árvore de decisão criada por meio das notas sensorial das bebidas de café Arara fermentadas por 24, 48 e 72h, conduzidas em estado submerso (SMF) e em estado sólido (SSF), com (CT) (A) e sem (VT) (B) controle de temperatura.



Ao analisar as árvores de decisão fica claro que, dependendo das condições de processo, o tempo de fermentação influencia na nota final obtida. Os *heatmaps* também mostram que a temperatura e o modo de condução da fermentação influenciaram na riqueza sensorial. Tanto para o café Paraíso, quanto para o Arara, as condições em que as maiores temperatura foram atingidas proporcionaram cafés mais ricos sensorialmente, sendo que para o café Paraíso essa riqueza sensorial foi mais evidente no ambiente de temperatura variável, e para o café Arara o ambiente em temperatura controlada (27°C). Ainda, ao analisar os *heatmaps*, é possível observar que diferentes tempos de fermentação alteram os perfis sensoriais, mas não é possível determinar um melhor tempo, pois este tempo é influenciado pelas condições de processo, como temperatura externa, presença ou não de água e do cultivar.

Dessa forma, vale ressaltar que quando bem conduzida e controlada, as fermentações de café em biorreatores fechados são capazes de potencializar a retirada de açúcares da polpa e dos grãos, favorecendo a síntese de moléculas relacionadas ao aroma e sabor da bebida, o que a torna uma alternativa viável e vantajosa frente ao método convencional de fermentação. Nesse sentido, o SIAF pode resultar na obtenção de cafés homogêneos e em uma bebida final de qualidade superior, com capacidade e potencial de atender aos mercados mais exigentes (Batista da Mota et al., 2022).

4. CONCLUSÃO

Por meio do controle de temperatura foi possível obter um melhor controle do processo fermentativo dos cafés arábica, no qual o maior aumento de temperatura e maior redução de pH e °Brix nos experimentos controlados a 27°C, sugere maior atividade microbiana. Ainda, a partir da análise sensorial, foi comprovado que o controle de temperatura durante o processo fermentativo mostra-se vantajoso, uma vez que os experimentos SSF CT 72h Paraíso e SSF CT 48h e SSF CT 72h Arara, apresentaram maiores notas na escala sensorial em comparação à testemunha. E, diante disso, é possível observar uma superioridade do processo SSF em relação ao SMF, mostrando-se mais adequado para a condução de fermentações em cafés, com melhor capacidade de aumentar a pontuação sensorial na escala da SCA,

conferindo maior qualidade à bebida e, conseqüentemente maior valorização no mercado.

Entretanto, foi possível observar que todas as diferentes condições de fermentação induzidas no presente estudo produziram cafés de qualidade, sendo classificados como especiais, e com diferentes perfis sensoriais, o qual possuem características complexas e distintas de sabor e aroma. Assim, podem ser aplicadas as diferentes condições de processo para a obtenção de bebidas de café diferenciadas em termos sensoriais e com qualidade superior.

REFERÊNCIAS

- AMABIS, Jose Mariano; Martho, Gilberto Rodrigues. Fundamentos da Biologia Moderna. Editora: Moderna, 4ª Edição. 2004
- AOAC (2005) Official method of Analysis. 18th Edition, Association of Officiating Analytical Chemists, Washington DC, Method 923.03 and 925.09.
- BATISTA DA MOTA, M. C. et al. Impact of microbial self-induced anaerobiosis fermentation (SIAF) on coffee quality. **Food Bioscience**, v. 47, p. 101640, 1 jun. 2022. <https://doi.org/10.1016/J.FBIO.2022.101640>
- BERTRAND, B. et al. Climatic factors directly impact the volatile organic compound fingerprint in green Arabica coffee bean as well as coffee beverage quality. **Food Chemistry**, v. 135, n. 4, p. 2575–2583, 15 dez. 2012. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2012.06.060>
- BRESSANI, A. P. P. et al. Organic acids produced during fermentation and sensory perception in specialty coffee using yeast starter culture. **Food Research International**, v. 128, p. 108773, 1 fev. 2020. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2019.108773>
- BRESSANI, A. P. P. et al. Influence of yeast inoculation on the quality of fermented coffee (*Coffea arabica* var. Mundo Novo) processed by natural and pulped natural processes. **International Journal of Food Microbiology**, v. 343, n. June 2020, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2021.109107>
- CASSIMIRO, D. M. DE J. et al. Wet fermentation of *Coffea canephora* by lactic acid bacteria and yeasts using the self-induced anaerobic fermentation (SIAF) method enhances the coffee quality. **Food Microbiology**, v. 110, p. 104161, 1 abr. 2023. <https://doi.org/10.1016/J.FM.2022.104161>
- CORREA, E. C. et al. Advanced Characterisation of a Coffee Fermenting Tank by Multi-distributed Wireless Sensors: Spatial Interpolation and Phase Space Graphs. **Food and Bioprocess Technology**, v. 7, n. 11, p. 3166–3174, 5 out. 2014. <https://doi.org/10.1007/S11947-014-1328-4>

- CRUZ-O'BYRNE, R. et al. Genomic sequencing in Colombian coffee fermentation reveals new records of yeast species. **Food Bioscience**, v. 52, p. 102415, 1 abr. 2023. <https://doi.org/10.1016/J.FBIO.2023.102415>
- DA MOTA, M. C. B. et al. Influence of fermentation conditions on the sensorial quality of coffee inoculated with yeast. **Food Research International**, v. 136, n. June, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2020.109482>
- DE MELO PEREIRA, G. V. et al. Exploring the impacts of postharvest processing on the aroma formation of coffee beans – A review. **Food Chemistry**, v. 272, p. 441–452, 30 jan. 2019. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2018.08.061>
- ELHALIS, H. et al. The crucial role of yeasts in the wet fermentation of coffee beans and quality. **International Journal of Food Microbiology**, v. 333, p. 108796, 16 nov. 2020. <https://doi.org/10.1016/J.IJFOODMICRO.2020.108796>
- ELHALIS, H. et al. Microbiological and biochemical performances of six yeast species as potential starter cultures for wet fermentation of coffee beans. **LWT**, v. 137, p. 110430, 1 fev. 2021a. <https://doi.org/10.1016/J.LWT.2020.110430>
- ELHALIS, H. et al. The role of wet fermentation in enhancing coffee flavor, aroma and sensory quality. **European Food Research and Technology**, v. 247, n. 2, p. 485–498, 1 fev. 2021b. <https://doi.org/10.1007/S00217-020-03641-6>
- ELHALIS, H. et al. Microbiological and Chemical Characteristics of Wet Coffee Fermentation Inoculated With *Hansinasporea uvarum* and *Pichia kudriavzevii* and Their Impact on Coffee Sensory Quality. **Frontiers in Microbiology**, v. 12, p. 713969, 4 ago. 2021c. <https://doi.org/10.3389/FMICB.2021.713969>
- ELHALIS, H.; COX, J.; ZHAO, J. Ecological diversity, evolution and metabolism of microbial communities in the wet fermentation of Australian coffee beans. **International Journal of Food Microbiology**, v. 321, n. January, p. 108544, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2020.108544>
- EVANGELISTA, S. R. et al. Improvement of coffee beverage quality by using selected yeasts strains during the fermentation in dry process. **Food Research International**, v. 61, p. 183–195, 1 jul. 2014a. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2013.11.033>

- EVANGELISTA, S. R. et al. Inoculation of starter cultures in a semi-dry coffee (*Coffea arabica*) fermentation process. **Food Microbiology**, v. 44, p. 87–95, 1 dez. 2014b. <https://doi.org/10.1016/J.FM.2014.05.013>
- EVANGELISTA, S. R. et al. Microbiological diversity associated with the spontaneous wet method of coffee fermentation. **International Journal of Food Microbiology**, v. 210, p. 102–112, 1 out. 2015. <https://doi.org/10.1016/J.IJFOODMICRO.2015.06.008>
- FERREIRA, L. et al. Coffee fermentation process: A review. **Food Research International**, v. 169, p. 112793, 1 jul. 2023. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2023.112793>
- HAILE, M. The Role of Microbes in Coffee Fermentation and Their Impact on Coffee Quality. v. 2019, 2019.
- HO, V. T. T.; FLEET, G. H.; ZHAO, J. Unravelling the contribution of lactic acid bacteria and acetic acid bacteria to cocoa fermentation using inoculated organisms. **International Journal of Food Microbiology**, v. 279, p. 43–56, 20 ago. 2018. <https://doi.org/10.1016/J.IJFOODMICRO.2018.04.040>
- LACERDA, J. S. et al. Importance of Zinc for Arabica Coffee and Its Effects on the Chemical Composition of Raw Grain and Beverage Quality. **Crop Science**, v. 58, n. 3, p. 1360–1370, 1 maio 2018. <https://doi.org/10.2135/CROPSCI2017.06.0373>
- MARTINEZ, S. J. et al. Effect of Bacterial and Yeast Starters on the Formation of Volatile and Organic Acid Compounds in Coffee Beans and Selection of Flavors Markers Precursors During Wet Fermentation. **Frontiers in Microbiology**, v. 10, n. JUN, p. 1287, 2019. <https://doi.org/10.3389/FMICB.2019.01287>
- MARTINEZ, S. J. et al. Novel stainless steel tanks enhances coffee fermentation quality. **Food Research International**, v. 139, n. April 2020, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2020.109921>
- MARTINS, P. M. M. et al. Coffee growing altitude influences the microbiota, chemical compounds and the quality of fermented coffees. **Food Research**

International, v. 129, n. December 2019, p. 108872, 2020.
<https://doi.org/10.1016/j.foodres.2019.108872>

NELSON, D.L.; COX, M.M. *Princípios de Bioquímica de Lehninger*. 6. ed. São Paulo: Artmed, 2014.

PEÑUELA-MARTÍNEZ, A. E.; GARCÍA-DUQUE, J. F.; SANZ-URIBE, J. R. Characterization of Fermentations with Controlled Temperature with Three Varieties of Coffee (*Coffea arabica* L.). **Fermentation** **2023**, Vol. **9**, Page **976**, v. 9, n. 11, p. 976, 15 nov. 2023. <https://doi.org/10.3390/FERMENTATION9110976>

PEÑUELA-MARTÍNEZ, A. E.; MORENO-RIASCOS, S.; MEDINA-RIVERA, R. Influence of Temperature-Controlled Fermentation on the Quality of Mild Coffee (*Coffea arabica* L.) Cultivated at Different Elevations. **Agriculture (Switzerland)**, v. 13, n. 6, p. 1132, 1 jun. 2023. <https://doi.org/10.3390/AGRICULTURE13061132>

PEÑUELA-MARTÍNEZ, A. E.; VELASQUEZ-EMILIANI, A. V.; ANGEL, C. A. Microbial Diversity Using a Metataxonomic Approach, Associated with Coffee Fermentation Processes in the Department of Quindío, Colombia. **Fermentation**, v. 9, n. 4, p. 343, 1 abr. 2023. <https://doi.org/10.3390/FERMENTATION9040343>

PEREIRA, T. S. et al. Self-induced anaerobiosis coffee fermentation: Impact on microbial communities, chemical composition and sensory quality of coffee. **Food Microbiology**, v. 103, n. August 2021, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2021.103962>

POTHAKOS, V. et al. Temporal shotgun metagenomics of an Ecuadorian coffee fermentation process highlights the predominance of lactic acid bacteria. **Current Research in Biotechnology**, v. 2, p. 1–15, 1 nov. 2020. <https://doi.org/10.1016/J.CRBIOT.2020.02.001>

RIBEIRO, L. S. et al. Behavior of yeast inoculated during semi-dry coffee fermentation and the effect on chemical and sensorial properties of the final beverage. **Food Research International**, v. 92, p. 26–32, 2017. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2016.12.011>

- ROBERTIELLO, A. et al. Enhancing Succinic Acid Production by Sequential Adaptation of Selected *Basfia succiniciproducens* Strains to *Arundo donax* Hydrolysate. **Fermentation** **2023**, Vol. **9**, Page **573**, v. 9, n. 6, p. 573, 16 jun. 2023. <https://doi.org/10.3390/FERMENTATION9060573>
- ROCHA, R. A. R. et al. Evaluation of Arabica Coffee Fermentation Using Machine Learning. **Foods** **2024**, Vol. **13**, Page **454**, v. 13, n. 3, p. 454, 1 fev. 2024. <https://doi.org/10.3390/FOODS13030454>
- SPECIALTY COFFEE ASSOCIATION-SCA. Coffee Standards: Table of Contents. 2018. Available online: <https://sca.coffee/research/coffee-standards> (accessed on 20 May 2023).
- SPECIALTY COFFEE ASSOCIATION-SCA. Cupping Protocols. 2018. Available online: <https://sca.coffee/research/protocols-best-practices> (accessed on 20 May 2023).
- SPECIALTY COFFEE ASSOCIATION-SCA. The Coffee Taster's Flavor Wheel. What is the Flavor Wheel? 2016. Available online: <https://sca.coffee/research/coffee-tasters-flavor-wheel> (accessed on 20 May 2023).
- SILVA, C. F. et al. Evaluation of a potential starter culture for enhance quality of coffee fermentation. **World Journal of Microbiology and Biotechnology**, v. 29, n. 2, p. 235–247, 1 fev. 2013. <https://doi.org/10.1007/S11274-012-1175-2>
- SILVA, L. C. F.; et al. Enhancing Sensory Quality of Coffee: The Impact of Fermentation Techniques on *Coffea arabica* cv. Catiguá MG2. **Foods** **2024**, Vol. **13**, Page **653**, v. 13, n. 5, p. 653, 21 fev. 2024. <https://doi.org/10.3390/FOODS13050653>
- SOUSA, LEONARDO OLIVEIRA; PACHECO, CÉSAR CUNHA; PINHEIRO, ISABELA FLORINDO. Modelagem numérica e análise do comportamento térmico de Materiais de Mudança de Fase para isolamento térmico de recipiente cilíndrico. 2022. 92 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Engenharia Mecânica) - Universidade Federal Fluminense, Escola de Engenharia, Niterói, 2022.

- STREDANSKY, M. et al. Rapid sucrose monitoring in green coffee samples using multienzymatic biosensor. **Food Chemistry**, v. 254, p. 8–12, 15 jul. 2018. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2018.01.171>
- TAYLOR, M. A. et al. The effect of carbohydrate sources: Sucrose, invert sugar and components of mānuka honey, on core bacteria in the digestive tract of adult honey bees (*Apis mellifera*). **PLOS ONE**, v. 14, n. 12, p. e0225845, 1 dez. 2019. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0225845>
- VANDENBERGHE, L. P. S. et al. Solid-State Fermentation for the Production of Organic Acids. **Current Developments in Biotechnology and Bioengineering**, p. 415–434, 1 jan. 2018. <https://doi.org/10.1016/B978-0-444-63990-5.00018-9>
- VAZ, C. J. T. et al. Effect of fermentation on the physicochemical characteristics and sensory quality of Arabica coffee. **3 Biotech**, v. 13, n. 12, p. 1–12, 1 dez. 2023. <https://doi.org/10.1007/S13205-023-03768-9>

CAPÍTULO 3 – INFLUÊNCIA DO CONTROLE DE TEMPERATURA E DA ADIÇÃO DE INÓCULO DE LEVEDURA NOS PARÂMETROS DE FERMENTAÇÃO E QUALIDADE DA BEBIDA DE CAFÉ ARÁBICA

RESUMO: A fermentação é um método empregado na etapa de pós-colheita do café e apresenta-se como uma excelente alternativa para melhorar a qualidade sensorial da bebida, adicionando complexidade de sabor. No entanto, é crucial garantir que o processo fermentativo seja controlado para evitar sabores indesejados ou defeitos no café. Nesse âmbito, destaca-se o controle de temperatura externa, uma vez que o monitoramento e controle da temperatura durante o processo de fermentação é importante para garantir a consistência na qualidade do café. Além disso, a adição de inoculantes têm mostrado uma alternativa promissora para a fermentação dos cafés, podendo levar a uma gama diversificada de sabores e aromas, com notas frutadas e florais até características mais complexas e intensas. Diante disso, o presente estudo objetivou avaliar a influência do controle de temperatura ambiente e adição de inóculo de levedura nas características físico-químicas, na produção de metabólitos funcionais e na melhoria da qualidade da bebida de café. Para isso, os cafés arábica foram submetidos à fermentação anaeróbica autoinduzida, em estado sólido e submerso, com e sem controle de temperatura ambiente e adição de inóculo de levedura. Como resultado, o controle de temperatura possibilitou maior atividade microbiana durante a fermentação, sugerida por meio da maior redução de °Brix e pH. Ainda, as bebidas fermentadas em ambiente de temperatura controlada e adição de inoculante apresentaram uma rica gama de percepções sensoriais e o processo resultou em cafés com perfis sensoriais diversificados.

PALAVRAS-CHAVE: fermentação anaeróbica auto-induzida; qualidade do café; café especial.

1. INTRODUÇÃO

O café é uma das bebidas mais consumidas no planeta e uma das *commodities* agrícolas de maior relevância em todo o mundo. Os países que se destacam na produção de café são o Brasil, seguido de Vietnã, Colômbia, Indonésia e Etiópia. Esses, por sua vez, são responsáveis por 75% de toda a produção global de café (Galarza and Figueroa, 2022; Chialva et al., 2023). O Brasil é uma enorme potência produtora de café, sendo o país campeão em toda a produção mundial. Dentre as regiões brasileiras que produzem café, a região do Cerrado Mineiro é destaque e produz cerca de 4.198,5 mil sacas de café arábica ao ano (Jeong et al., 2023; CONAB, 2023).

Dentro desse mercado promissor, houve nos últimos anos uma crescente busca por cafés com diferentes nuances e percepções sensoriais. Dessa forma, as mudanças nos gostos e preferência dos consumidores por grãos de qualidade alavancaram o nicho dos cafés especiais (Seninde & Chambers, 2020; Magalhães Júnior et al., 2021; Galarza & Figueroa, 2022; Ferreira et al., 2023). E, para que o produtor rural consiga produzir esses grãos de qualidade superior, é necessário atentar-se para a condução de métodos de processamento pós-colheita com potencial de agregar sabor e nuances diferenciados aos grãos de café, uma vez que os métodos convencionais de pós-colheita nem sempre resultam em cafés especiais. Diante disso, os novos métodos para indução de fermentação em biorreatores, com conjunta adição de inóculos de microrganismos têm sido profundamente estudados com o intuito de obter cafés de melhor qualidade (Martinez et al., 2017; Mota et al., 2020; Martinez et al., 2021; Mota et al., 2022; Ferreira et al., 2023; Rocha et al., 2024).

Os biorreatores de polietileno de alta densidade são uma alternativa econômica e viável para a condução de processos fermentativos. O polietileno de alta densidade é um material resistente a danos causados pela exposição à temperatura ambiente e à maioria dos ataques químicos, fornecendo uma excelente barreira a gases e propiciando a possibilidade de atingir um ambiente anaeróbio. Além disso, o material é atóxico e possui liberação para ser utilizado na indústria alimentícia. O processo de fermentação quando bem conduzido aumenta a probabilidade de padronização e melhoria da qualidade da bebida, produzindo

diferentes percepções sensoriais na xícara, como doçura, acidez e corpo, fatores associados à melhoria da qualidade do café (Huch & Franz, 2015; Batista da Mota et al., 2022).

Dessa forma, a fermentação em biorreatores fechados proporciona uma melhor padronização do processo com melhor controle de temperatura, ao contrário do método convencional, no qual o calor gerado pelas reações metabólicas pode ser dissipado no ambiente (Mota et al., 2022). Martinez et al. (2021) comprovaram em seu estudo a superioridade do uso de biorreatores para condução de processos fermentativos em cafés, pois, com os valores de temperaturas e pH alcançados foi possível obter cafés com alta qualidade e padronização, uma vez que os mesmos perfis sensoriais foram obtidos entre as réplicas estudadas.

Fatores biológicos, físicos, químicos e geográficos do ambiente, além do método de processamento interferem no desempenho, no tempo do processo fermentativo e na atividade microbiana, afetando o metabolismo de compostos primários e sua conversão em compostos secundários que serão percebidos na análise sensorial (Bruyn et al., 2017). Nesse prisma, o acompanhamento e constante monitoramento do processo de fermentação do café é primordial para garantir que o potencial qualitativo da fruta seja desenvolvido de forma integral e permaneça nos grãos de café (Mota et al., 2022).

Sabe-se que o controle de temperatura atua na padronização do processo fermentativo, melhorando a qualidade do café através de perfis sensoriais diferenciados (Peñuela-Martínez et al., 2023), Sagita et al. (2022), buscaram uma maneira de manter em constância a temperatura durante o processo fermentativo do café. Para isso, estudaram a eficácia da aplicação de aquecimento ôhmico e constataram que o sistema de aquecimento ôhmico foi capaz de gerar calor nos grãos de café até 37 °C e após isso manteve a temperatura estável. Os resultados do experimento sugeriram que o aquecimento ôhmico pode ser um método alternativo e positivo para condicionar a temperatura durante a fermentação do café, principalmente para alcançar uma maior temperatura no início do processo, garantindo que a fermentação seja mais rápida e uniforme.

Além de controlar a temperatura durante o processo, a utilização de culturas iniciadoras no processo fermentativo apresenta-se como uma técnica promissora

para realçar o sabor, gerar compostos voláteis e alcançar uma bebida de café de qualidade superior. As cepas específicas de leveduras podem ser escolhidas com base nas características desejadas para o café final, sendo que as diferentes cepas de leveduras que são utilizadas podem produzir aromas inimitáveis ao café durante a fermentação (da Mota et al., 2020; Bressani et al., 2021; Janne Carvalho Ferreira et al., 2023; Rocha et al., 2024).

Desse modo, sabendo que a fermentação conduzida em biorreatores de polietileno de alta densidade é uma alternativa viável para a obtenção de cafés especiais, e que a supervisão e controle da temperatura durante esse processo é essencial para monitorar a atividade metabólica dos microrganismos e consequente sucesso da fermentação, esse estudo visou conduzir fermentações anaeróbicas em estado sólido e submerso de café arábica, cultivado na região do cerrado mineiro, controlando a temperatura ambiente durante todo o processo com o intuito de averiguar a sua influência nas características físico-químicas da fermentação e na qualidade final da bebida de café. Além disso, foram avaliados a influência da adição de inóculo de levedura na produção de cafés com diferentes perfis sensoriais.

2. MATERIAIS E MÉTODOS

2.1. Experimentos

Os experimentos foram realizados em julho/2022, na cidade de Patos de Minas, Minas Gerais. Os cafés (*Coffea arábica* L.) cv. Arara, foram cultivados na fazenda Chuá, situada em altitude de 1050 m, latitude 18° 35' 15 e longitude de 46° 25'35. Os cafés foram colhidos e lavados mecanicamente, e após esse procedimento, foram conduzidos ao processo de fermentação anaeróbica autoinduzida (SIAF).

Os cafés cereja natural foram fermentados em biorreatores de polietileno de alta densidade, com capacidade total de 200 litros, correspondendo a 124 kg de cafés. As tampas dos biorreatores eram dotadas de válvulas “*airlock*”, com o intuito de possibilitar a saída do CO₂ e impedir a entrada de ar externo. Os cafés foram fermentados por 24, 48 e 72 horas com adição de 10% de inoculante (levedura RX60). Nas fermentações submersas, adicionou-se 60 L de água, 30% do volume

total do biorreator. As diferentes condições de fermentação estão exibidas na Tabela 1.

Tabela 1 - Fermentações empregadas pelo método SIAF em café arábica, nos tempos de 24h, 48h e 72h.

Condição	Cultivar	Temperatura
SSF	Arara	27°C
SSF	Arara	Temperatura ambiente
SMF	Arara	27°C
SMF	Arara	Temperatura ambiente

Legenda: SSF = fermentado em estado sólido e SMF = fermentado em submersão com 30% do volume de água.

Os biorreatores que foram submetidos ao controle de temperatura foram acondicionados em ambiente fechado mantido em temperatura constante de 27°C, por um aquecedor instalado no local. A temperatura de 27°C foi selecionada, baseando-se nos resultados positivos encontrados em fermentações conduzidas anteriormente por nosso grupo de pesquisa. Já os biorreatores que não foram submetidos a esse processo foram acondicionados em ambiente externo e mantidos em ambiente sombreado, à temperatura ambiente.

Ao final das fermentações, os grãos de café foram lavados e submetidos à secagem solar em terreiros de asfalto até atingir o teor de 11-12% de umidade. Os cafés secos foram armazenados em sacos de juta (fibra vegetal têxtil), à temperatura ambiente. Após 30 dias de armazenamento, foram descascados e se transformaram em café verde. O café verde foi armazenado em sacos plásticos, à temperatura ambiente, longe da luz e exposição solar até o momento da torra.

Além disso, foram selecionadas amostras testemunhas para que fosse possível a comparação com o café fermentado durante as análises sensoriais. O café testemunha é uma representação daqueles frutos que não foram submetidos ao processo fermentativo, apenas foram lavados e secos ao sol em terreiro de asfalto até atingir a umidade ideal (11-12%). Também, foram coletadas aproximadamente 150 gramas de amostras em cada experimento e em cada tempo de fermentação a cada 24h, sendo coletadas amostras nos biorreatores de 24h, 48h e 72h. As amostras foram coletadas em triplicata, foram homogeneizadas, acondicionadas em sacos plásticos estéreis e armazenadas à temperatura de - 80°C em ultra freezer até o momento de sua utilização em análises posteriores.

2.2. Preparo do inóculo

As cepas da levedura *Saccharomyces cerevisiae* RX60 (LaFFORT) foram reativadas em frascos Erlenmeyer de 250mL contendo 100mL de meio de cultivo estéril, onde foram adicionados 3g de levedura liofilizada. O meio de cultivo teve a seguinte composição: 30g/hL Superstart, probiótico para as leveduras (LaFFORT), 6g/L de Extrato de levedura, 10g/L sacarose, 45g/L de fosfato monopotássico KH_2PO_4 , 1g/L de sulfato de magnésio $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$, 2g/L de sulfato de amônio $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ em pH 5,5. Os frascos foram incubados a 30°C em incubadora rotativa (TE-421 TECNAL) a 100 rpm até atingir a concentração de 10^9 células/mL, verificados pela contagem em câmara de Neubauer. Para produzir o inóculo adicionado aos biorreatores foi realizado uma diluição de 10 vezes.

2.3. Análises físico-químicas

Durante a condução do processo fermentativo, foram realizadas aferições de temperatura, da concentração de sólidos solúveis (°Brix) e do pH do meio em cada biorreator, em intervalos de 24 horas. Os instrumentos utilizados para a coleta destes dados foram: termômetro digital, refratômetro digital (Milwaukee®) e pHmetro digital portátil (Akso®), respectivamente. Em todas as aferições foram realizadas cinco medidas. Ainda, foram realizadas análises de conteúdo de umidade (método 925.09) e cinzas (método 923.03) de acordo com os métodos padrões da AOAC (2005).

2.4. Análise da concentração de açúcares, ácidos orgânicos e álcoois

As concentrações de açúcares (sacarose, glicose e frutose), álcoois (glicerol e etanol) e ácidos orgânicos (cítrico, málico, succínico, láctico, acético, propiônico e butírico) foram determinadas utilizando um sistema de cromatografia líquida de alta eficiência (HPLC), segundo metodologia de Silva et al. (2013) e Evangelista et al. (2014). Para isto, as amostras foram preparadas de acordo com a metodologia proposta por Elhalis et al. (2020), em que 10 gramas de frutos de café cereja foram misturados com 100 mL de água deionizada e homogeneizadas em liquidificador doméstico (Oster® 1400W) por 2 minutos. Após isso, a pasta foi filtrada através de

duas camadas de organza de polipropileno e depois centrifugada no equipamento Heal Force (Neofuge® 18R) a 13.000 rpm por 15 min a 17°C. Os sobrenadantes retidos foram filtrados através de um filtro de nylon de 0,45 micron antes da injeção no sistema de cromatografia líquida.

Para a realização da análise, utilizou-se o cromatógrafo marca Shimadzu®, modelo LC-20^a Prominence, acoplado a um detector de arranjo de fotodiodos (PDA) para detecção dos ácidos ($\lambda = 210$ nm), e um detector de índice de refração (RID) para detecção dos açúcares e álcoois. Os componentes foram separados por meio da coluna SUPELCOGEL Ca C-610H (Sigma Aldrich, Missouri, EUA). Como solução de arraste foi utilizada água deionizada, o fluxo da bomba de foi 0,5 mL/min, a temperatura do forno foi 32,5°C e o volume de injeção na coluna cromatográfica foi de 20 microlitros. A análise e o processamento dos dados foram realizados no software LC-Solutions, com quantificação baseada em curvas de calibração obtidas a partir de padrões analíticos. A identificação dos componentes da amostra foi feita por comparação dos tempos de retenção dos padrões.

2.5. Análise sensorial da bebida

Para a análise sensorial, as amostras de café de cada experimento foram preparadas de acordo com as diretrizes da *Specialty Coffee Association* (SCA). Primeiramente, 100g de cafés foram torrados em torrador Atila GOLDEN PLUS 10 (torra média) e moídos em moinho elétrico (Tramontina, Carlos Barbosa, RS, Brasil). A proporção de preparo da bebida para degustação foi de 8,25g de café para 150mL de água. As amostras foram avaliadas por 5 profissionais formados em *Q-Grader*, que são especialistas e treinandos em degustação de cafés (SCA, 2018). A avaliação sensorial foi realizada para atribuição das notas sensoriais descritivas às bebidas, sendo avaliadas com base nos atributos descritos na Roda de Sabores da SCA (SCA, 2016).

2.6. Análise estatística

Nas análises sensoriais do café utilizou-se o método de classificação por árvores de decisão, que é um método de aprendizado de máquina utilizado para identificar quais são os atributos raiz que classificam mais precisamente subgrupos

no estudo. Para testar e validar a precisão dessas árvores de decisão, o método ‘full-training-cross-validation’ foi aplicado. Este método envolve usar todas as instâncias no conjunto de dados simultaneamente para treinamento e teste, com o resultado sendo a porcentagem de erros identificados.

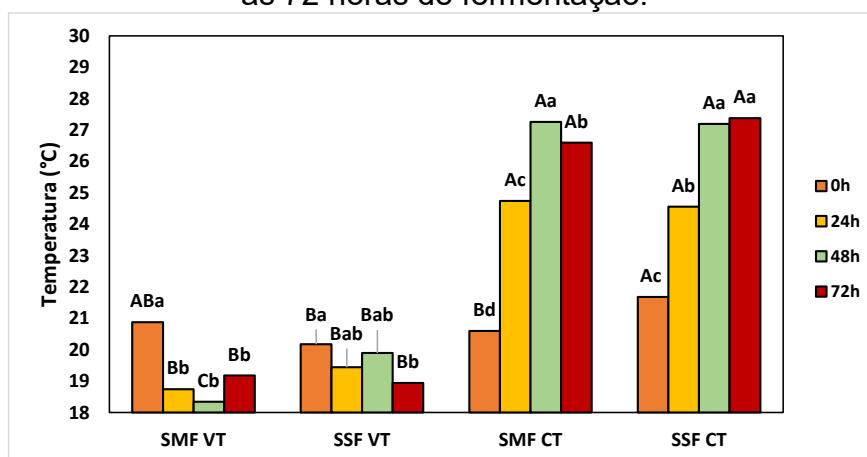
Para as demais análises de dados, foram realizados testes estatísticos de normalidade Shapiro-Wilk e para os dados com distribuição normal, a comparação das médias de tratamentos foi realizada no *software* MiniTab® 17.1.0 (Minitab, Inc., Quality Plaza, 1829 Pine Hall Road, State College, Pennsylvania 16801, USA) aplicando análise de variância (ANOVA) seguida por teste de Tukey ($p < 0,05$) para determinar diferenças significativas entre os tempos de fermentação e tratamentos.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Monitoramento e análise de parâmetros físico-químicos

A Figura 1 traz avante os dados de temperatura aferidos a cada 24h no meio interno dos biorreatores.

Figura 1 - Valores de temperatura aferidos no meio interno dos biorreatores durante as 72 horas de fermentação.



Barras com letras maiúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os experimentos para um mesmo tempo de fermentação e barras com letras minúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os tempos de fermentação em um mesmo experimento. Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SSF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

Pode-se verificar que dentro dos biorreatores acondicionados em temperatura ambiente houve queda de temperatura ao final das 72h de processo ($p < 0,05$). Já no

ambiente com temperatura controlada, foi observado expressivo aumento de temperatura ($p<0,05$) ao final das 72h em todos os experimentos, com acréscimo de 5,7°C no experimento SSF e 6°C no experimento SMF. A temperatura interna dos biorreatores acondicionados em ambiente com temperatura controlada atingiu maiores valores ($p<0,05$) quando comparados aos biorreatores em temperatura ambiente. A máxima observada foi de 27,38°C nos biorreatores em ambiente com controle de temperatura e máxima de 19,18°C nos biorreatores em temperatura ambiente. Nesse sentido, conclui-se que o controle de temperatura por meio de aquecedores foi eficaz para manter a temperatura de fermentação em 27°C, como o esperado.

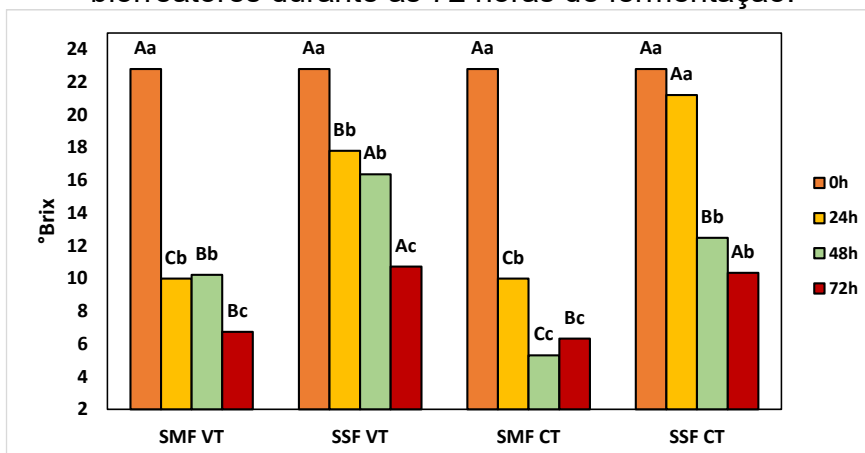
O aumento de temperatura durante a fermentação do café é esperado, pois é uma consequência da intensa atividade metabólica das culturas iniciadoras e dos microrganismos epífitos do café. As reações do metabolismo microbiano são exotérmicas, produzindo e liberando calor para o meio (Correa et al., 2014; Martins et al., 2023).

Os estudos mostram este aumento de temperatura ao longo da fermentação, porém, a temperatura máxima atingida é dependente da temperatura externa. Peñuela-Martínez et al. (2023) encontraram valores de temperatura variando entre 19,1 e 26,5°C no início e valores entre 17,7 e 26,3°C ao final da fermentação, com temperatura ambiente variando entre 18,5 e 22°C. Martins et al. (2023) observaram aumento de temperatura durante a fermentação e apesar do comportamento semelhante com os resultados do presente estudo, as temperaturas alcançadas foram mais baixas (15,5 a 19,9°C). Já Cassimiro et al. (2022) identificaram maior aumento de temperatura, em que a temperatura da massa de café variou de 20 a 33°C, valores semelhantes aos atingidos no presente estudo.

A Figura 2 mostra os dados da concentração de sólidos solúveis (°Brix) ao longo do processo fermentativo. Ao analisá-los, é possível identificar que todos os experimentos apresentaram redução de açúcares ao final do processo fermentativo. Ainda, os experimentos SMF apresentaram um valor menor ao final da fermentação quando comparados aos experimentos SSF ($p<0,05$). E para a mesma condição de temperatura externa, as quedas de °Brix nos experimentos SMF foram mais rápidas do que nos experimentos SSF. Tal comportamento pode ser atribuído à adição de

água dentro dos biorreatores SMF, uma vez que ocorre a perda de compostos do fruto para a água por meio de lixiviação e absorção de água pelo fruto (Rocha et al., 2024).

Figura 2 – Concentrações de sólidos solúveis (°Brix) aferidos no meio interno dos biorreatores durante as 72 horas de fermentação.

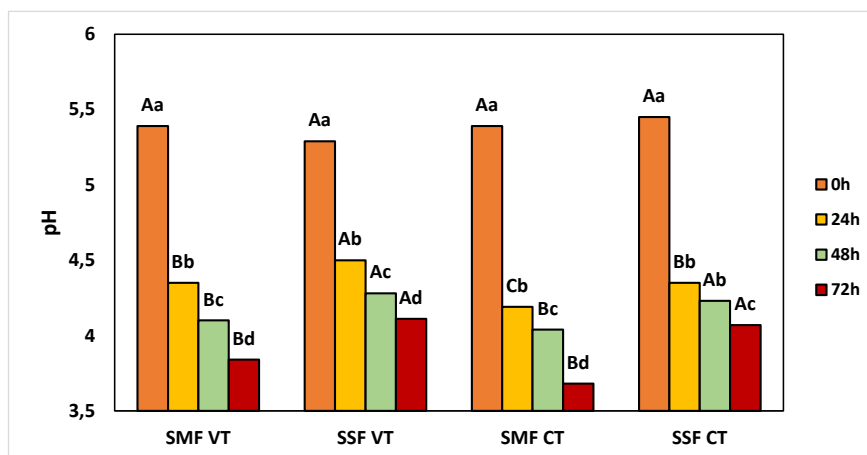


Barras com letras maiúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os experimentos para um mesmo tempo de fermentação e barras com letras minúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os tempos de fermentação em um mesmo experimento. Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SSF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

Martins et al. (2023) em seu estudo de fermentação observaram a concentração de sólidos solúveis reduzindo ao longo do processo, no qual os grãos de café iniciaram em 26°Brix e após 96 h de fermentação esse valor reduziu para 15,2 °Brix. Cassimiro et al. (2022) também observaram redução no teor de sólidos solúveis, sendo que o café recém-colhido apresentou concentração média de 16° Brix e após 72 h de fermentação esta concentração apresentou-se abaixo de 10 °Brix.

A Figura 3 traz dados de pH aferidos ao longo do processo. Pode-se observar que para todos os experimentos, houve redução ($p < 0,05$) de pH e consequente acidificação do meio durante as 72h de fermentação. Os experimentos SSF VT e SMF VT apresentaram redução de 1,18 e 1,55, respectivamente. Já os experimentos SSF CT e SMF CT, apresentaram redução de 1,38 e 1,71, respectivamente. Ao final da fermentação, os experimentos SMF apresentaram menor pH ($p < 0,05$) em comparação aos experimentos SSF. Posto isso, pode-se inferir que a água adicionada nos biorreatores contribuiu para o desenvolvimento e maior atividade dos microrganismos.

Figura 3 – Valores de pH aferidos no meio interno dos biorreatores durante as 72 horas de fermentação.



Barras com letras maiúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os experimentos para um mesmo tempo de fermentação e barras com letras minúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os tempos de fermentação em um mesmo experimento. Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SSF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

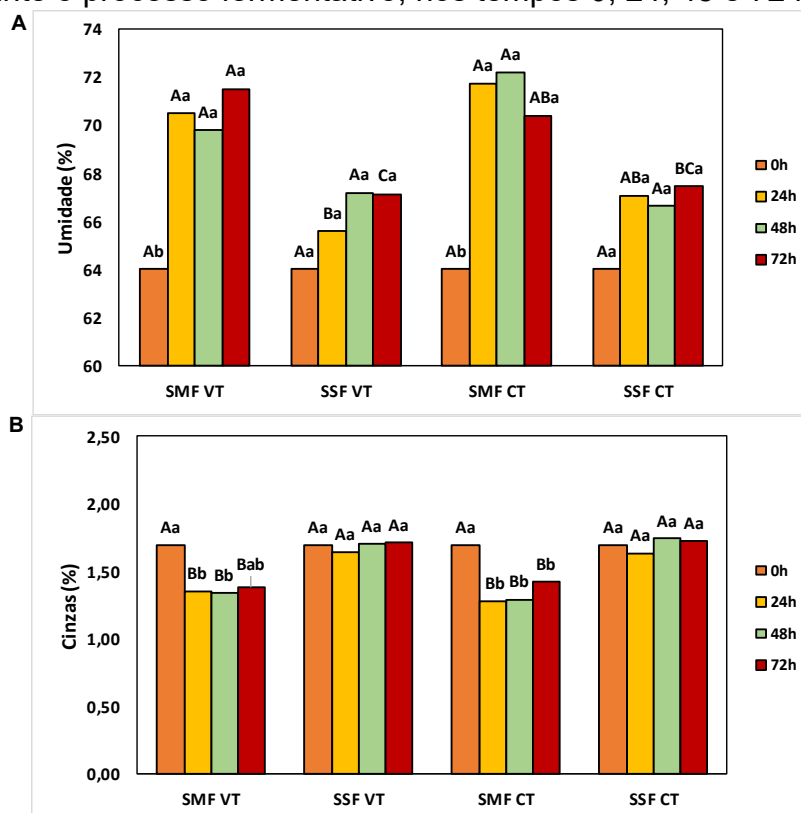
Semelhantemente ao presente estudo, Braga et al. (2023) e Cassimiro et al. (2022) também observaram redução de pH ao longo do processo fermentativo. Peñuela-Martínez et al. (2023) identificaram valores de pH no início da fermentação variando entre 4,34 e 5,95 e ao final da fermentação esses valores variaram entre 3,00 e 4,51. Cruz-O'Byrne et al. (2023) verificaram que durante a fermentação do café, o pH apresentou tendência linear decrescente, passando de 5,4 para 4,0 ao final do processo. Resultados semelhantes foram encontrados no estudo de Cassimiro et al. (2023), em que o pH inicial dos cafés foram de 4,6 a 5,5, com comportamento de redução gradativa durante a fermentação de 72 horas, atingindo valores finais de 3,5 a 3,9.

O comportamento de decréscimo nos valores de pH é esperado e é característico dos processos de fermentação do café justamente porque durante a fermentação ocorre a degradação da mucilagem e essa degradação realizada pelo metabolismo dos microrganismos resulta na produção de ácidos orgânicos. No caso das leveduras, quando inoculadas como culturas iniciadoras, produzem os ácidos cítrico, málico, acético, succínico e quínico (Ruta and Farcasanu, 2021; Cruz-O'Byrne et al., 2023; Silva et al., 2024).

O aumento da temperatura, o consumo de açúcares, e a redução do pH indicam que ocorreu uma atividade microbiana ao longo da fermentação. Nesse sentido, pode-se inferir que no presente estudo as condições anaeróbias alcançadas dentro dos biorreatores foram capazes de proporcionar um ambiente favorável ao desenvolvimento dos microrganismos. Ainda, infere-se que a alta concentração de carboidratos presente no fruto de café recém-colhido, é responsável por potencializar as reações metabólicas da microbiota, contribuindo para o aumento de temperatura da massa do café e diminuição de pH, devido à produção de ácidos orgânicos (Elhalis, Cox, & Zhao, 2020; Cassimiro et al., 2022).

Os teores de umidade e cinzas determinados nos grãos de café nas diferentes condições de fermentação estão exibidos na Figura 4.

Figura 4 - Teores de umidade (A) e cinzas (B) quantificados nos grãos de café, durante o processo fermentativo, nos tempos 0, 24, 48 e 72 horas.



Barras com letras maiúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os experimentos para um mesmo tempo de fermentação e barras com letras minúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os tempos de fermentação em um mesmo experimento. Legenda – SMF

VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SSF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

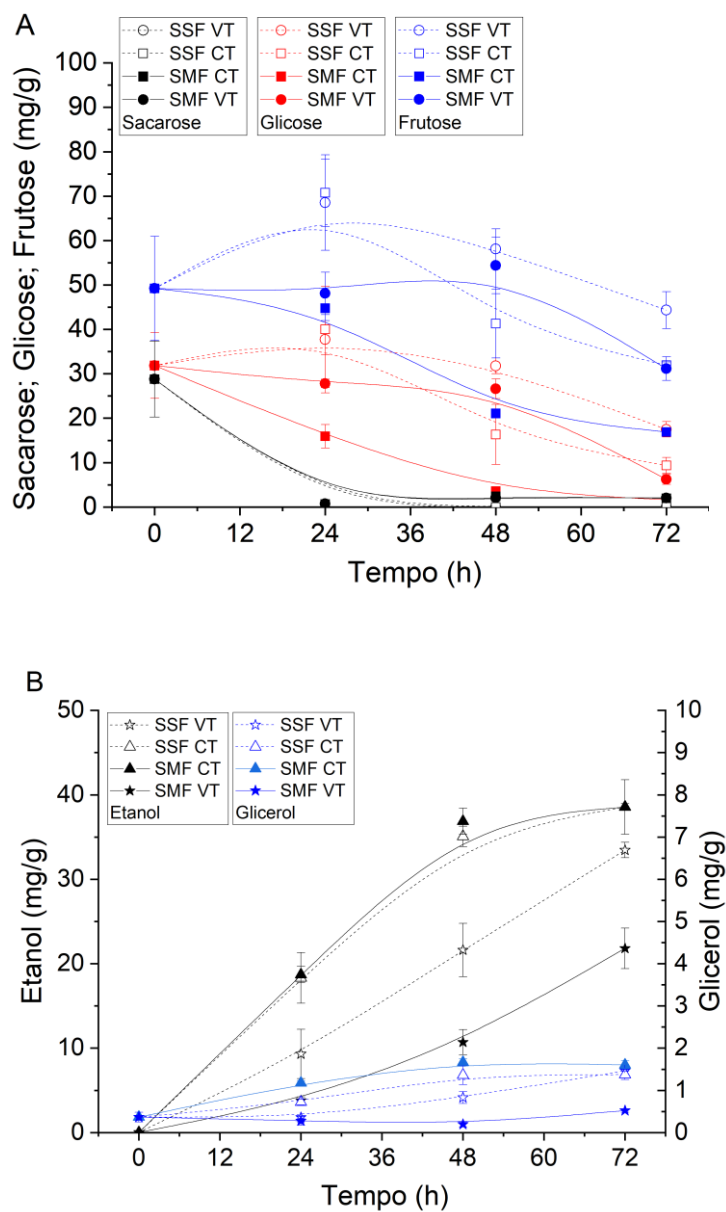
Pode-se observar que houve aumento significativo ($p < 0,05$) no teor de umidade ao final da fermentação nos experimentos SMF. Tal fato pode ser explicado pela absorção da água contida no meio pelos grãos (Rocha et al., 2024) e pode ser confirmado, uma vez que os experimentos SSF apresentaram menores teores de umidade ($p < 0,05$). Ao final da fermentação, os grãos de café apresentaram teores de umidade variando entre 67,14 e 71,51%. Ao analisar a quantificação de cinzas, é possível identificar que houve perda significativa ($p < 0,05$) de conteúdo mineral dos grãos ao longo das 72h de fermentação em todos os experimentos SMF, indicando perda de nutrientes para a água através de lixiviação. Assim, ao final da fermentação, os experimentos SSF apresentaram maior teor de cinzas ($p < 0,05$), enquanto os experimentos SMF exibiram menor teor de conteúdo mineral. Ainda, vale destacar que o controle de temperatura não influenciou na variação de umidade e cinzas.

Carvalho Neto et al. (2017) realizaram análise mineral em grãos de café fermentados, secos e torrados e detectaram que o potássio foi o mineral mais abundante entre os minerais analisados, seguido por fósforo, magnésio e cálcio. Ainda, em relação ao conteúdo mineral dos grãos de café, Lacerda et al. (2018) investigaram a influência do cultivo de café sob doses crescentes de zinco até a produção e, detectaram que uma maior disponibilidade de zinco no meio de cultivo foi capaz de potencializar os atributos relacionados à qualidade da bebida, como atividade do polifenol oxidase, índice de cor e teores de sacarose, cafeína e trigonelina. Além disso, doses adequadas de zinco mostraram redução no teor de ácido 5-cafeoilquínico, fenóis totais, potássio lixiviado e condutividade elétrica.

3.2. Concentrações de açúcares, álcoois e ácidos dos frutos café

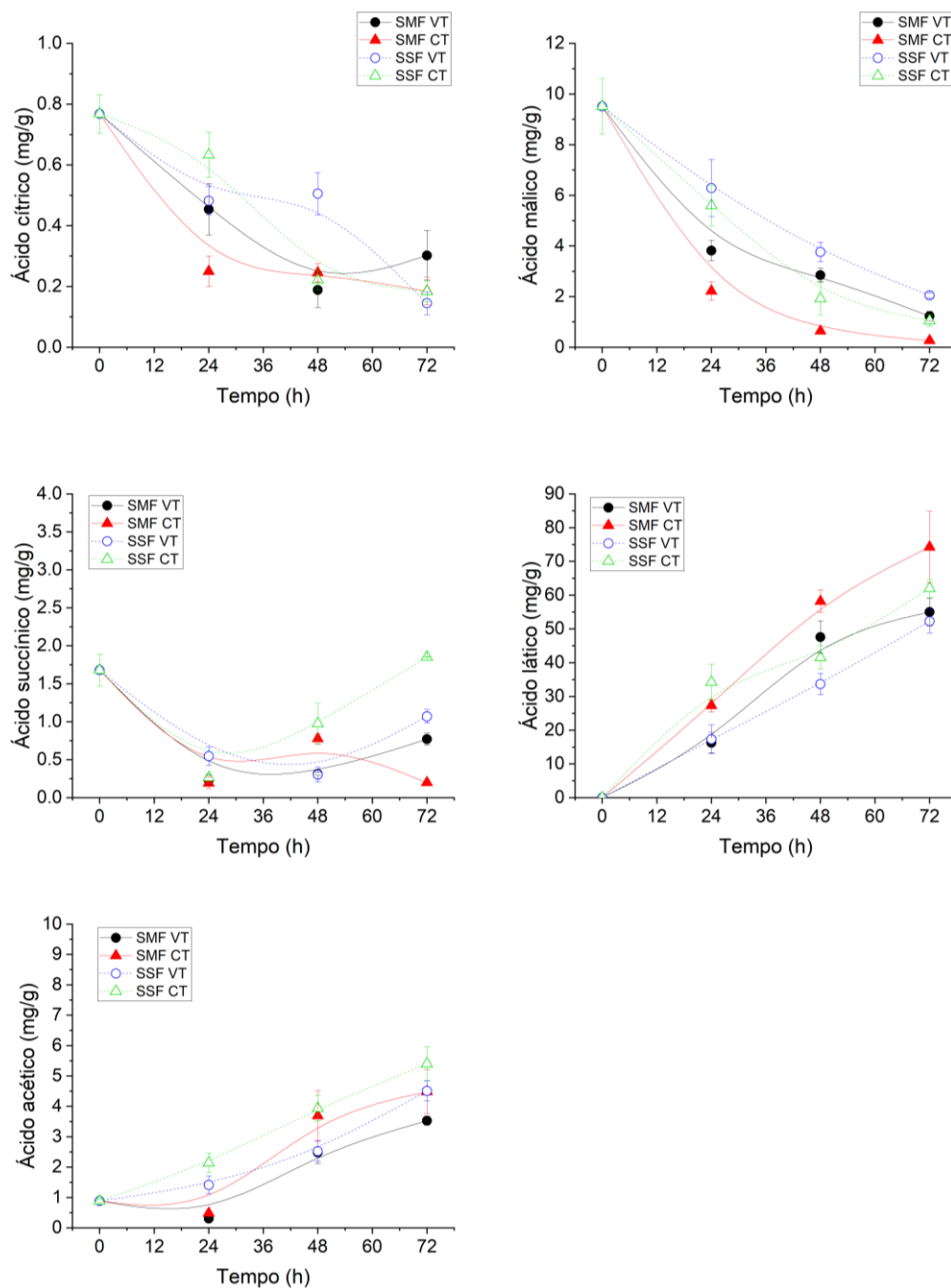
As concentrações de açúcares e álcoois estão expressas na Figura 5 e as concentrações de ácidos nos frutos de café durante a fermentação estão exibidos na Figura 6. Ainda, no material suplementar 1, estão plotados todos os dados estatísticos dos resultados destas análises.

Figura 5 – Concentrações de açúcares (A) e álcoois (B) nos frutos de café durante o processo fermentativo, nos tempos 0, 24, 48 e 72 horas.



Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SFF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

Figura 6 – Concentrações de ácidos nos frutos de café durante o processo fermentativo, nos tempos 0, 24, 48 e 72 horas.



Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SSF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

Em relação à sacarose, foi observado um alto consumo durante a fermentação, resultando em concentrações extremamente baixas a partir de 24h de processo. Ao final da fermentação, foi observado total consumo de sacarose nos experimentos SSF VT e SSF CT. Bruyn et al. (2017) também observaram consumo total de sacarose ao final da fermentação, além de redução nas concentrações de frutose e glicose.

No presente estudo, também foi observada queda nas concentrações de frutose e glicose durante a fermentação em todos os experimentos, com menores concentrações à medida que a fermentação foi se prologando. O experimento SMF CT apresentou o menor teor de glicose e frutose ao final das 72h, enquanto as maiores concentrações dos açúcares nesse mesmo período foram no experimento SSF VT, cuja sacarose foi totalmente hidrolisada e consumida. O declínio nas concentrações de açúcares ao longo da fermentação pode ser explicado através de seu consumo por meio dos microrganismos presentes no processo fermentativo, uma vez que as bactérias e leveduras utilizam os açúcares como fonte para o desenvolvimento de suas atividades metabólicas (Osorio et al., 2023). Ainda, após 24h de processo, as concentrações de frutose e glicose apresentaram declínio mais rápido nos experimentos com temperatura controlada, mostrando a influência da temperatura na cinética de consumo de substrato.

A frutose, apesar de apresentar redução ao final do processo, apresentou um aumento em 24h de fermentação no experimento SSF CT. Esse fato pode ser associado à hidrólise da sacarose (Mota et al., 2020), uma vez que nesse exato momento, a sacarose já havia sido totalmente consumida. Vaz et al. (2023) ao analisar o teor de açúcares dos cafés também detectaram maiores concentrações de frutose e glicose em comparação à sacarose. Esse resultado se deve à hidrólise da sacarose realizada pelas leveduras presentes na fermentação, convertendo a sacarose nos monossacarídeos frutose e glicose. Devido ao metabolismo da levedura, a glicose é consumida em primeiro lugar, e só depois ocorre o consumo da frutose (Vaz et al., 2023).

A medida em que foi observado o consumo dos açúcares (sacarose, glicose e frutose) durante a fermentação, houve um acúmulo substancial de outros metabólitos relacionados à atividade microbiana, incluindo glicerol, etanol, ácido

lático e ácido acético. As concentrações desses compostos aumentaram proporcionalmente ao tempo de fermentação, em que as maiores concentrações foram detectadas ao final as 72h de processo, em todos os experimentos. Elhalis et al. (2020) também detectaram em seu estudo, que as fermentações conduzidas na presença de leveduras aumentam a concentração de álcoois, ésteres, aldeídos, glicerol e ácidos orgânicos, como o ácido acético.

Durante a fermentação o controle de temperatura exerceu maior efeito na concentração de etanol, tanto os experimentos SSF quanto SMF apresentaram concentrações similares e as maiores concentrações observadas foram nos experimentos CT, apresentando uma produção rápida até 48h, com um pequeno aumento após este tempo. Comportamento similar foi observado na produção de glicerol, mas para este metabólito, entre 48 e 72h, o experimento SSF VT atingiu concentrações similares às fermentações CT. Já o experimento SMF VT apresentou uma produção muito pequena somente após 48h de fermentação.

O etanol é produzido por leveduras e contribui para a viscosidade da bebida e a solubilidade dos voláteis. Nas fermentações inoculadas com leveduras, é observado que a concentração de etanol é maior do que nas fermentações espontâneas. O mesmo acontece com as concentrações de glicerol e ácido lático, uma vez que as leveduras são responsáveis pela produção desses compostos, por meio da degradação dos açúcares. O glicerol é comumente detectado em produtos fermentados com leveduras e proporciona uma percepção sensorial suave, que normalmente tem uma contribuição positiva para a qualidade da bebida de café, pois, possui um sabor adocicado (Elhalis et al., 2021; Vaz et al., 2023).

O acúmulo de ácido lático durante a fermentação pode estar relacionado à população de bactérias lácticas e leveduras, presentes naturalmente nos frutos de café. A fermentação anaeróbica autoinduzida, conduzida em biorreatores selados, favorece o crescimento destes microrganismos, devido à ausência de oxigênio. E esses microrganismos em pleno desenvolvimento produzem ácido lático, aumentando a acidez do café (Bressani et al., 2018, 2020).

O experimento SMF CT apresentou a maior concentração de ácido lático ao final da fermentação, enquanto os experimentos SSF VT e SMF VT apresentaram as menores. Dessa forma, o resultado pode ser atribuído ao controle de temperatura, o

qual atingiu maiores valores em relação aos experimentos não controlados, indicando que a temperatura controlada em 27°C possibilitou maior atividade dos microrganismos durante o processo. Além disso, a glicose é o principal substrato utilizado pelos microrganismos para produzir ácido láctico (Peñuela-Martínez et al., 2023). Considerando esta via bioquímica, foi possível associar o consumo de glicose à produção de ácido láctico. No experimento SMF CT, ao final das 72h de fermentação foi o experimento que apresentou maior consumo de glicose e frutose e maior produção de ácido láctico.

As bactérias do ácido láctico são um grupo heterogêneo com ampla diversidade de espécies e além de produzir ácido láctico, algumas espécies também produzem etanol, CO₂ e ácido acético (Silva et al., 2021). A produção de ácido acético é esperada durante a fermentação, e a inoculação de leveduras pode favorecer essa característica (Bressani et al., 2018). Ainda, para a produção de ácido acético e láctico, os microrganismos podem ter fermentado os açúcares disponíveis ou utilizado o ácido cítrico como fonte, uma vez que foram observadas redução nas concentrações dos dois compostos durante o processo (Martinez et al., 2019).

Ao contrário dos metabólitos supracitados, os ácidos cítrico e málico apresentaram redução ao longo do processo de fermentação e suas menores concentrações foram detectadas a medida em que aumentava o tempo de processo. Estes e outros ácidos orgânicos estão presentes naturalmente na composição dos grãos de café, sendo o ácido cítrico em primeiro lugar, seguido de ácido málico, ácido quínico e ácido succínico (Wang et al., 2019).

O ácido succínico apresentou comportamento constante durante a fermentação do experimento SSF VT e no experimento SSF CT apresentou redução em 24h e aumento em 72h de processo. No experimento SMF VT apresentou maior redução em 24h e aumentou em 72h de processo, porém, com redução em relação ao início do processo. No experimento SMF CT, houve redução em 24h, aumento em 48h e redução ao final da fermentação. Sabe-se que o ácido succínico contribui para as características finais do produto e, além de ser encontrado naturalmente durante o processamento do café, pode também ser produzido por microrganismos dos gêneros *Bacillus* spp., *Lactobacillus* heterofermentativos e leveduras durante a

fermentação (Ribeiro et al., 2020; Osorio et al., 2023). Ainda, destaca-se como o principal ácido orgânico produzido por leveduras, sendo formado no ciclo do glioxilato pela oxidação do isocitrato, bem como no ciclo redutor do ácido cítrico e também na degradação do ácido málico (Rocha et al., 2023). Assim, a presença de ácido succínico é um bom indicador quando se utiliza inoculação de leveduras (Martinez et al., 2019).

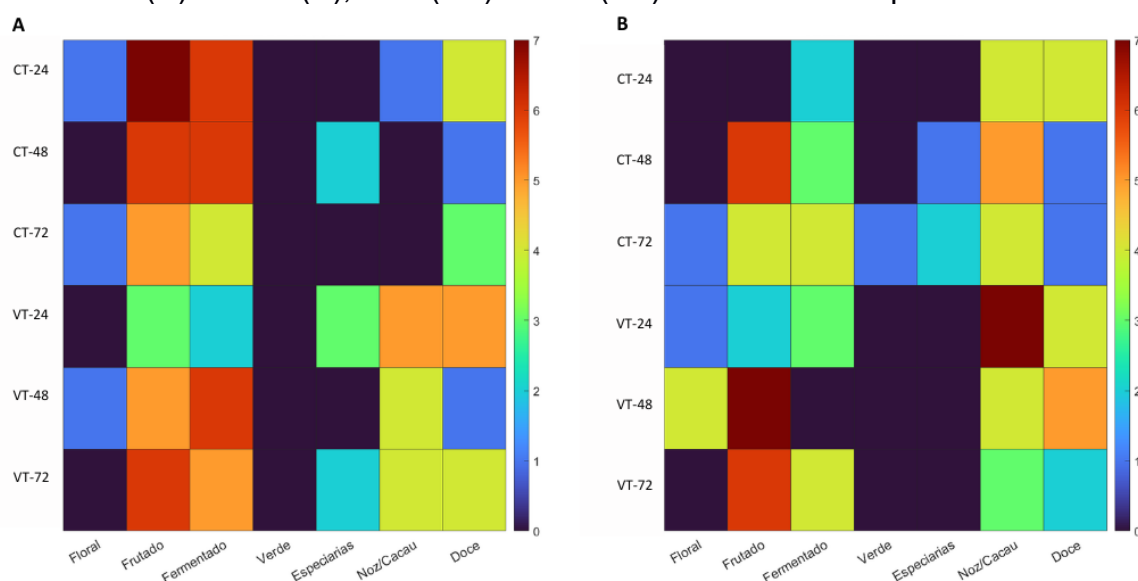
A origem natural do ácido cítrico é um produto das reações que ocorrem nos frutos do café, como o ciclo de Krebs, ou seja, existiu uma pré-fermentação logo após os frutos serem colhidos dos cafeeiros (Martinez et al., 2019). Além da utilização do ácido cítrico para a produção de ácido acético, láctico e succínico, a redução da sua concentração durante a fermentação também pode ser resultado da gliconeogênese realizada através do ciclo do ácido cítrico (Kumar et al., 2018). O ácido cítrico é um composto cuja presença é desejável nos grãos de café, pois, confere à bebida de café acidez e sabores frutados, como o de frutos silvestres (Vandenberghe et al., 2018).

Por fim, não foram detectados ácidos indesejáveis, como ácido butírico e propiônico, indicando que a fermentação e a cultura iniciadora influenciaram positivamente a qualidade do café. Ainda, estas descobertas indicam que a levedura inoculada é promissora para utilização como inoculante na fermentação de café, pois, evitou a formação de compostos de sabor desagradável, como é o caso do ácido butírico que tem sabor de cebola e é produzido principalmente pelo crescimento indesejável de microrganismos contaminados durante as fermentações (Evangelista et al., 2014; Elhalis et al., 2021).

3.3. Análise Sensorial

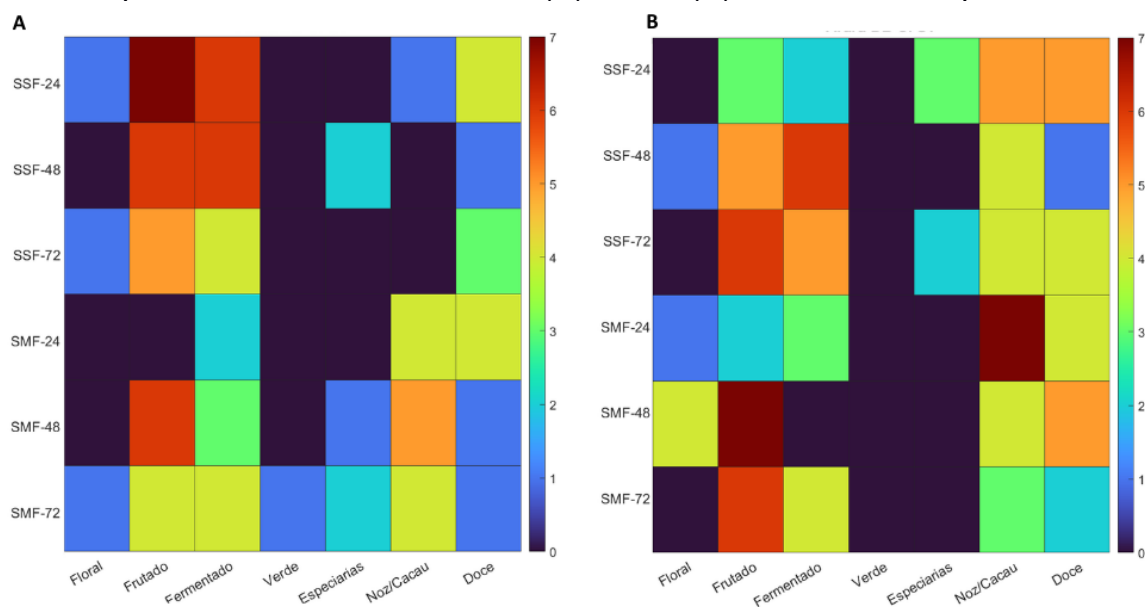
As representações das percepções sensoriais obtidas na prova de xícara estão expressas nas Figuras 7 e 8. Ao analisá-las nota-se que houve uma grande variedade de percepções sensoriais, resultando em bebidas com diferentes perfis. As percepções sensoriais dos experimentos SSF e SMF mostraram que os experimentos SSF apresentaram maior gama de percepções sensoriais, com destaque para frutado, fermentado e doce (Figura 7).

Figura 7 - *Heatmap* representativo das diferentes percepções sensoriais obtidas por meio da análise sensorial das bebidas de café fermentadas por 24, 48 e 72h, SSF (A) e SMF (B), com (CT) e sem (VT) controle de temperatura.



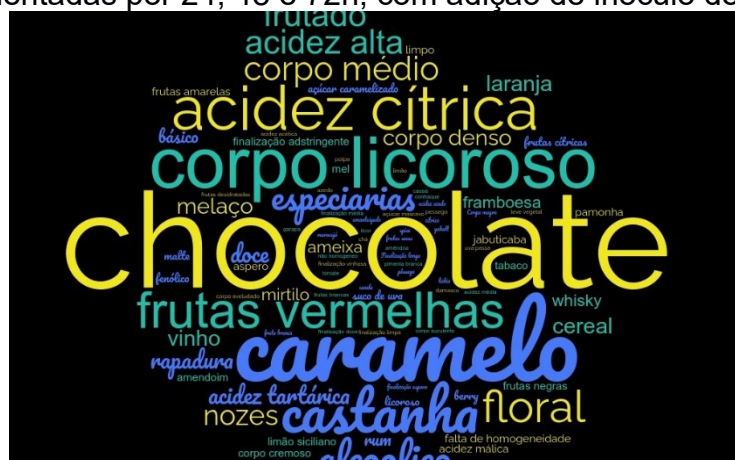
Já a Figura 8, ilustra as percepções sensoriais dos experimentos conduzidos com e sem controle de temperatura ambiente. É possível concluir, a partir desta análise, que o controle de temperatura ambiente foi responsável pela produção de bebidas de café com percepções sensoriais variadas, uma vez que os cafés fermentados em ambiente com controle de temperatura apresentaram notas mais evidentes de frutado e fermentado e os cafés fermentados em ambiente sem controle de temperatura, destacaram-se com notas de frutado, fermentado, noz/cacau e doce.

Figura 8 - *Heatmap* representativo das diferentes percepções sensoriais obtidas por meio da análise sensorial das bebidas de café fermentadas por 24, 48 e 72h, dos experimentos SMF e SSF, com (A) e sem (B) controle de temperatura.



A Figura 9 detalha as diversas percepções sensoriais das bebidas de café fermentados. O café produzido com adição de inóculo de levedura RX60 apresentou maior evidência de notas de chocolate, frutas vermelhas, caramelo, castanha, floral, whisky, rum, alcohólico, vinho, especiarias, laranja, nozes, melação, framboesa, doce, corpo licoroso e acidez cítrica. Enquanto o café testemunha apresentou notas de chocolate, castanhas, rapadura, caramelo, frutas vermelhas e corpo licoroso.

Figura 9 - Percepções sensoriais obtidas por meio análise sensorial das bebidas de café fermentadas por 24, 48 e 72h, com adição de inóculo de RX60.



A literatura traz avante que a fermentação dos grãos de café é responsável por produzir novos e variados atributos sensoriais à bebida. Já foram relatadas nuances doces (creme, mel e caramelo), frutadas (fruta de caroço e seca, ameixa,

pêssego), florais (rosas), achocolatadas, nozes, amêndoas, leite, frutas tropicais, vinho, frutas vermelhas, açúcar caramelizado, chocolate amargo, laranja, amadeirado e cereais. Ainda, vale destacar que essas diferentes nuances dependem de diversas variáveis, como a variedade de café, espécie de inóculo e o modo de fermentação empregado (Braga et al., 2023; Cruz-O'Byrne et al., 2023; Martins et al., 2023; Peñuela-Martínez et al., 2023).

O uso de inóculo de culturas iniciadoras tem se mostrado uma alternativa eficaz para produção de cafés com maiores escores sensoriais e características mais agradáveis e diferenciadas. Cassimiro et al. (2022) induziram fermentação espontânea e fermentação com adição de inóculo. Como resultado, os cafés de fermentação espontânea não foram classificados como especiais (79 pontos) e a fermentação inoculada melhorou a qualidade do café que alcançou uma pontuação acima de 80 pontos, intensificando a doçura, a acidez e o corpo.

Martinez et al. (2021) ao fermentar cafés com adição de inóculos de *Saccharomyces cerevisiae* CCMA 0543 e *Saccharomyces cerevisiae* CCMA 0535, concluíram que a inoculação foi capaz de melhorar mais a qualidade do café do que a fermentação espontânea e as percepções sensoriais indicaram que as leveduras inoculadas modificaram os atributos de sabor, sendo que a CCMA 0535 gerou um perfil de chocolate, caramelo, floral, frutas amarelas, frutado, cítrico, pêssigo e ameixa seca e CCMA 0543 gerou floral, chocolate, caramelo, frutado, cítrico e cereal e o controle apresentou notas de herbal, frutas amarelas, chocolate, caramelo, verde, amadeirado e frutado.

4. CONCLUSÃO

O controle de temperatura ambiente por meio de aquecedores foi eficaz para manter a temperatura de fermentação em torno de 27°C, como o esperado. Os experimentos SMF apresentaram menor conteúdo de cinzas e pH ao final da fermentação, indicando perda de minerais para a água e maior acidificação do meio, respectivamente. Ainda, os experimentos SSF apresentaram maior teor de °Brix e umidade ao final da fermentação, indicando que os experimentos SMF absorveram água durante o processo, aumentando o teor de umidade e diluindo a concentração de sólidos solúveis. Os experimentos SSF apresentaram maior consumo de

sacarose e frutose ao final da fermentação, em comparação aos experimentos SMF. Ainda, foi observada influência do controle de temperatura na produção de etanol e ácido láctico. O ácido láctico também foi associado a um maior consumo de glicose e frutose.

A análise sensorial confirmou a vantagem em controlar a temperatura ambiente durante a fermentação, pois os cafés fermentados em ambiente com controle de temperatura apresentaram maiores variedades de percepções sensoriais em comparação aos cafés fermentados em ambiente sem controle de temperatura. Outro ponto relevante foi a adição de inóculo de levedura RX60, no qual foi possível obter cafés com perfis sensoriais variados e únicos. Dessa forma, conclui-se que a fermentação ao influenciar nas percepções sensoriais e aumentar a qualidade do café mostra-se como uma excelente alternativa para agregar valor ao produto e alavancar o mercado de cafés especiais, sendo extremamente vantajosa ao produtor rural o qual alcançará maiores lucros na safra.

REFERÊNCIAS

- AOAC (2005) Official method of Analysis. 18th Edition, Association of Officiating Analytical Chemists, Washington DC, Method 923.03 and 925.09.
- BATISTA DA MOTA, M. C. et al. Impact of microbial self-induced anaerobiosis fermentation (SIAF) on coffee quality. **Food Bioscience**, v. 47, p. 101640, 1 jun. 2022. <https://doi.org/10.1016/J.FBIO.2022.101640>
- BRAGA, A. V. U. et al. Study on coffee quality improvement by self-induced anaerobic fermentation: Microbial diversity and enzymatic activity. **Food Research International**, v. 165, p. 112528, 1 mar. 2023. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2023.112528>
- BRESSANI, A. P. P. et al. Characteristics of fermented coffee inoculated with yeast starter cultures using different inoculation methods. **Lwt**, v. 92, n. October 2017, p. 212–219, 2018. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2018.02.029>
- BRESSANI, A. P. P. et al. Organic acids produced during fermentation and sensory perception in specialty coffee using yeast starter culture. **Food Research International**, v. 128, p. 108773, 1 fev. 2020. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2019.108773>
- BRESSANI, A. P. P. et al. Influence of yeast inoculation on the quality of fermented coffee (*Coffea arabica* var. Mundo Novo) processed by natural and pulped natural processes. **International Journal of Food Microbiology**, v. 343, n. June 2020, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2021.109107>
- CASSIMIRO, D. M. DE J. et al. Coinoculation of lactic acid bacteria and yeasts increases the quality of wet fermented Arabica coffee. **International Journal of Food Microbiology**, v. 369, n. December 2021, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2022.109627>
- CASSIMIRO, D. M. DE J. et al. Wet fermentation of *Coffea canephora* by lactic acid bacteria and yeasts using the self-induced anaerobic fermentation (SIAF) method enhances the coffee quality. **Food Microbiology**, v. 110, p. 104161, 1 abr. 2023. <https://doi.org/10.1016/J.FM.2022.104161>

- CHIALVA, M. et al. The mycorrhizal root-shoot axis elicits *Coffea arabica* growth under low phosphate conditions. **New Phytologist**, v. 239, n. 1, p. 271–285, 1 jul. 2023. <https://doi.org/10.1111/NPH.18946>
- CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Acompanhamento da safra brasileira – café: terceiro levantamento, setembro 2023 – safra 2022/2023. : Brasília: Companhia Nacional de Abastecimento. 2023. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/cafe>. Acesso em: 10 out. 2023.
- CORREA, E. C. et al. Advanced Characterisation of a Coffee Fermenting Tank by Multi-distributed Wireless Sensors: Spatial Interpolation and Phase Space Graphs. **Food and Bioprocess Technology**, v. 7, n. 11, p. 3166–3174, 5 out. 2014. <https://doi.org/10.1007/S11947-014-1328-4>
- CRUZ-O'BYRNE, R. et al. Genomic sequencing in Colombian coffee fermentation reveals new records of yeast species. **Food Bioscience**, v. 52, p. 102415, 1 abr. 2023. <https://doi.org/10.1016/J.FBIO.2023.102415>
- DA MOTA, M. C. B. et al. Influence of fermentation conditions on the sensorial quality of coffee inoculated with yeast. **Food Research International**, v. 136, n. June, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2020.109482>
- DA SILVA, B. L. et al. Fermentation of *Coffea canephora* inoculated with yeasts: Microbiological, chemical, and sensory characteristics. **Food Microbiology**, v. 98, p. 103786, 1 set. 2021. <https://doi.org/10.1016/J.FM.2021.103786>
- DE BRUYN, F. et al. Exploring the impacts of postharvest processing on the microbiota and metabolite profiles during green coffee bean production. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 83, n. 1, p. 2398–2414, 28 out. 2017. <https://doi.org/10.1128/AEM.02398-16>
- DE CARVALHO NETO, D. P. et al. Yeast Diversity and Physicochemical Characteristics Associated with Coffee Bean Fermentation from the Brazilian Cerrado Mineiro Region. **Fermentation** 2017, Vol. 3, Page 11, v. 3, n. 1, p. 11, 16 mar. 2017. <https://doi.org/10.3390/FERMENTATION3010011>

- ELHALIS, H. et al. The crucial role of yeasts in the wet fermentation of coffee beans and quality. **International Journal of Food Microbiology**, v. 333, p. 108796, 16 nov. 2020. <https://doi.org/10.1016/J.IJFOODMICRO.2020.108796>
- ELHALIS, H. et al. Microbiological and Chemical Characteristics of Wet Coffee Fermentation Inoculated With *Hansinasporea uvarum* and *Pichia kudriavzevii* and Their Impact on Coffee Sensory Quality. **Frontiers in Microbiology**, v. 12, p. 713969, 4 ago. 2021. <https://doi.org/10.3389/FMICB.2021.713969>
- ELHALIS, H.; COX, J.; ZHAO, J. Ecological diversity, evolution and metabolism of microbial communities in the wet fermentation of Australian coffee beans. **International Journal of Food Microbiology**, v. 321, n. January, p. 108544, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2020.108544>
- EVANGELISTA, S. R. et al. Inoculation of starter cultures in a semi-dry coffee (*Coffea arabica*) fermentation process. **Food Microbiology**, v. 44, p. 87–95, 1 dez. 2014. <https://doi.org/10.1016/J.FM.2014.05.013>
- FERREIRA, L. et al. Coffee fermentation process: A review. **Food Research International**, v. 169, p. 112793, 1 jul. 2023. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2023.112793>
- GALARZA, G.; FIGUEROA, J. G. Volatile Compound Characterization of Coffee (*Coffea arabica*) Processed at Different Fermentation Times Using SPME–GC–MS. **Molecules** **2022**, Vol. **27**, Page **2004**, v. 27, n. 6, p. 2004, 21 mar. 2022. <https://doi.org/10.3390/MOLECULES27062004>
- HUCH, M.; FRANZ, C. M. A. P. Coffee: fermentation and microbiota. **Advances in Fermented Foods and Beverages: Improving Quality, Technologies and Health Benefits**, p. 501–513, 1 jan. 2015. <https://doi.org/10.1016/B978-1-78242-015-6.00021-9>
- JEONG, H. et al. Chemical sensory investigation in green and roasted beans *Coffea arabica* L. (cv. Yellow Bourbon) by various brewing methods using electronic sensors. **Journal of Food Science**, v. 88, n. 3, p. 1033–1047, 1 mar. 2023. <https://doi.org/10.1111/1750-3841.16470>

- KUMAR, S. et al. Enzymes. **Postharvest Physiology and Biochemistry of Fruits and Vegetables**, p. 335–358, 1 jan. 2018. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-813278-4.00016-6>
- LACERDA, J. S. et al. Importance of Zinc for Arabica Coffee and Its Effects on the Chemical Composition of Raw Grain and Beverage Quality. **Crop Science**, v. 58, n. 3, p. 1360–1370, 1 maio 2018. <https://doi.org/10.2135/CROPSCI2017.06.0373>
- MAGALHÃES JÚNIOR, A. I. et al. A critical techno-economic analysis of coffee processing utilizing a modern fermentation system: Implications for specialty coffee production. **Food and Bioproducts Processing**, v. 125, p. 14–21, 1 jan. 2021. <https://doi.org/10.1016/J.FBP.2020.10.010>
- MARTINEZ, S. J. et al. Different inoculation methods for semi-dry processed coffee using yeasts as starter cultures. **Food Research International**, v. 102, p. 333–340, 1 dez. 2017. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2017.09.096>
- MARTINEZ, S. J. et al. Effect of Bacterial and Yeast Starters on the Formation of Volatile and Organic Acid Compounds in Coffee Beans and Selection of Flavors Markers Precursors During Wet Fermentation. **Frontiers in Microbiology**, v. 10, n. JUN, p. 1287, 2019. <https://doi.org/10.3389/FMICB.2019.01287>
- MARTINEZ, S. J. et al. Novel stainless steel tanks enhances coffee fermentation quality. **Food Research International**, v. 139, n. April 2020, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2020.109921>
- MARTINS, P. et al. Use of microencapsulated starter cultures by spray drying in coffee under self-induced anaerobiosis fermentation (SIAF). **Food Research International**, v. 172, p. 113189, 1 out. 2023. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2023.113189>
- OSORIO, V. et al. Transformation of organic acids and sugars in the mucilage and coffee beans during prolonged fermentation. **Journal of Food Composition and Analysis**, v. 123, p. 105551, 1 out. 2023. <https://doi.org/10.1016/J.JFCA.2023.105551>
- PEÑUELA-MARTÍNEZ, A. E.; GARCÍA-DUQUE, J. F.; SANZ-URIBE, J. R. Characterization of Fermentations with Controlled Temperature with Three

- Varieties of Coffee (*Coffea arabica* L.). **Fermentation** **2023**, Vol. **9**, Page **976**, v. 9, n. 11, p. 976, 15 nov. 2023. <https://doi.org/10.3390/FERMENTATION9110976>
- PEÑUELA-MARTÍNEZ, A. E.; MORENO-RIASCOS, S.; MEDINA-RIVERA, R. Influence of Temperature-Controlled Fermentation on the Quality of Mild Coffee (*Coffea arabica* L.) Cultivated at Different Elevations. **Agriculture (Switzerland)**, v. 13, n. 6, p. 1132, 1 jun. 2023. <https://doi.org/10.3390/AGRICULTURE13061132>
- PEÑUELA-MARTÍNEZ, A. E.; VELASQUEZ-EMILIANI, A. V.; ANGEL, C. A. Microbial Diversity Using a Metataxonomic Approach, Associated with Coffee Fermentation Processes in the Department of Quindío, Colombia. **Fermentation**, v. 9, n. 4, p. 343, 1 abr. 2023. <https://doi.org/10.3390/FERMENTATION9040343>
- RIBEIRO, L. S. et al. The use of mesophilic and lactic acid bacteria strains as starter cultures for improvement of coffee beans wet fermentation. **World Journal of Microbiology and Biotechnology**, v. 36, n. 12, p. 1–15, 1 dez. 2020. <https://doi.org/10.1007/S11274-020-02963-7>
- ROCHA, H. A. et al. Natural fermentation with delayed inoculation of the yeast *Torulaspora delbrueckii*: Impact on the chemical composition and sensory profile of natural coffee. **Food Research International**, v. 174, p. 113632, 1 dez. 2023. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2023.113632>
- ROCHA, R. A. R. et al. Evaluation of Arabica Coffee Fermentation Using Machine Learning. **Foods** **2024**, Vol. **13**, Page **454**, v. 13, n. 3, p. 454, 1 fev. 2024. <https://doi.org/10.3390/FOODS13030454>
- RUTA, L. L.; FARCASANU, I. C. Coffee and Yeasts: From Flavor to Biotechnology. **Fermentation** **2021**, Vol. **7**, Page **9**, v. 7, n. 1, p. 9, 7 jan. 2021. <https://doi.org/10.3390/FERMENTATION7010009>
- SAGITA, D. et al. Experimental investigation of heating pattern, energy requirement and electrical conductivity in a batch ohmic heating system for coffee fermentation. **Innovative Food Science & Emerging Technologies**, v. 76, p. 102946, 1 mar. 2022. <https://doi.org/10.1016/J.IFSET.2022.102946>

Specialty Coffee Association-SCA. Coffee Standards: Table of Contents. 2018. Available online: <https://sca.coffee/research/coffee-standards> (accessed on 20 May 2023).

Specialty Coffee Association-SCA. Cupping Protocols. 2018. Available online: <https://sca.coffee/research/protocols-best-practices> (accessed on 20 May 2023).

Specialty Coffee Association-SCA. The Coffee Taster's Flavor Wheel. What is the Flavor Wheel? 2016. Available online: <https://sca.coffee/research/coffee-tasters-flavor-wheel> (accessed on 20 May 2023).

SENINDE, D. R.; CHAMBERS, E. Coffee Flavor: A Review. **Beverages** **2020**, Vol. **6**, Page **44**, v. 6, n. 3, p. 44, 8 jul. 2020. <https://doi.org/10.3390/BEVERAGES6030044>

SILVA, C. F. et al. Evaluation of a potential starter culture for enhance quality of coffee fermentation. **World Journal of Microbiology and Biotechnology**, v. 29, n. 2, p. 235–247, 1 fev. 2013. <https://doi.org/10.1007/S11274-012-1175-2>

SILVA, L. C. F.; et al. Enhancing Sensory Quality of Coffee: The Impact of Fermentation Techniques on Coffea arabica cv. Catiguá MG2. **Foods** **2024**, Vol. **13**, Page **653**, v. 13, n. 5, p. 653, 21 fev. 2024. <https://doi.org/10.3390/FOODS13050653>

VANDENBERGHE, L. P. S. et al. Solid-State Fermentation for the Production of Organic Acids. **Current Developments in Biotechnology and Bioengineering**, p. 415–434, 1 jan. 2018. <https://doi.org/10.1016/B978-0-444-63990-5.00018-9>

VAZ, C. J. T. et al. Effect of fermentation on the physicochemical characteristics and sensory quality of Arabica coffee. **3 Biotech**, v. 13, n. 12, p. 1–12, 1 dez. 2023. <https://doi.org/10.1007/S13205-023-03768-9>

WANG, C. et al. Potential of lactic acid bacteria to modulate coffee volatiles and effect of glucose supplementation: fermentation of green coffee beans and impact of coffee roasting. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 99, n. 1, p. 409–420, 15 jan. 2019. <https://doi.org/10.1002/JSFA.9202>

ANEXO 1 – MATERIAL SUPLEMENTAR 1 (CAPÍTULO 1)

MICROBIOTA PRESENT IN SOIL AND FRUITS OF ARABICA COFFEE: A REVIEW

Brazilian Journal of Microbiology

Gisele Xavier Ribeiro Costa

Master's student in Food Engineering at the Federal University of Uberlândia

Federal University of Uberlândia – UFU, Faculty of Chemical Engineering, Patos de Minas - Minas Gerais, Brazil

Lívia Carneiro Fidélis

PhD in Agricultural Microbiology (UFV)

Federal University of Uberlândia – UFU, Institute of Biotechnology, Patos de Minas - Minas Gerais, Brazil

Liliane Maciel de Oliveira

PhD in Chemical Engineering (UFSCAR)

Federal University of São João del-Rei – UFSJ, Department of Food Engineering, Sete Lagoas – Minas Gerais, Brazil

Líbia Diniz Santos

PhD in Chemical Engineering (UFU)

Federal University of Uberlândia – UFU, Faculty of Chemical Engineering, Patos de Minas - Minas Gerais, Brazil

Table 1 - Bacteria isolated from Arabica coffee fruits

Microorganism	Variety	Region	Altitude (m)	Processing			References
				Fruit	Fermentation	Time (h)	
<i>Methylobacterium</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Mangrovibacter</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Azotobacter</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Ochrobactrum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Rosenbergiella</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Yersinia</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Curtobacterium</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Leclercia</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Weissella</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Gluconobacter</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Leuconostoc</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Pluralibacter</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Actinomycetospora</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020
<i>Hymenobacter</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020
<i>Bacillus</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 800 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020
<i>Methylobacterium</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020

<i>Sphingomonas</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020
<i>Beijerinckiaceae</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020
<i>Aureimonas</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020
<i>Pseudomonas</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020
<i>Pantoea</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020
<i>Enterobacter</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020
<i>Acinetobacter pittii</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1000	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Agrobacterium tumefaciens</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1400	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Arthrobacter sulfonivorans</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1200	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Cellulosimicrobium cellulans</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Curtobacterium flaccumfaciens</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800, 1200, 1400	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Enterobacter cloacae</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800, 1000	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Lactococcus lactis</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Lysinimonas soli</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1200, 1400	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Microbacterium foliorum</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800, 1000, 1400	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Microbacterium testaceum</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1200	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Micrococcus luteus</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Moraxella osloensis</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1000	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020

<i>Pantoea agglomerans</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Pseudomonas extramaustralis</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1400	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Pseudomonas oryzihabitans</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1200	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Serratia marcescens</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1400	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Sphingomonas desiccabilis</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1400	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Weissella paramesenteroides</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Xanthomonas oryzae</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1400	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Acinetobacter radioresistens</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Enterobacter aerogenes</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Erwinia persicina</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Gluconobacter cerinus</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Micrococcus lactis</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Moraxella osloensis</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Pantoea agglomerans</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Pseudomonas extramaustralis</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Pseudomonas oryzihabitans</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Serratia marcescens</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020

<i>Sphingomonas desiccabilis</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Tatumella térrea</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Weissella paramesenteroides</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800, 1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Bacillus cereus</i>	-	Monte Carmelo (MG)	963,35	Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Bacillus subtilis</i>	-	Lajinha (MG)	470	Natural/Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Cellulosimicrobium sp</i>	-	Lajinha (MG)	470	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Enterobacter cloacae</i>	-	Três Pontas (MG)	885	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Leuconostoc lactis</i>	-	Carmo de Minas (MG)	1161	Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Acinetobacter johnsonii</i>	-	Três Pontas (MG)	885	Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Acinetobacter oryzae</i>	-	Três Pontas (MG)	885	Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Bacillus sp</i>	-	Três Pontas (MG)	885	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Bacillus sp</i>	-	Lajinha (MG)	470	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Bacillus sp</i>	-	Monte Carmelo (MG)	963,35	Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Lactiplantibacillus plantarum</i>	-	Carmo de Minas (MG)	1161	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Lactiplantibacillus plantarum</i>	-	Monte Carmelo (MG)	963,35	Natural/Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Lactiplantibacillus plantarum</i>	-	Lajinha (MG)	470	Natural/Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Arthrobacter koreensis</i>	-	Lajinha (MG)	470	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Enterobacter hormaechei</i>	-	Lajinha (MG)	470	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022

<i>Levilactobacillus brevis</i>	-	Carmo de Minas (MG)	1161	Natural/Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Levilactobacillus brevis</i>	-	Lajinha (MG)	470	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Levilactobacillus brevis</i>	-	Monte Carmelo (MG)	963,35	Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	-	Três Pontas (MG)	885	Natural/Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	-	Carmo de Minas (MG)	1161	Natural/Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	-	Lajinha (MG)	470	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	-	Monte Carmelo (MG)	963,35	Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	-	Monte Carmelo (MG)	963,35	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	-	Lajinha (MG)	470	Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Staphylococcus warneri</i>	-	Três Pontas (MG)	885	Natural/Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Staphylococcus warneri</i>	-	Carmo de Minas (MG)	1161	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Weissella cibaria</i>	-	Carmo de Minas (MG)	1161	Natural/Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Weissella cibaria</i>	-	Lajinha (MG)	470	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Weissella cibaria</i>	-	Monte Carmelo (MG)	963,35	Natural/Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Weissella cibaria</i>	-	Três Pontas (MG)	885	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Weissella cibaria</i>	-	Lajinha (MG)	470	Natural/Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Weissella cibaria</i>	-	Carmo de Minas (MG)	1161	Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Zymomonas mobilis</i>	-	Carmo de Minas (MG)	1161	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Levilactobacillus brevis</i>	-	Monte Carmelo (MG)	963,35	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022

<i>Levilactobacillus brevis</i>	-	Carmo de Minas (MG)	1161	Natural/Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Levilactobacillus brevis</i>	-	Lajinha (MG)	470	Natural/Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Lactiplantibacillus plantarum</i>	-	Monte Carmelo (MG)	963,35	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Lactiplantibacillus plantarum</i>	-	Três Pontas (MG)	885	Natural/Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	-	Monte Carmelo (MG)	963,35	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	-	Três Pontas (MG)	885	Natural/Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	-	Carmo de Minas (MG)	1161	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	-	Lajinha (MG)	470	Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Pediococcus pentosaceus</i>	-	Lajinha (MG)	470	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Pediococcus pentosaceus</i>	-	Monte Carmelo (MG)	963,35	Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Leuconostoc</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Oenococcus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Gluconobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Acetobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Gluconacetobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Klebsiella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Enterobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Pantoea</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Erwinia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Trabulsiella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Lactococcus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Lactobacillus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Pediococcus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Pseudomonas</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Methylobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Sphingomonas</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021

<i>Novosphingobium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Sphingobium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Dyadobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Spirosoma</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Pedobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Sphingobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Curtobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Cryocola</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Chryseobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Saccharibacillus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Paenibacillus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Acidovorax</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Comamonas</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Hylemonella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Delftia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Limnohabitans</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Stenotrophomonas</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Luteimonas</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Lysobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Agrobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Shinella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Flavobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Wautersiella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Hymenobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Coproccoccus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Bacillus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Janthinobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Enterococcus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Ochrobactrum</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Mycoplana</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Acinetobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Burkholderia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Azospirillum</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Achromobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021

<i>Pigmentiphaga</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Devosia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Cellvibrio</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Rhodobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Clostridium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Cetobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Pseudonocardia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Dickeya</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Bacteroides</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Bdellovibrio</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Methylosinus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Anaerospira</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Mycobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Patulibacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Parabacteroides</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
Enterobacteriaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Erwinia	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Leuconostocaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Lactococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Leuconostoc</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Fructobacillus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Acetobacteraceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Methylobacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Yaniella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Acetobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021

<i>Gluconobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Pediococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Lactobacillaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Lactobacillus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Weissella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Pantoea</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Staphylococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Enterococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Pseudomonas</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Methylocystaceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Ruminococcaceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Beijerinckiaceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Clostridium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Sphingomonadaceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Sphingomonas</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Bacillus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Alloiococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Pseudomonadaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Novosphingobium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021

<i>Gemmata</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Solirubrobacteraceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
Comamonadaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Chryseobacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
Luteibacter	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
Micrococcaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Agrobacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Chitinophagaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Pedobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Actinomycetospora</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Stenotrophomonas</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Paenibacillus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Prevotella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Rikenellaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Microbacteriaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
Aurantimonadaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Sphingobacteriaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Burkholderia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
Xanthomonadaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021

<i>Streptococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Bradyrhizobiaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Ralstonia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Aeromicrobium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Sphingobium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Faecalibacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Bacteroides</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Ellin506	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
[Ruminococcus]	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Clostridiaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Haliangiaceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Bacillaceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Blautia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Hylemonella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Devosia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Oscillospira</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Corynebacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Faecalibacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Ellin506	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021

<i>[Ruminococcus]</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Clostridiaceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Haliangiaceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Bacillaceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Blautia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Hylemonella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Devosia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Oscillospira</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Corynebacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Ruminococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Caulobacteraceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Acinetobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Brachybacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Brevibacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Massilia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Ruminococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Caulobacteraceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Acinetobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Brachybacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021

<i>Sediminibacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Brevibacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Massilia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Armatimonadaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
Rhizobiaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
Phyllobacteriaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
Dorea	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Luteimonas</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Jeotgalicoccus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
[<i>Barnesiellaceae</i>]	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Lentibacillus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Mycoplasma	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
Lachnospiraceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Labrys</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
0319-6A21	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Aerococcaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Peptostreptococcaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Kineosporiaceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Pigmentiphaga</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021

<i>Alcaligenaceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Serratia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Christensenellaceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Larkinella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Enterococcaceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Planococcaceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Rhodobaca</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Veillonellaceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Nocardiopsaceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Succinivibrio</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Frankiaceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Klebsiella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Salinicoccus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Xiphinematobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Nannocystis</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Aeromonadaceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Aneurinibacillus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Aerococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Sporosarcina</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021

<i>Saccharomonospora</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Sporolactobacillaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Acinetobacter lwoffii</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Enterobacter ludwigii</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	0, 24	Elhalis, et al 2020
<i>Citrobacter koseri</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	0	Elhalis, et al 2020
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Erwinia soli</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	0	Elhalis, et al 2020
<i>Serratia marcescens</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Brevibacillus parabrevis</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Anabaena</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Salmonella entérica</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Asaia</i> sp.	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Serratia marcescen</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Brevibacillus parabrevis</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Acetobacter persici</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	0	Elhalis, et al 2020
<i>Gluconobacter cerinus</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Leuconostocaceae</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	24 - 36	Elhalis, et al 2020

<i>Lactococcus lactis</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	24 - 36	Elhalis, et al 2020
<i>Methylobacterium</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	24 - 36	Elhalis, et al 2020
<i>Pediococcus</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Lactobacillaceae</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In boxes/Wet process	0	Elhalis, et al 2020
<i>Pediococcus pentosaceus</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Leuconostoc pseudomesenteroides</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Leuconostoc fallax</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Lactococcus hircilactis</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Lactobacillus vacciostercus</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Lactobacillus plantarum</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Lactobacillus hordei</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Lactobacillus brevis</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Gluconobacter nephelii</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Gluconobacter kondonii</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Gluconobacter japonicus</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Gluconobacter cerevisiae</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Acetobacter thailandicus</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Acetobacter senegalensis</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Acetobacter persici</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Acetobacter orientalis</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Acetobacter okinawensis</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Acetobacter malorum</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Acetobacter lambici</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Acetobacter ghanensis</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Acetobacter fabarum</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Acetobacter cibinogensis</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Acetobacter cerevisiae</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019

<i>Leuconostoc</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Fructobacillus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Oenococcus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	48	Junqueira, et al 2019
<i>Weisella</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Lactococcus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Lactobacillus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Pediococcus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Erwinia</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Klebsiella</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Citrobacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Enterobacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,24,36	Junqueira, et al 2019
<i>Serratia</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Plesiomonas</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,24,36	Junqueira, et al 2019
<i>Trabulsiella</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,24	Junqueira, et al 2019
<i>Acetobacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Gluconacetobacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Roseomonas</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Roseococcus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,12	Junqueira, et al 2019
<i>Gluconobacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019

<i>Methylobacterium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Sphingomonas</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Sphingobium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Novosphingobium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Kaisobacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Sphingopyxis</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	24	Junqueira, et al 2019
<i>Spirosoma</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Dyadobacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Larkinella</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Hymenobacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Rudanella</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12	Junqueira, et al 2019
<i>Emticida</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	6	Junqueira, et al 2019
<i>Leadbetterella</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	48	Junqueira, et al 2019
<i>Acinetobacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Pedobacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Olivibacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0	Junqueira, et al 2019
<i>Flavisolibacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24	Junqueira, et al 2019
<i>Sphingobacterium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Sediminibacterium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0	Junqueira, et al 2019

<i>Niabella</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0	Junqueira, et al 2019
<i>Segetibacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	12	Junqueira, et al 2019
<i>Pseudoclavibacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Rathayibacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Salinibacterium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6	Junqueira, et al 2019
<i>Cryocola</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6	Junqueira, et al 2019
<i>Chryseobacterium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Wautersiella</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	6,12,48	Junqueira, et al 2019
<i>Actinomycetospora</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,48	Junqueira, et al 2019
<i>Pseudonocardia</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,24,48	Junqueira, et al 2019
<i>Saccharibacillus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,36	Junqueira, et al 2019
<i>Paenibacillus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Polaromonas</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Hylemonella</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Comamonas</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Paucibacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	36	Junqueira, et al 2019
<i>Rubrivivax</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,24,36	Junqueira, et al 2019
<i>Mycoplana</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Atrhrospira</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	6	Junqueira, et al 2019

<i>Phenylobacterium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,24	Junqueira, et al 2019
<i>Stenotrophomonas</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Luteimonas</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Luteibacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Rubellimicrobium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Rhodobacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,24,48	Junqueira, et al 2019
<i>Flavisolibacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24,48	Junqueira, et al 2019
<i>Chitinophaga</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,48	Junqueira, et al 2019
<i>Niabella</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0	Junqueira, et al 2019
<i>Sediminibacterium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,36	Junqueira, et al 2019
<i>Segetibacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	12	Junqueira, et al 2019
<i>Rhizobium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Kaistia</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24	Junqueira, et al 2019
<i>Agrobacterium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Rhodococcus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Rhodoplanes</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Salana</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,24	Junqueira, et al 2019
<i>Flavobacterium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Capnocytophaga</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	48	Junqueira, et al 2019

<i>Ruminococcus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Blautia</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	6,12,24,48	Junqueira, et al 2019
<i>Coprococcus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Dorea</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Gemmata</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Brachybacterium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	6,12,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Fimbriimonas</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36	Junqueira, et al 2019
<i>Arthrobacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,36	Junqueira, et al 2019
<i>Kocuria</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6	Junqueira, et al 2019
<i>Micrococcus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	12	Junqueira, et al 2019
<i>Rothia</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0	Junqueira, et al 2019
<i>Kineococcus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Kineosporia</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Brevibacterium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Bdellovibrio</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24	Junqueira, et al 2019
<i>Mycobacterium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24	Junqueira, et al 2019
<i>Aeromicrobium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,24,48	Junqueira, et al 2019
<i>Nocardioides</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,24,36	Junqueira, et al 2019
<i>Janthinobacterium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019

<i>Polynucleobacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	12	Junqueira, et al 2019
<i>Beijerinckia</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,24,36	Junqueira, et al 2019
<i>Actinoplanes</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24,48	Junqueira, et al 2019
<i>Dysgonomonas</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,48	Junqueira, et al 2019
<i>Paludibacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	48	Junqueira, et al 2019
<i>Parabacteroides</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0	Junqueira, et al 2019
<i>Cellulomonas</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24,48	Junqueira, et al 2019
<i>Arseniococcus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	48	Junqueira, et al 2019
<i>Terracoccus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Enterococcus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Methylophilla</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	24,48	Junqueira, et al 2019
<i>Methylosinus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,12,36	Junqueira, et al 2019
<i>Aminobacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Burkholderia</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24,48	Junqueira, et al 2019
<i>Lautropia</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,48	Junqueira, et al 2019
<i>Blattabacterium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,12,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Bacillus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,36	Junqueira, et al 2019
<i>Faecalibacterium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Oscillospira</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019

<i>Ochrobactrum</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Methylopila</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	48	Junqueira, et al 2019
<i>Methylosinus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Azospirillum</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	12	Junqueira, et al 2019
<i>Rhodospirillum</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0	Junqueira, et al 2019
<i>Achronobacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	48	Junqueira, et al 2019
<i>Pigmentiphaga</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,24,36	Junqueira, et al 2019
<i>Candidatus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,12	Junqueira, et al 2019
<i>Chthoniobacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	12	Junqueira, et al 2019
<i>Truepera</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0	Junqueira, et al 2019
<i>Actinomyces</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Clostridium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Gemmatimonas</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,24,48	Junqueira, et al 2019
<i>Cellvibrio</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,24,48	Junqueira, et al 2019
<i>Corynebacterium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Geodermatophilus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Streptomyces</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Williamsia</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	24,48	Junqueira, et al 2019
<i>Bifidobacterium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	12	Junqueira, et al 2019

<i>Patulibacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	12,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Bacteroides</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Prevotella</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Turicibacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	12	Junqueira, et al 2019
<i>Fusobacterium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Nitrospira</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Planctomyces</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	12,24	Junqueira, et al 2019
<i>Bosea</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	12	Junqueira, et al 2019
<i>Labrys</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Wolbachia</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	6,24,36	Junqueira, et al 2019
<i>Eikenella</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	24,36	Junqueira, et al 2019
<i>Neisseria</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	24,48	Junqueira, et al 2019
<i>Nannocystis</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Arcobacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	12	Junqueira, et al 2019
<i>Campylobacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	24,48	Junqueira, et al 2019
<i>Cardiobacterium</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	24,48	Junqueira, et al 2019
<i>Legionella</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	12,24,48	Junqueira, et al 2019
<i>Aggregatibacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Steroidobacter</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	48	Junqueira, et al 2019

<i>Deinococcus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Weissella confusa</i>	-	Pingtung	700-800	Natural	-	-	Leong, et al 2014
<i>Leuconostoc pseudomesenteroides</i>	-	Maioli, Pingtung	700-800	Natural	-	-	Leong, et al 2014
<i>Lactobacillus plantarum</i>	-	Maioli, Pingtung	700-800	Natural	-	-	Leong, et al 2014
<i>Lactococcus lactis</i>	-	Chiayi	1200-1300	Natural	-	-	Leong, et al 2014
<i>Leuconostoc citreum</i>	-	Pingtung	700-800	Natural	-	-	Leong, et al 2014
<i>Weissella thailandensis</i>	-	Pingtung	700-800	Natural	-	-	Leong, et al 2014
<i>Enterococcus</i> sp.	-	Chiayi	1200-1300	Natural	-	-	Leong, et al 2014
<i>Enterococcus faecalis</i>	-	Chiayi	1200-1300	Natural	-	-	Leong, et al 2014
<i>Lactobacillus coryniformis</i>	Catimor	China	1300	Pulped/Demucilated	In tank/Wet process	0	Zhang, et al 2019
<i>Lactobacillus plantarum</i>	Catimor	China	1300	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24,48,72,84	Zhang, et al 2019
<i>Lactococcus hircilactis</i>	Catimor	China	1300	Demucilated	In tank/Wet process	12	Zhang, et al 2019
<i>Lactococcus hircilactis</i>	Catimor	China	1300	Pulped	In tank/Wet process	48	Zhang, et al 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	Catimor	China	1300	Demucilated	In tank/Wet process	12,24,36,48,72	Zhang, et al 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	Catimor	China	1300	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24,36,48,72,84	Zhang, et al 2019
<i>Leuconostoc citreum</i>	Catimor	China	1300	Demucilated	In tank/Wet process	12,24	Zhang, et al 2019
<i>Leuconostoc citreum</i>	Catimor	China	1300	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24,48	Zhang, et al 2019
<i>Leuconostoc holzapfelii</i>	Catimor	China	1300	Demucilated	In tank/Wet process	0,12,48,72	Zhang, et al 2019
<i>Leuconostoc holzapfelii</i>	Catimor	China	1300	Pulped	In tank/Wet process	12,24,36,48,72,84	Zhang, et al 2019
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	Catimor	China	1300	Demucilated	In tank/Wet process	0,12,24,36,48,72	Zhang, et al 2019
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	Catimor	China	1300	Pulped	In tank/Wet process	0,24,36,48,72,84	Zhang, et al 2019
<i>Leuconostoc pseudomesenteroides</i>	Catimor	China	1300	Demucilated	In tank/Wet process	0,12,24,36,48,72	Zhang, et al 2019
<i>Leuconostoc pseudomesenteroides</i>	Catimor	China	1300	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24,36,48,72,84	Zhang, et al 2019
<i>Weissella soli</i>	Catimor	China	1300	Demucilated	In tank/Wet process	24,36	Zhang, et al 2019
<i>Weissella soli</i>	Catimor	China	1300	Pulped	In tank/Wet process	48	Zhang, et al 2019

<i>Acinetobacter spp.</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid-state	144	Vilela, et al 2010
<i>Bacillus sp.</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid-state	0, 24, 48, 120	Vilela, et al 2010
<i>Bacillus cereus</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid-state	48 - 216	Vilela, et al 2010
<i>Bacillus macerans</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid-state	96, 120, 144	Vilela, et al 2010
<i>Bacillus megaterium</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid-state	72, 96, 120	Vilela, et al 2010
<i>Bacillus subtilis</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid-state	0-216	Vilela, et al 2010
<i>Enterobacter agglomerans</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid-state	24-216	Vilela, et al 2010
<i>Erwinia herbicola</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid-state	48 - 144	Vilela, et al 2010
<i>Escherichia coli</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid-state	0 - 192	Vilela, et al 2010
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid-state	0 - 168	Vilela, et al 2010
<i>Lactobacillus brevis</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid-state	48 - 168	Vilela, et al 2010
<i>Lactobacillus plantarum</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid-state	0 - 192	Vilela, et al 2010
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid-state	24 - 144	Vilela, et al 2010
<i>Serratia sp.</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid-state	24	Vilela, et al 2010
<i>Bacillus sp.</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Natural	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Lactococcus lactis</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Natural	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Bacillus subtilis</i>	Catuaí	Cerrado Mineiro	1270	Pulped	In tank/Wet process	0, 24	Melo Pereira, et al 2015
<i>Microbacterium testaceum</i>	Catuaí	Cerrado Mineiro	1270	Pulped	In tank/Wet process	0, 24	Melo Pereira, et al 2015
<i>Microbacterium radiodurans</i>	Catuaí	Cerrado Mineiro	1270	Pulped	In tank/Wet process	0	Melo Pereira, et al 2015
<i>Microbacterium paraoxydans</i>	Catuaí	Cerrado Mineiro	1270	Pulped	In tank/Wet process	24	Melo Pereira, et al 2015

<i>Microbactéria</i> sp.	Catuaí	Cerrado Mineiro	1270	Pulped	In tank/Wet process	0, 24	Melo Pereira, et al 2015
<i>Streptomyces misionensis</i>	Catuaí	Cerrado Mineiro	1270	Pulped	In tank/Wet process	0, 24	Melo Pereira, et al 2015
<i>Streptomyces</i> sp.	Catuaí	Cerrado Mineiro	1270	Pulped	In tank/Wet process	24	Melo Pereira, et al 2015
<i>Nocardia niigatensis</i>	Catuaí	Cerrado Mineiro	1270	Pulped	In tank/Wet process	0	Melo Pereira, et al 2015
<i>Nocardia transvalensis</i>	Catuaí	Cerrado Mineiro	1270	Pulped	In tank/Wet process	0, 24	Melo Pereira, et al 2015
<i>Nocardia</i> sp.	Catuaí	Cerrado Mineiro	1270	Pulped	In tank/Wet process	0, 24	Melo Pereira, et al 2015
<i>Rhodococcus wratislaviensis</i>	Catuaí	Cerrado Mineiro	1270	Pulped	In tank/Wet process	24	Melo Pereira, et al 2015
<i>Arthrobacter scleromae</i>	Catuaí	Cerrado Mineiro	1270	Pulped	In tank/Wet process	0	Melo Pereira, et al 2015
<i>Pseudomonas</i> sp.	Catuaí	Cerrado Mineiro	1270	Pulped	In tank/Wet process	24	Melo Pereira, et al 2015
<i>Cellulosimicrobium</i> sp.	Catuaí	Cerrado Mineiro	1270	Pulped	In tank/Wet process	24	Melo Pereira, et al 2015
<i>Curtobacterium</i> sp.	Catuaí	Cerrado Mineiro	1270	Pulped	In tank/Wet process	0, 24	Melo Pereira, et al 2015
<i>Bacillus cereus</i>	Ouro Amarelo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Bacillus clausii</i>	Ouro Amarelo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Bacillus licheniformis</i>	Ouro Amarelo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Bacillus safensis</i>	Ouro Amarelo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Cellulosimicrobium cellulas</i>	Ouro Amarelo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Enterobacter cloacae</i>	Ouro Amarelo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Rhizobium radiobacter</i>	Ouro Amarelo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	Ouro Amarelo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Enterococcus casseliflavus</i>	Ouro Amarelo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Bacillus cereus</i>	Mundo Novo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Bacillus humi</i>	Mundo Novo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Bacillus pumilus</i>	Mundo Novo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Bacillus simplex</i>	Mundo Novo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018

<i>Bacillus subtilis</i>	Mundo Novo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Cellulosimicrobium cellulans</i>	Mundo Novo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Enterobacter asburiae</i>	Mundo Novo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Enterobacter cloacae</i>	Mundo Novo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Gluconobacter oxydans</i>	Mundo Novo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Pantoea dispersa</i>	Mundo Novo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	Mundo Novo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Enterococcus faecalis</i>	Mundo Novo	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Arthrobacter gandavensis</i>	Catuaí Vermelho	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Arthrobacter koreensis</i>	Catuaí Vermelho	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Bacillus megaterium</i>	Catuaí Vermelho	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Bacillus pumilus</i>	Catuaí Vermelho	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Bacillus subtilis</i>	Catuaí Vermelho	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Cellulosimicrobium cellulans</i>	Catuaí Vermelho	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Enterobacter asburiae</i>	Catuaí Vermelho	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Enterobacter cloacae</i>	Catuaí Vermelho	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Microbacterium paraoxydans</i>	Catuaí Vermelho	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Pantoea bagglomerans</i>	Catuaí Vermelho	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Rhizobium pusense</i>	Catuaí Vermelho	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Rhodococcus pyridinivorans</i>	Catuaí Vermelho	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Rhosococcus rhodochrous</i>	Catuaí Vermelho	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Lactobacillus plantarum</i>	Catuaí Vermelho	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	Catuaí Vermelho	Patrocínio (MG)	970 - 1200	Natural	-	-	Ribeiro, et al 2018

Table 2 – Yeasts isolated from Arabica coffee fruits

Microorganism	Variety	Region	Altitude	Processing			References
				Fruit	Fermentation	Time (h)	
<i>Acremonium fusidioides</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Acrocalymma walkeri</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Alternaria argyroxiphii</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Alternaria novae-guineensis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Antennariella placitae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Apiotrichum domesticum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Articulospora proliferata</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Aspergillus westerdijkiae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Aureobasidium pullulans</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Bannoa ogasawarensis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Barnettozyma californica</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Bipolaris sorokiniana</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Boeremia exigua</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Bulleribasidium foliicola</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Bulleromyces albus</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Candida blattae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022

<i>Candida orthopsilosis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Candida parapsilosis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Candida quercitrusa</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Candida railenensis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Candida solani</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Candida tropicalis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Candida vaughaniae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Capitofimbria compacta</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Catenulostroma hermanusense</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Catenulostroma protearum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Ceriporia alachuana</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Cladosporium aphidis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Cladosporium delicatulum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Cladosporium dominicanum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Cladosporium flabelliforme</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Cladosporium fusiforme</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Cladosporium halotolerans</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Cladosporium sphaerospermum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Clonostachys miodochialis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022

<i>Colletotrichum annellatum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Colletotrichum lupini</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Colletotrichum theobromicola</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Coniothyrium sidae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Corioloopsis gallica</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Cryptococcus dimennae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Cryptococcus uniguttulatus</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Curvibasidium cygneicollum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Curvularia americana</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Curvularia caricae-papayae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Cutaneotrichosporon jirovecii</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Cyberlindnera fabianii</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Cyphellophora europaea</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Cyphellophora vermisporea</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Cystofilobasidium alribaticum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Cystofilobasidium capitatum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Cystofilobasidium ferigula</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Cystofilobasidium infirmominatum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Cystofilobasidium intermedium</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022

<i>Cystofilobasidium macerans</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Debaryomyces hansenii</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Debaryomyces nepalensis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Derxomyces anomalus</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Diaporthe nothofagi</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Didymella calidophila</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Didymella coffeae-arabicae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Didymella nigricans</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Dimennazyma cistialbidi</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Dioszegia var. yunnanensis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Diutina catenulata</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Epicoecum draconis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Epicoecum nigrum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Erythrobasidium hasegawianum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Fellomyces mexicanus</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Fibrodontia alba</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Filobasidium chernovii</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Filobasidium floriforme</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Filobasidium wieringae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022

<i>Fusarium acutatum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Fusarium anguioides</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Fusarium asiaticum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Fusarium delphinoides</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Fusarium penzigii</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Fusarium proliferatum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Fusarium solani</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Fusculina eucalypti</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Genolevuria amylolytica</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Gibberella intricans</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Golovinomyces sonchicola</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Hannaella kunmingensis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Hannaella luteola</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Hannaella oryzae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Hannaella siamensis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Hannaella sinensis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Hannaella zeae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Hanseniaspora uvarum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Hanseniaspora vineae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022

<i>Heterochaete shearii</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Holtermanniella wattica</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Hyphopichia burtonii</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Hypoxylon trugodes</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Irpex hydroides</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Issatchenkia orientalis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Kazachstania exigua</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Kodamaea ohmeri</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Kwoniella dendrophila</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Lachancea lanzarotensis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Lactarius saponaceus</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Lectera colletotrichoides</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Leptoxylum madagascariense</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Loramyces macrosporus</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Meyerozyma caribbica</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Meyerozyma guilliermondii</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Mortierella ambigua</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Mycosphaerella ellipsoidea</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Mycosphaerella pseudocryptica</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022

<i>Myrmecridium schulzeri</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Naganishia albida</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Naganishia diffluens</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Naganishia randhawae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Neoscochyta paspali</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Nigrospora oryzae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Nothophoma arachidis-hypogaeae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Ochroconis cordanae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Papiliotrema flavescens</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Papiliotrema laurentii</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Paraconiothyrium fungicola</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Paramyrothecium foliicola</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Penicillium kongii</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Penicillium solitum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Peniophora albobadia</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Peniophora laxitexta</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Periconia byssoides</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Periconia cookei</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Periconia macrospinoso</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022

<i>Periconia prolifica</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Phaeosphaeria podocarp</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Phanerochaete laevis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Phlebia brevispora</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Phoma multirostrata</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Phoma omnivirens</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Pichia kluyveri</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Pichia myanmarensis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Plectosphaerella cucumerina</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Pleurotus pulmonarius</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Polyporus tricholoma</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Pseudocercospora bixae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Pseudomerulius curtisii</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Pseudophaeomoniella oleae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Pseudoplectania affinis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Pseudorobillarda phragmitis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Pseudoteratosphaeria ohnowa</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Pyrenochaetopsis leptospora</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Rachicladosporium cboliae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022

<i>Rachicladosporium paucitum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Ramularia pratensis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Resinicium saccharicola</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Rhodosporidiobolus fluvialis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Rhodosporidiobolus lusitaniae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Rhodosporidiobolus odoratus</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Rhodosporidiobolus ruineniae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Rhodotorula araucariae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Rhodotorula babjevae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Rhodotorula dairenensis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Rhodotorula diobovata</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Rhodotorula taiwanensis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Rhynchogastrema complexa</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Rhynchogastrema nanyangensis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Rhytidhysterium rufulum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Riopa pudens</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Saitozyma paraflava</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022

<i>Saitozyma podzolica</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Sampaiozyma vanillica</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Schizophyllum commune</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Selenophoma mahoniae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Septoria cretae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Setophoma chromolaenae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Sirobasidium brefeldianum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Sistotremastrum guttuliferum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Sporobolomyces bannaensis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Sporobolomyces johnsonii</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Sporobolomyces koalae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Strelitziana africana</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Strelitziana eucalypti</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Symmetrospora coprosmae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Symmetrospora vermiculata</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Torulaspora delbrueckii</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Toxicocladosporium irritans</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Toxicocladosporium strelitziae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Trichosporon asahii</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022

<i>Trichosporon coremiiforme</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Udeniomyces pyricola</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Vishniacozyma dimennae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Vishniacozyma foliicola</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Vishniacozyma heimaeyensis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Vishniacozyma taibaiensis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Vishniacozyma tephrensensis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Vishniacozyma victoriae</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Wallemia tropicalis</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Wickerhamomyces anomalus</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Wickerhamomyces ciferrii</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Wickerhamomyces lynferdii</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1200, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Wickerhamomyces pijperi</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	800, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Wickerhamomyces sydowiorum</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Wickerhamomyces xylosica</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1000, 1400	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Xeromyces bisporus</i>	Catuaí Vermelho IAC-44	Caparaó (ES)	1200	Pulped	In bioreactor/In solid-state	48	Martinez et al, 2022
<i>Ascochita</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020
<i>Paraconiothyrium</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020
<i>Dothistroma</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020

<i>Setophoma</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020
<i>Phaeosphaeria</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020
<i>Strelitziana</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020
<i>Candida</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020
<i>Fusarium</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020
<i>Cladosporium</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020
<i>Cystofilobasidium</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Natural	-	-	Veloso et al, 2020
<i>Candida saopaulonensis</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1000	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Candida railenensis</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800, 1000	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Cryptococcus flavescens</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1400	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Cystofilobasidium ferigula</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800, 1000, 1200, 1400	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Debaryomyces hansenii</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1000	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Hanseniaspora uvarum</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800, 1000	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Lodderomyces elongisporus</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1000	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Meyerozyma caribbica</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800, 1000, 1200	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Pichia kluyveri</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800, 1200	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	1400	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Wickerhamomyces anomalus</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800, 1000	Natural	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Cryptococcus randhawai</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020

<i>Cystofilobasidium ferigula</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Hanseniaspora uvarum</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Meyerozyma caribbica</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Pichia kluyveri</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	Catuaí Vermelho	Serra do Caparaó (ES)	800	Pulped	In bioreactor/In solid-state	24	Martins et al, 2020
<i>Saccharomyces sp.</i>	-	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	In tank/Wet process	0 e 48	De Carvalho Neto et al, 2017
<i>Torulaspora delbrueckii</i>	-	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	In tank/Wet process	0	De Carvalho Neto et al, 2017
<i>Pichia kluyveri</i>	-	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	In tank/Wet process	0 e 48	De Carvalho Neto et al, 2017
<i>Hanseniaspora uvarum</i>	-	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	In tank/Wet process	0	De Carvalho Neto et al, 2017
<i>Meyerozyma caribbica</i>	-	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	In tank/Wet process	0	De Carvalho Neto et al, 2017
<i>Torulaspora sp.</i>	-	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	In tank/Wet process	0	De Carvalho Neto et al, 2017
<i>Hanseniaspora vineae</i>	-	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	In tank/Wet process	48	De Carvalho Neto et al, 2017
<i>Candida glabrata</i>	-	Três Pontas (MG)	885	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Candida glabrata</i>	-	Carmo de Minas (MG)	1161	Natural/Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Hanseniaspora opuntiae</i>	-	Carmo de Minas (MG)	1161	Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Hanseniaspora uvarum</i>	-	Monte Carmelo (MG)	963,35	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Hanseniaspora uvarum</i>	-	Três Pontas (MG)	885	Natural/Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Hanseniaspora uvarum</i>	-	Carmo de Minas (MG)	1161	Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Hanseniaspora uvarum</i>	-	Lajinha (MG)	470	Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022

<i>Meyerozyma caribbica</i>	-	Carmo de Minas (MG)	1161	Natural/Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Meyerozyma caribbica</i>	-	Lajinha (MG)	470	Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	-	Monte Carmelo (MG)	963,35	Natural/Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	-	Três Pontas (MG)	885	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	-	Carmo de Minas (MG)	1161	Natural/Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Pichia kluyveri</i>	-	Lajinha (MG)	470	Pulped	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Torulaspora delbrueckii</i>	-	Três Pontas (MG)	885	Natural	In bioreactor/In solid-state	-	Pereira et al, 2022
<i>Candida</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Hanseniaspora</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Torulaspora</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Lachancea</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Kazachstania</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Fusarium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Meyerozyma</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Cryptococcus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Cystofilobasidium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Occultifur</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Colletotrichum</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Pseudocercospora</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Cladosporium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Starmerella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Cyberlindnera</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Hannaella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Kockovaella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Didymella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Rhynchogastrema</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Rhodotorula</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Aspergillus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021

<i>Penicillium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Hypomyces</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Lecanicillium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Strelitziana</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Exophiala</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Wickerhamomyces</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Geosmithia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Acrocalymma</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Pseudocatenomyces</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Cyphellophora</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Purpureocillium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Nigrospora</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Pyricularia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Gaeumannomyces</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Ochroconis</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Conocybe</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Saccharomycopsis</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
<i>Biatrispora</i>	Catuaí	Honduras	1250	Pulped	-	-	Vale et al, 2021
Saccharomycetales	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Cladosporium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Fusarium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Wickerhamomyces</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Torulaspora</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Kazachstania</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Tremellales	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Kodamaea</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Saccharomyces</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021

Pleosporales	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pul ped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Candida</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pul ped	-	-	Pregolini et al, 2021
Dothioraceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pul ped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Didymella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pul ped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Issatchenkia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pul ped	-	-	Pregolini et al, 2021
Nectriaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pul ped	-	-	Pregolini et al, 2021
Pleosporaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pul ped	-	-	Pregolini et al, 2021
Mycosphaerellaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pul ped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Colletotrichum</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pul ped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Helicoma</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Xylariales</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Meyerozyma</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pul ped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Hanseniaspora</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Aureobasidium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Strelitziana</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pul ped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Saturnispora</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Hypocreales	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pul ped	-	-	Pregolini et al, 2021
Chaetothyriales	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pul ped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Lachancea</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pul ped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Alternaria</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Mortierella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pul ped	-	-	Pregolini et al, 2021

<i>Aspergillus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Dothiorella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Cyphellophora</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Debaryomyces</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Saccharomycetaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Penicillium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Cystofilobasidium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Naganishia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Capnodiaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Trichosporon</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Clohesyomyces</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Helotiales</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Talaromyces</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Sordariales</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Trichoderma</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Cryptococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Magnaporthaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Pichia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Acarosporina</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
Elsinoaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Exophiala</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Metarhizium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
Pseudeurotiaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Subulicystidium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Eurotiales</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Atractiellales</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Diatrypaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Periconia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Purpureocillium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural/Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021

<i>Ceriporia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Ochroconis</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Cercospora</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Cyberlindnera</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
Microascaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Thermomyces</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pulped	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Preussia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Natural	-	-	Pregolini et al, 2021
<i>Pichia fermentans</i>	Mundo Novo	Lavras (MG)	900	Pulped	In tank/Wet process	0,8,16,24,32,40,48	de Melo Pereira, et al 2014
<i>Pichia kluyveri</i>	Mundo Novo	Lavras (MG)	900	Pulped	In tank/Wet process	8,16,24,32,40,48	de Melo Pereira, et al 2014
<i>Candida glabrata</i>	Mundo Novo	Lavras (MG)	900	Pulped	In tank/Wet process	8,16,24,32,40,48	de Melo Pereira, et al 2014
<i>Candida quercitrusa</i>	Mundo Novo	Lavras (MG)	900	Pulped	In tank/Wet process	0,24,32,40	de Melo Pereira, et al 2014
<i>Saccharomyces</i> sp.	Mundo Novo	Lavras (MG)	900	Pulped	In tank/Wet process	24,32h	de Melo Pereira, et al 2014
<i>Pichia guilliermondii</i>	Mundo Novo	Lavras (MG)	900	Pulped	In tank/Wet process	0,8,24	de Melo Pereira, et al 2014
<i>Pichia caribbica</i>	Mundo Novo	Lavras (MG)	900	Pulped	In tank/Wet process	0,16	de Melo Pereira, et al 2014
<i>Hanseniaspora opuntiae</i>	Mundo Novo	Lavras (MG)	900	Pulped	In tank/Wet process	0,8	de Melo Pereira, et al 2014
<i>Hanseniaspora uvarum</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Pichia kudriavzevii</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Candida xylopyoci</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Candida railenensis</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Pichia fermentans</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Wickerhamomyces anomalus</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Hannaella</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Papiliotrema</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Vishniacozyma</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Cystofilobasidium</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0	Elhalis, et al 2020
<i>Sporobolomyces</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0	Elhalis, et al 2020
<i>Rhodotorula</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0	Elhalis, et al 2020

<i>Sporidiobolus</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Colletotrichum</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Nectriaceae gibberella</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	36	Elhalis, et al 2020
<i>Nectriaceae</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Wickerhamomyces</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0	Elhalis, et al 2020
<i>Debaryomyces</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0	Elhalis, et al 2020
<i>Torulaspora</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Meyerozyma</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Penicillium</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0, 24, 36	Elhalis, et al 2020
<i>Aspergillus</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	24	Elhalis, et al 2020
<i>Neodevriesia</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	0	Elhalis, et al 2020
<i>Cladosporiaceae</i>	Bourbon	Australia	6,6	Pulped	In tank/Wet process	24	Elhalis, et al 2020
<i>Wickerhamomyces anomalus</i>	Coffee Arábica	Chuncheon, Korea	-	Pulped	In tank/Wet process	24, 48, 72, 96	Haile, et al 2019
<i>Saccharomycopsis fibuligera</i>	Coffee Arábica	Chuncheon, Korea	-	Pulped	In tank/Wet process	24, 48, 72, 96	Haile, et al 2019
<i>Papiliotrema flavescens</i>	Coffee Arábica	Chuncheon, Korea	-	Pulped	In tank/Wet process	24, 48, 72, 96	Haile, et al 2019
<i>Pichia kudriavzevii</i>	Coffee Arábica	Chuncheon, Korea	-	Pulped	In tank/Wet process	24, 48, 72, 96	Haile, et al 2019
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	Coffee Arábica	Chuncheon, Korea	-	Pulped	In tank/Wet process	24, 48, 72, 96	Haile, et al 2019
<i>Starmerella bacillaris</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Saccharomycopsis crataegensis</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Pichia kluyveri</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Kazachstania exigua</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Hanseniaspora uvarum</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Candida quercitrusa</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Candida qinlingensis</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Candida orthopsilosis</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Candida humilis</i>	Typica	Ecuador	1329	Pulped	In tank/Wet process	64	Zhang, et al 2019
<i>Pichia nakasei</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019

<i>Candida</i> sp.	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,12,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Candida vanderwaltii</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	48	Junqueira, et al 2019
<i>Dipodascus tetrasporeus</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,24,36,48	Junqueira, et al 2019
Classiculaceae	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,6,24,36,48	Junqueira, et al 2019
<i>Malassezia</i> sp.	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0,48	Junqueira, et al 2019
Saccharoycopsidaceae	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	0	Junqueira, et al 2019
<i>Martiniozyma asiática</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	12,36	Junqueira, et al 2019
<i>Bensingtonia</i>	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	24,36	Junqueira, et al 2019
Tremellaceae	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	24	Junqueira, et al 2019
Lobulomycetales	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	36	Junqueira, et al 2019
Physciceae	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	36	Junqueira, et al 2019
<i>Schwanniomyces</i> sp.	-	Colombia	1959	Pulped	In tank/Wet process	48	Junqueira, et al 2019
<i>Candida humilis</i>	Catimor	China	1300	Demucilate d	In tank/Wet process	12,24,48	Zhang, et al 2019
<i>Candida humilis</i>	Catimor	China	1300	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24,48,72,84	Zhang, et al 2019
<i>Candida quercitrusa</i>	Catimor	China	1300	Demucilate d	In tank/Wet process	24,48	Zhang, et al 2019
<i>Candida quercitrusa</i>	Catimor	China	1300	Pulped	In tank/Wet process	48	Zhang, et al 2019
<i>Candida solani</i>	Catimor	China	1300	Pulped	In tank/Wet process	24,36	Zhang, et al 2019
<i>Cordyceps brongniartii</i>	Catimor	China	1300	Pulped	In tank/Wet process	0	Zhang, et al 2019
<i>Hanseniaspora uvarum</i>	Catimor	China	1300	Demucilate d	In tank/Wet process	12,24,36,48,72	Zhang, et al 2019
<i>Hanseniaspora uvarum</i>	Catimor	China	1300	Pulped	In tank/Wet process	0,24,36,48,72,84	Zhang, et al 2019
<i>Hanseniaspora vineae</i>	Catimor	China	1300	Demucilate d	In tank/Wet process	12,48	Zhang, et al 2019
<i>Lachancea lanzarotensis</i>	Catimor	China	1300	Demucilate d	In tank/Wet process	12	Zhang, et al 2019
<i>Papiliotrema terrestris</i>	Catimor	China	1300	Demucilate d	In tank/Wet process	24	Zhang, et al 2019
<i>Papiliotrema terrestris</i>	Catimor	China	1300	Pulped	In tank/Wet process	24	Zhang, et al 2019
<i>Pichia kluyveri</i>	Catimor	China	1300	Demucilate d	In tank/Wet process	12	Zhang, et al 2019
<i>Pichia kluyveri</i>	Catimor	China	1300	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24,36	Zhang, et al 2019

<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	Catimor	China	1300	Demucilate d	In tank/Wet process	36	Zhang, et al 2019
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	Catimor	China	1300	Pulped	In tank/Wet process	36	Zhang, et al 2019
<i>Starmerella bacillaris</i>	Catimor	China	1300	Pulped	In tank/Wet process	0,12	Zhang, et al 2019
<i>Torulaspora delbrueckii</i>	Catimor	China	1300	Demucilate d	In tank/Wet process	12,24,48,72	Zhang, et al 2019
<i>Torulaspora delbrueckii</i>	Catimor	China	1300	Pulped	In tank/Wet process	0,12,24	Zhang, et al 2019
<i>Wickerhamomyces anomalus</i>	Catimor	China	1300	Pulped	In tank/Wet process	24	Zhang, et al 2019
<i>Arxula sp.</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid- state	72, 144	Vilela, et al 2010
<i>Candida ernobii</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid- state	144, 168, 192	Vilela, et al 2010
<i>Candida fukuyamaensis</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid- state	168 - 216	Vilela, et al 2010
<i>Candida membranifaciens</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid- state	48, 144	Vilela, et al 2010
<i>Candida carpophila</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid- state	96 - 168	Vilela, et al 2010
<i>Hanseniaspora uvarum</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid- state	144 - 216	Vilela, et al 2010
<i>Kloeckera sp.</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid- state	48 - 216	Vilela, et al 2010
<i>Pichia anômala</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid- state	0 - 216	Vilela, et al 2010
<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid- state	24 -2 16	Vilela, et al 2010
<i>Saccharomyces bayanus</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid- state	24 - 144	Vilela, et al 2010
<i>Saccharomyces sp.</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid- state	48 - 120	Vilela, et al 2010
<i>Torulaspora delbrueckii</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	In platform/In solid- state	72 - 216	Vilela, et al 2010
<i>Aspergillus sp.</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Aspergillus niger</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Natural	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Aspergillus tubingensis</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Aspergillus versicolor</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	-	-	Vilela, et al 2010

<i>Cladosporium</i> sp.	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Natural	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Cladosporium cladosporioides</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Cladosporium macrocarpum</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Natural	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Cylindrocarpon</i> sp.	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Natural	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Fusarium</i> sp.	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Natural/Pulped	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Fusarium lateritium</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Natural	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Fusarium sporotrichioides</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Natural	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Penicillium</i> sp.	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Natural	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Penicillium brevicompactum</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Penicillium commune</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Penicillium decumbens</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Penicillium implicatum</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Pulped	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Phoma</i> sp.	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Natural	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Ulocladium</i> sp.	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Natural	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Candida membranifaciens</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Natural	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Candida carpophila</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Natural	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Pichia anômala</i>	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Natural	-	-	Vilela, et al 2010
<i>Saccharomyces</i> sp.	Bourbon	Lavras (MG)	750-800	Natural	-	-	Vilela, et al 2010

Table 3 - Bacteria isolated from Arabica coffee cultivation soils

Microorganism	Variety	Region	Altitude	References
<i>Acidobacteria</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Veloso et al, 2020
<i>Bryobacter</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Veloso et al, 2020
<i>Acidothermus</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Veloso et al, 2020
<i>Nitrospira</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Veloso et al, 2020
<i>Sphingomonas</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Veloso et al, 2020
<i>Steroidobacter</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Veloso et al, 2020
<i>Bradyrhizobium</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Veloso et al, 2020
<i>Leuconostoc</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Gluconobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Acetobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Acidiphilium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Klebsiella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Enterobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Erwinia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Lactococcus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Streptococcus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Lactobacillus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Pediococcus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Sharpea</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Pseudomonas</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Methylobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Balneimonas</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Sphingomonas</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Sphingobium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Kaistobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Dyadobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021

<i>Sporocytophaga</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Adhaeribacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Pedobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Sphingobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Curtobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Agromyces</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Chryseobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Nitrospira</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Afifella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Shimazuella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Turneriella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Solibacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Saccharibacillus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Lysinibacillus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Planococcus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Rummeliibacillus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Paenibacillus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Cohnella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Acidovorax</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Methylibium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Comamonas</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Hylemonella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Delftia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Limnohabitans</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Ramlibacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Arthrospira</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Phenylobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Stenotrophomonas</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Dokdonella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021

<i>Luteimonas</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Lysobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Luteibacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Pseudoxanthomonas</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Streptomyces</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Modestobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Geodermatophilus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Geobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Koribacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Rickettsiella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Aquicella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Pirellula</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>A17</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Niastella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Flaviumibacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Flavisolibacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Chitinophaga</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Sediminibacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Agrobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Rhizobium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Flavobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Wautersiella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Cloacibacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Coprococcus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Blautia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Dorea</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Micrococcus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Renibacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Bacillus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021

<i>Anoxybacillus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Cupriavidus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Janthinobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Cellulomonas</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Enterococcus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Mesorhizobium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Ochrobactrum</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Acinetobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Plesiocystis</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Nannocystis</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Burkholderia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Azospirillum</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Inquilinus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Dysgonomonas</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Achromobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Devosia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Hyphomicrobium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Rhodoplanes</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Pedomicrobium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Cellvibrio</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Rhodobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Paracoccus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Amaricoccus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Clostridium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Cetobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Pseudonocardia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Actinomycetospora</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Faecalibacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Ruminococcus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021

<i>Rhabdochlamydia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Dickeya</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Anaeromyxobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Myxococcus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Edaphobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Bdellovibrio</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Bradyrhizobium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Methylosinus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Pleomorphomonas</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Rhodococcus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Prostheco bacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Corynebacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Prevotella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Catenibacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Turicibacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Planomicrobium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Luteolibacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Bifidobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Collinsella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Desulfovibrio</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Kribbella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Nocardioiides</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Megasphaera</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Veillonella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Dialister</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Gemmata</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Planctomyces</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Fimbriimonas</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Chthoniobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021

<i>heteroC45_4W</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Xiphinematobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>OR-59</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>DA101</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Legionella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Nostocoida</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Alicyclobacillus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Fluviicola</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Labrys</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Opitutus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Cytophaga</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Actinoplanes</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Catellatospora</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Virgisporangium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Dactylosporangium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Pilimelia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Mycobacterium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Nitrosovibrio</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Staphylococcus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Gemmatimonas</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Dechloromonas</i> *	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Steroidobacter</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Erwinia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Lactococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Leuconostoc</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Methylobacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Amycolatopsis</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Pediococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Lactobacillus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021

<i>Pantoea</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Staphylococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Enterococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Pseudomonas</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Kaistobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Sphingomonas</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Bacillus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Alloiococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Novosphingobium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Gemmata</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Chryseobacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Luteibacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Bradyrhizobium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Agrobacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Pedobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Actinomycetospora</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Rhodoplanes</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Phormidium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Stenotrophomonas</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Paenibacillus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Hymenobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
Dolo_23	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Candidatus Nitrososphaera</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Modestobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Geodermatophilus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Pseudonocardia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Nocardioiides</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
DA101	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Bdellovibrio</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021

<i>Burkholderia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Balneimonas</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Streptococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>EB1017</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Segetibacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Coxiellaceae</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Ralstonia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Aeromicrobium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>mb2424</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Rubellimicrobium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Sphingobium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Faecalibacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Ellin5301</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Bacteroides</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Planctomyces</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Ellin506</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>[Ruminococcus]</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Mycobacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>RB40</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Afifella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>C111</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Flavisolibacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Ellin6075</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Phycococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Virgisorangium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Rubrobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>AK1AB1_02E</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Enhydrobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Lysobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021

<i>Fimbriimonas</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Chthonomonas</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Legionella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Blautia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Leptolyngbya</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Pedomicrobium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Hylemonella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Chthoniobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
CM44	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Devosia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Oscillospira</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Corynebacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Faecalibacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
Ellin5301	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Bacteroides</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Planctomyces</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
Ellin506	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
[<i>Ruminococcus</i>]	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Mycobacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
RB40	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Afifella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
C111	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Flavisolibacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
Ellin6075	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Phycococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Virgisporangium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Rubrobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
[<i>Kouleothrixaceae</i>]	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
AK1ABI_02E	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021

<i>Enhydrobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Lysobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Fimbriimonas</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Chthonomonas</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Legionella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Blautia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Leptolyngbya</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Pedomicrobium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Hylemonella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Chthoniobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>CM44</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Devosia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Oscillospira</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Corynebacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>5B-12</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Ellin517</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Microcoleus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Ruminococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Catellatospora</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Acinetobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Adhaeribacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Candidatus Koribacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>FFCH4570</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>OM27</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Spirosoma</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Truepera</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>A17</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Brachybacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Nitrospira</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021

<i>Pseudoxanthomonas</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Sediminibacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Sporichthya</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Terracoccus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Dermacoccus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Brevibacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Salinibacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Arthrobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
FFCH7168	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Hyphomicrobium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Polaromonas</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Massilia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Methylopila</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Mycoplasma</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Rubricoccus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Chloronema</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Phenylobacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Pirellula</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Streptomyces</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
5B-12	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
Ellin517	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Microcoleus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Ruminococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Catellatospora</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Acinetobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Adhaeribacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Candidatus Koribacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
FFCH4570	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
OM27	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021

<i>Spirosoma</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Truepera</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
A17	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Brachybacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Nitrospira</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Pseudoxanthomonas</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Sediminibacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Sporichthya</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Terracoccus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Dermacoccus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Brevibacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Salinibacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Arthrobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
FFCH7168	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Hyphomicrobium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Polaromonas</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Massilia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Methylopila</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Mycoplasma</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Rubricoccus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Chloronema</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Phenylobacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Pirellula</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Streptomyces</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
Thiobacillus	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
Armatimonadaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Leptotrichia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
Moraxellaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021

Rhizobiaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
Phyllobacteriaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
[Chthoniobacteraceae]	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
A4b	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
Xenococcaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
Kocuria	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
oc28	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Saccharopolyspora</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Kineococcus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
PRR-10	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Rhodobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Turicibacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Actinopolymorpha</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
AKIW874	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Butyricimonas</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
Dorea	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Luteimonas</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Streptosporangium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Jeotgalicoccus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Luteolibacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
Ellin515	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Curtobacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Lentibacillus</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
Mycoplana	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Nitrosovibrio</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Steroidobacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Candidatus Solibacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Flavobacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Iamia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021

<i>Labrys</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
0319-6A21	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Janthinobacterium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Ramlibacter</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
cc_115	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Delftia Inquilinus</i> Kineosporiaceae	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
OM60	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Oscillochloris</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Veillonella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
SMB53	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Acidobacteria</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Bacteroidetes</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Verrucomicrobia</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Actinobacteria</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Firmicutes</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Cloroflexi</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Planctomycetes</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Nitrospira</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Gemmatimonadetes</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Deinococcus-Thermus</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Armatinomadetes</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>GP 1</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>GP 2</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>GP 3</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Gp 6</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Gp11a</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Gp 4</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Burkholderia</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018

<i>Gp13</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Terrimonas</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Pseudomonas</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Nitrospira</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Steroidobacter</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Thiobacillus</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Gemmatimonas</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Flavobacterium</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Bradyrhizobium</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Geobacter</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Gp5</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Sphingomonas</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Exiguobacterium</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Rhodococcus</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664	De Sousa et al, 2022
<i>Streptomyces</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664	De Sousa et al, 2022
<i>Mycobacterium</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664	De Sousa et al, 2022
<i>Bradyrhizobium</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664	De Sousa et al, 2022
<i>Mycolicibacterium</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664	De Sousa et al, 2022
<i>Micromonospora</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664	De Sousa et al, 2022
<i>Pseudomonas</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664	De Sousa et al, 2022
<i>Burkholderia</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664	De Sousa et al, 2022
<i>Amycolatopsis</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664	De Sousa et al, 2022
<i>Sphingomonas</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664	De Sousa et al, 2022
<i>Actinoplanes</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664	De Sousa et al, 2022
<i>Microbacterium</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664	De Sousa et al, 2022
Archaea	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Crenarchaeota	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Euryarchaeota	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Parvarchaeota	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015

Bacteria	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Proteobacteria	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Acidobacteria	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Actinobacteria	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Verrucomicrobia	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Bacteroidetes	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Chloroflexi	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Gemmatimonadetes	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Planctomycetes	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Firmicutes	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Nitrospirae	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
WS3	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
AD3	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Elusimicrobia	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Cyanobacteria	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Armatimonadetes	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
TM6	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Chlorobi	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
WPS-2	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
TM7	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Chlamydiae	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
OD1	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
OP3	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
FBP	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Fusobacteria	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
FCPU426	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Fibrobacteres	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Tenericutes	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
Spirochaetes	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015

OP11	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
BRC1	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015
GAL15	Catuai Vermelho, IAC-44	Matas de Minas (MG)	2892	Cadwell et al, 2015

Table 4 - Yeasts and fungi isolated from Arabica coffee cultivation soils

Microorganism	Variety	Region	Altitude	References
<i>Hyaloscyphaceae</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Veloso et al, 2020
<i>Acremonium</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Veloso et al, 2020
<i>Cladophialophora</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Veloso et al, 2020
<i>Aschersonia</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Veloso et al, 2020
<i>Aspergillus</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Veloso et al, 2020
<i>Penicillium sp.</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Veloso et al, 2020
<i>Fusarium sp.</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Veloso et al, 2020
<i>Mortierellales</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Veloso et al, 2020
<i>Moertierellaceae</i>	Catuaí Vermelho 81	Espírito Santo (Brazil)	> 735 - 1078	Veloso et al, 2020
<i>Pichia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Candida</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Hanseniaspora</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Lachancea</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Kazachstania</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Zygosaccharomyces</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Fusarium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Meyerozyma</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Cryptococcus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Cystofilobasidium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Occultifur</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Pseudocercospora</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Cladosporium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Cyberlindnera</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Hannaella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Didymella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Rhodotorula</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021

<i>Aspergillus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Penicillium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Talaromyces</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Sagenomella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Chaetomium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Metarhizium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Acremonium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Hypomyces</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Cordyceps</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Beauveria</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Strelitziana</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Cladophialophora</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Exophiala</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Pestalotiopsis</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Geosmithia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Gliomastix</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Myrothecium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Stachybotrys</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Sporothrix</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Acrocalymma</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Mortierella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Trichosporon</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Xylaria</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Nemania</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Muscodor</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Biscogniauxia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Hypoxylon</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Annulohypoxylon</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Apiotrichum</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021

<i>Cystolepiota</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Leucoagaricus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Lepiota</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Melanophyllum</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Agaricus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Micropsalliota</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Calvatia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Lycoperdon</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Basidioascus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Cyphellophora</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Mucor</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Oidiodendron</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Purpureocillium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Haptocillium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Trechispora</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Bipolaris</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Nigrospora</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Polyporus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Mycoarachis</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Mycena</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Ochroconis</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Conocybe</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Galerella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Bolbitius</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Ganoderma</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Coprinellus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Psathyrella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Coprinopsis</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Parasola</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021

<i>Volutella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Mariannaea</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Nectria</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Thelonectria</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Leohumicola</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Periconia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Myrmecridium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Pleurotheciella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Entoloma</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Clitopilus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Chaetosphaeria</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Geminibasidium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Scytalidium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Cadophora</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Lyophyllum</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Spizellomyces</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Arthrobotrys</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Dactylella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Geastrum</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Cortinarius</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Mingxiaea</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Fellomyces</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Microdochium</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Leptodiscella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Scutellinia</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Psilocybe</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Pholiota</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Gymnopilus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Umbelopsis</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021

<i>Crepidotus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Simocybe</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Pluteus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Phellinus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Claroideoglossus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Clavaria</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Scleroderma</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Tomentella</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Heterochaete</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Biatrispora</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Bannoa</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Ramicandelaber</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Gymnopus</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
<i>Stephanospora</i>	Catuaí	Honduras	1250	Vale et al, 2021
Saccharomycetales	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Cladosporium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Fusarium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Wickerhamomyces</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Torulaspora</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Kazachstania</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
Tremellales	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
Pleosporales	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Candida</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Didymella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Colletotrichum</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Strelitziana</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
Hypocreales	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
Chaetothyriales	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
Capnodiales	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021

<i>Alternaria</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Mortierella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Debaryomyces</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Beauveria</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Penicillium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Nigrospora</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Trichosporon</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Chaetomium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Bipolaris</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Clohesyomyces</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Helotiales</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Talaromyces</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Sordariales</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Trichoderma</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Curvularia</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Microdochium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Gongronella</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Rhizophlyctis</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Purpureocillium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Diversispora</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Pestalotiopsis</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Verticillium</i>	Catuaí Amarelo	Patrocínio (MG)	1250	Pregolini et al, 2021
<i>Hypocrea</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Fusarium</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Cryptococcus</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Haematonectria</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Xylogone</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Trichosporon</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Zopfiella</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018

<i>Phaeosphaeria</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Coniochaeta</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Thermomyces</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Trichoderma</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Staphylotrichum</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Chaetomium</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Pyrenochaetopsis</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Conlarium</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Aureobasidium</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Chloridium</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Phialemonium</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Dactylella</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Gibberella</i>	-	China	-	Zhao et al, 2018
<i>Trichoderma</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664m	De Sousa et al, 2022
<i>Purpureocillium</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664m	De Sousa et al, 2022
<i>Glomus</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664m	De Sousa et al, 2022
<i>Rhizophagus</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664m	De Sousa et al, 2022
<i>Fusarium</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664m	De Sousa et al, 2022
<i>Periconia</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664m	De Sousa et al, 2022
<i>Penicillium</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664m	De Sousa et al, 2022
<i>Pseudogymnoascus</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664m	De Sousa et al, 2022
<i>Chaetomium</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664m	De Sousa et al, 2022
<i>Colletotrichum</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664m	De Sousa et al, 2022
<i>Metarhizium</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664m	De Sousa et al, 2022
<i>Pochonia</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664m	De Sousa et al, 2022
<i>Saitozyma</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664m	De Sousa et al, 2022
<i>Gigaspora</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664m	De Sousa et al, 2022
<i>Aspergillus</i>	Bourbon Vermelho	Campinas (SP)	664m	De Sousa et al, 2022
<i>Acaulospora alpina</i>	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016

<i>Acaulospora capsicula</i>	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016
<i>Acaulospora cavernata</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Acaulospora denticulata</i>	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016
<i>Acaulospora elegans</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Acaulospora foveata</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Acaulospora laevis</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Acaulospora longula</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Acaulospora mellea</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Acaulospora morrowiae</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Acaulospora paulinae</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Acaulospora rehmi</i>	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016
<i>Acaulospora scrobiculata</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Acaulospora</i> sp1	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Acaulospora</i> sp2	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016
<i>Acaulospora</i> sp3	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Acaulospora</i> sp4	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Acaulospora spinosa</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Acaulospora maximuma</i>	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016
<i>Albahypha walkeri</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Acaulospora spinosa</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Ambispora fennica</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Amisporo leptótico</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Ambispora</i> sp1	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Ambispora</i> sp2	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Ambispora</i> sp3	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Ambispora</i> sp4	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016
<i>Ambispora</i> sp5	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Cetraspora armeniaca</i>	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016
<i>Archaeospora trappei</i>	-	Mexico	1200m	Posada et al, 2016

<i>Cetraspora gilmorei</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Cetraspora nodosa</i>	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016
<i>Claroideoglossus claroideum</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Claroideoglossus etunicatum</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Dentiscutata cerradensis</i>	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016
<i>Diversispora aurantium</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Diversispora trimurales</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Dominikia aurea</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Infrequência de Entrophospora</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Funneliformis coronatum</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Funneliformis mosseae</i>	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016
<i>Fuscutata savannicola</i>	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016
<i>Gigaspora margarita</i>	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016
<i>Gigaspora</i> sp	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016
<i>Glomus ambisporum</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Glomus brohultii</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Glomus flavisporum</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Glomus macrocarpum</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Glomus microcarpum</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Glomus pallidum</i>	-	Mexico	1200m	Posada et al, 2016
<i>Glomus spinuliferum</i>	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016
<i>Glomus</i> sp1	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Glomus</i> sp2	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Glomus</i> sp3	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Glomus</i> sp4	-	Mexico	1200m	Posada et al, 2016
<i>Glomus</i> sp6	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016

<i>Glomus</i> sp7	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Glomus</i> sp8	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Funneliformis vesiculiferum</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Intraspora schenckii</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Cuclospora columbiana</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Cuclospora kentinensis</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Kuklospora</i> sp	-	Mexico	1200m	Posada et al, 2016
<i>Orbispora projecturata</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Paraglomus Brazilianum</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Paraglomus laccatum</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Paraglomus occultum</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Quatunica erythropus</i>	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016
<i>Racocetra alborosea</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Rhizoglomus aggregatum</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Rhizoglomus clarum</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Rhizoglomus fasciculatum</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Rhizoglomus intraradices</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Rhizoglomus proliferum</i>	-	Mexico	1200m	Posada et al, 2016
<i>Sclerocystis liquidambaris</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Sclerocystis pachycaulis</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Sclerocystis rubiformis</i>	-	Colombia/Mexico	1600m/1200m	Posada et al, 2016
<i>Sclerocystis taiwanensis</i>	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016
<i>Scutellospora arenicola</i>	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016
<i>Scutellospora calospora</i>	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016
<i>Septoglomus deserticola</i>	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016
<i>Septoglomus xanthium</i>	-	Colombia	1600m	Posada et al, 2016

ANEXO 2 – MATERIAL SUPLEMENTAR 1 (CAPÍTULO 2)

Tabela 1 - Concentrações de açúcares e álcoois durante o processo fermentativo do café Paraíso.

	Sacarose	Glicose	Frutose	Glicerol	Etanol
SSF VT					
0h	40,244 ^{Aa} ± 1,776	32,258 ^{Ab} ± 1,225	58,163 ^{Ab} ± 2,184	0,011 ^{Ab} ± 0,001	0,000 ^{Ab} ± 0,000
24h	26,331 ^{Ab} ± 1,234	45,646 ^{Aa} ± 2,076	76,326 ^{Aa} ± 2,644	0,056 ^{Ab} ± 0,026	1,251 ^{Ab} ± 0,038
48h	6,934 ^{Cc} ± 0,944	48,576 ^{Aa} ± 3,145	75,367 ^{Aa} ± 3,158	0,198 ^{Bab} ± 0,078	6,036 ^{Aab} ± 0,488
72h	0,970 ^{Cd} ± 0,599	20,484 ^{Cc} ± 2,067	39,682 ^{Cc} ± 3,061	0,475 ^{Aa} ± 0,223	10,796 ^{Aa} ± 0,351
SSF CT					
0h	40,244 ^{Aa} ± 1,776	32,258 ^{Ab} ± 1,225	58,163 ^{Ab} ± 2,184	0,011 ^{Ab} ± 0,001	0,000 ^{Ab} ± 0,000
24h	21,413 ^{Bb} ± 0,678	33,540 ^{Bb} ± 4,428	53,527 ^{Bbc} ± 2,667	0,050 ^{Ab} ± 0,031	0,975 ^{Bb} ± 0,122
48h	4,972 ^{Cc} ± 1,117	48,407 ^{Aa} ± 4,232	76,094 ^{Aa} ± 1,113	0,426 ^{Aa} ± 0,021	6,244 ^{Aa} ± 0,046
72h	0,406 ^{Cd} ± 0,061	26,631 ^{Bb} ± 2,564	49,848 ^{Bc} ± 4,451	0,567 ^{Aa} ± 0,115	12,215 ^{Aa} ± 0,904
SMF VT					
0h	40,244 ^{Aa} ± 1,776	32,258 ^{Ab} ± 1,225	58,163 ^{Ab} ± 2,184	0,011 ^{Ab} ± 0,001	0,000 ^{Ac} ± 0,000
24h	19,220 ^{Bb} ± 2,647	47,648 ^{Aa} ± 2,059	76,002 ^{Aa} ± 2,475	0,014 ^{Ab} ± 0,003	0,567 ^{Cbc} ± 0,082
48h	15,167 ^{Ab} ± 0,096	40,904 ^{Aab} ± 9,134	73,632 ^{Aa} ± 3,765	0,015 ^{Cb} ± 0,001	1,951 ^{Bb} ± 0,022
72h	6,112 ^{Ac} ± 0,059	32,767 ^{Ab} ± 0,068	60,214 ^{Ab} ± 0,612	0,054 ^{Ba} ± 0,008	3,739 ^{Ba} ± 1,294
SMF CT					
0h	40,244 ^{Aa} ± 1,776	32,258 ^{Ab} ± 1,225	58,163 ^{Ab} ± 2,184	0,011 ^{Aa} ± 0,001	0,000 ^{Ac} ± 0,000
24h	13,379 ^{Bb} ± 1,579	27,040 ^{Bb} ± 3,646	49,646 ^{Bbc} ± 2,372	0,024 ^{Aa} ± 0,008	0,639 ^{Cbc} ± 0,123
48h	10,520 ^{Bb} ± 0,487	44,989 ^{Aa} ± 6,763	82,471 ^{Aa} ± 5,643	0,014 ^{Ca} ± 0,001	1,862 ^{Bb} ± 0,162
72h	3,566 ^{Bc} ± 1,690	26,367 ^{Bb} ± 0,958	46,840 ^{BCc} ± 4,061	0,034 ^{Ba} ± 0,018	4,692 ^{Ba} ± 1,181

Letras maiúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os experimentos para um mesmo tempo de fermentação e letras minúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os tempos de fermentação em um mesmo experimento. Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SFF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

Tabela 2 - Concentrações de açúcares e álcoois durante o processo fermentativo do café Arara.

	Sacarose	Glicose	Frutose	Glicerol	Etanol
SSF VT					
0h	31,415 ^{Aa} ± 8,233	33,986 ^{Aa} ± 7,352	52,801 ^{Aab} ± 11,350	0,443 ^{Ac} ± 0,056	0,071 ^{Ac} ± 0,061
12h	11,192 ^{Bb} ± 1,507	27,034 ^{Ba} ± 1,710	37,634 ^{Ab} ± 8,252	1,172 ^{Ab} ± 0,239	1,345 ^{Bc} ± 0,010
24h	0,202 ^{Cc} ± 0,051	38,372 ^{ABa} ± 2,337	63,644 ^{ABa} ± 3,205	0,517 ^{Bc} ± 0,065	10,988 ^{Bb} ± 0,252
48h	0,125 ^{Cc} ± 0,048	34,354 ^{Aa} ± 11,663	60,265 ^{Aab} ± 13,027	0,668 ^{ABc} ± 0,082	15,013 ^{Cb} ± 2,441
72h	0,016 ^{Bc} ± 0,003	23,081 ^{Aa} ± 5,362	49,340 ^{Aab} ± 0,754	1,643 ^{Aa} ± 0,246	39,776 ^{Aa} ± 7,440
SSF CT					
0h	31,415 ^{Aa} ± 8,233	33,986 ^{Aab} ± 7,352	52,801 ^{Aab} ± 11,350	0,443 ^{Ab} ± 0,056	0,071 ^{Ac} ± 0,061
12h	15,311 ^{Ab} ± 1,900	32,081 ^{ABb} ± 5,362	53,670 ^{Aab} ± 12,751	0,108 ^{Cb} ± 0,042	2,536 ^{Ac} ± 0,367
24h	0,035 ^{Cc} ± 0,004	43,443 ^{Aa} ± 1,011	74,749 ^{Aa} ± 3,328	1,038 ^{Aa} ± 0,302	20,379 ^{Ab} ± 0,881
48h	0,086 ^{Cc} ± 0,008	31,424 ^{ABb} ± 2,333	58,351 ^{Aab} ± 8,563	1,024 ^{Aa} ± 0,299	31,340 ^{Aa} ± 2,318
72h	0,003 ^{Bc} ± 0,002	15,489 ^{Bc} ± 0,319	35,745 ^{Bb} ± 8,833	1,078 ^{Ba} ± 0,175	32,527 ^{ABa} ± 1,994
SMF VT					
0h	31,415 ^{Aa} ± 8,233	33,986 ^{Aa} ± 7,352	52,801 ^{Aa} ± 11,350	0,443 ^{Ab} ± 0,056	0,071 ^{Ad} ± 0,061
12h	14,812 ^{ABb} ± 0,256	38,236 ^{ABa} ± 7,809	57,040 ^{Aa} ± 8,351	0,637 ^{Ba} ± 0,027	0,897 ^{Bcd} ± 0,085
24h	1,122 ^{Ac} ± 0,101	32,479 ^{Ba} ± 6,917	50,237 ^{BCa} ± 8,677	0,052 ^{Cc} ± 0,036	3,414 ^{Dc} ± 0,441
48h	1,992 ^{Ac} ± 0,599	26,229 ^{ABab} ± 2,92	47,647 ^{Aa} ± 1,446	0,126 ^{Cc} ± 0,014	8,284 ^{Db} ± 0,544
72h	2,258 ^{Ac} ± 0,157	10,330 ^{Bb} ± 3,908	37,786 ^{ABa} ± 4,591	0,551 ^{Ca} ± 0,016	25,211 ^{Ba} ± 2,394
SMF CT					
0h	31,415 ^{Aa} ± 8,233	33,986 ^{Aa} ± 7,352	52,801 ^{Aa} ± 11,350	0,443 ^{Ab} ± 0,056	0,071 ^{Ad} ± 0,061
12h	14,966 ^{ABb} ± 1,705	41,352 ^{Aa} ± 4,035	58,662 ^{Aa} ± 4,731	0,059 ^{Cc} ± 0,044	1,278 ^{Bd} ± 0,124
24h	0,639 ^{Bc} ± 0,126	20,853 ^{Cb} ± 1,710	41,357 ^{Ca} ± 3,402	0,378 ^{BCb} ± 0,018	8,192 ^{Cc} ± 0,721
48h	1,066 ^{Bc} ± 0,129	16,806 ^{Bb} ± 1,753	43,845 ^{Aa} ± 6,646	0,444 ^{BCab} ± 0,215	23,769 ^{Bb} ± 1,598
72h	1,808 ^{Ac} ± 0,449	1,883 ^{Cc} ± 0,100	20,504 ^{Cb} ± 1,511	0,680 ^{BCa} ± 0,093	29,418 ^{ABa} ± 2,667

Letras maiúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os experimentos para um mesmo tempo de fermentação e letras minúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os tempos de fermentação em um mesmo experimento. Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SFF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

Tabela 3 – Concentrações de ácidos durante o processo fermentativo do café Paraíso.

	Cítrico	Málico	Succínico	Lático	Acético
SSF VT					
0h	1,153 ^{Aa} ± 0,068	8,806 ^{Aa} ± 0,728	1,031 ^{Aa} ± 0,097	0,498 ^{Ac} ± 0,193	2,493 ^{Abc} ± 0,551
24h	0,762 ^{Ab} ± 0,134	8,395 ^{Aa} ± 0,251	0,511 ^{Ab} ± 0,050	7,698 ^{Ab} ± 0,826	1,858 ^{Ac} ± 0,190
48h	0,557 ^{Ab} ± 0,054	6,203 ^{ABb} ± 0,274	0,172 ^{Bc} ± 0,028	30,108 ^{Aa} ± 1,627	4,641 ^{Aa} ± 0,512
72h	0,291 ^{Ac} ± 0,021	2,851 ^{Bc} ± 0,219	0,167 ^{Ac} ± 0,031	30,952 ^{Aa} ± 0,523	3,132 ^{Bb} ± 0,364
SSF CT					
0h	1,153 ^{Aa} ± 0,068	8,806 ^{Aa} ± 0,728	1,031 ^{Aa} ± 0,097	0,498 ^{Ad} ± 0,193	2,493 ^{Ab} ± 0,551
24h	0,685 ^{Ab} ± 0,158	7,515 ^{ABa} ± 0,419	0,371 ^{Ab} ± 0,034	6,074 ^{Ac} ± 1,597	1,694 ^{Ab} ± 0,081
48h	0,593 ^{Ab} ± 0,079	7,448 ^{Aa} ± 0,441	0,276 ^{Abc} ± 0,032	17,924 ^{Bb} ± 0,852	3,798 ^{ABa} ± 0,490
72h	0,380 ^{Ac} ± 0,014	3,555 ^{Bb} ± 0,564	0,179 ^{Ac} ± 0,002	30,990 ^{Aa} ± 0,761	4,828 ^{Aa} ± 0,362
SMF VT					
0h	1,153 ^{Aa} ± 0,068	8,806 ^{Aa} ± 0,728	1,031 ^{Aa} ± 0,097	0,498 ^{Ad} ± 0,193	2,493 ^{Aa} ± 0,551
24h	0,739 ^{Ab} ± 0,101	7,633 ^{ABab} ± 1,533	0,496 ^{Ab} ± 0,181	7,315 ^{Ac} ± 1,498	1,499 ^{Aa} ± 0,326
48h	0,566 ^{Ab} ± 0,121	6,165 ^{ABab} ± 1,515	0,286 ^{Abc} ± 0,021	17,409 ^{Bb} ± 2,370	2,852 ^{Ba} ± 0,218
72h	0,552 ^{Ab} ± 0,130	5,369 ^{Ab} ± 0,041	0,188 ^{Ac} ± 0,086	29,570 ^{Aa} ± 1,799	3,248 ^{Ba} ± 0,013
SMF CT					
0h	1,153 ^{Aa} ± 0,068	8,806 ^{Aa} ± 0,728	1,031 ^{Aa} ± 0,097	0,498 ^{Ac} ± 0,193	2,493 ^{Aa} ± 0,551
24h	0,643 ^{Ab} ± 0,080	5,703 ^{Bb} ± 0,136	0,268 ^{Ab} ± 0,086	7,383 ^{Ab} ± 1,345	1,598 ^{Ab} ± 0,343
48h	0,658 ^{Ab} ± 0,080	5,246 ^{Bb} ± 0,135	0,201 ^{Bb} ± 0,015	28,078 ^{Aa} ± 1,509	3,641 ^{ABa} ± 0,432
72h	0,415 ^{Ab} ± 0,156	4,199 ^{ABb} ± 1,226	0,218 ^{Ab} ± 0,024	32,408 ^{Aa} ± 3,887	3,698 ^{ABa} ± 1,017

Letras maiúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os experimentos para um mesmo tempo de fermentação e letras minúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os tempos de fermentação em um mesmo experimento. Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SFF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

Tabela 4 - Concentrações de ácidos durante o processo fermentativo do café Arara.

	Cítrico	Málico	Succínico	Lático	Acético
SSF VT					
0h	0,539 ^{Aa} ± 0,149	9,514 ^{Aa} ± 1,093	1,679 ^{Aa} ± 0,209	0,261 ^{Ac} ± 0,310	0,882 ^{Abc} ± 0,059
12h	0,354 ^{Cbc} ± 0,082	4,838 ^{Bbc} ± 0,901	0,527 ^{Bb} ± 0,160	2,824 ^{Bc} ± 0,225	0,668 ^{Ac} ± 0,078
24h	0,590 ^{Aa} ± 0,047	6,309 ^{Ab} ± 0,512	0,524 ^{Ab} ± 0,051	15,438 ^{Cbc} ± 1,428	1,208 ^{Bbc} ± 0,390
48h	0,487 ^{Aab} ± 0,081	3,974 ^{Acd} ± 1,418	0,336 ^{Bb} ± 0,070	28,234 ^{Ab} ± 3,210	1,839 ^{Bb} ± 0,456
72h	0,271 ^{ABc} ± 0,009	2,603 ^{Ad} ± 0,246	1,379 ^{Aa} ± 0,100	55,523 ^{Ba} ± 12,677	5,114 ^{Aa} ± 0,637
SSF CT					
0h	0,539 ^{Aa} ± 0,149	9,514 ^{Aa} ± 1,093	1,679 ^{Aa} ± 0,209	0,261 ^{Ac} ± 0,310	0,882 ^{Ac} ± 0,059
12h	0,384 ^{Cb} ± 0,039	6,921 ^{ABb} ± 1,434	0,556 ^{Bb} ± 0,203	6,068 ^{Ac} ± 0,880	0,638 ^{Ac} ± 0,184
24h	0,438 ^{ABab} ± 0,031	5,739 ^{Ab} ± 0,162	0,227 ^{Bb} ± 0,047	29,171 ^{Ab} ± 5,943	2,481 ^{Ab} ± 0,341
48h	0,403 ^{Aab} ± 0,085	3,576 ^{Ac} ± 0,122	0,922 ^{Aab} ± 0,374	46,085 ^{Aa} ± 5,428	3,684 ^{Aa} ± 0,136
72h	0,147 ^{Bc} ± 0,044	1,355 ^{Bd} ± 0,183	1,727 ^{Aa} ± 0,674	47,882 ^{Ba} ± 4,212	4,444 ^{Aa} ± 0,626
SMF VT					
0h	0,539 ^{Aa} ± 0,149	9,514 ^{Aa} ± 1,093	1,679 ^{Aa} ± 0,209	0,261 ^{Ad} ± 0,310	0,882 ^{Ac} ± 0,059
12h	0,629 ^{Ba} ± 0,122	7,500 ^{ABb} ± 1,337	1,216 ^{Ab} ± 0,244	2,775 ^{Bd} ± 0,832	0,412 ^{Ac} ± 0,179
24h	0,458 ^{ABab} ± 0,143	4,420 ^{Bc} ± 0,692	1,147 ^{Bc} ± 0,083	20,527 ^{BCc} ± 2,255	0,747 ^{Bc} ± 0,365
48h	0,233 ^{Bc} ± 0,020	3,204 ^{Acd} ± 0,379	0,341 ^{Bc} ± 0,157	48,795 ^{Ab} ± 10,991	1,957 ^{Bb} ± 0,382
72h	0,310 ^{Abc} ± 0,103	1,653 ^{Bd} ± 0,341	0,900 ^{ABb} ± 0,092	64,191 ^{ABa} ± 0,141	4,548 ^{Aa} ± 0,445
SMF CT					
0h	0,539 ^{Ab} ± 0,149	9,514 ^{Aa} ± 1,093	1,679 ^{Aa} ± 0,209	0,261 ^{Ad} ± 0,310	0,882 ^{Ac} ± 0,059
12h	0,851 ^{Aa} ± 0,064	7,790 ^{Ab} ± 0,280	0,755 ^{ABb} ± 0,124	5,730 ^{Ad} ± 0,569	0,302 ^{Ac} ± 0,141
24h	0,299 ^{Bc} ± 0,032	2,541 ^{Cc} ± 0,389	0,139 ^{Bd} ± 0,046	25,924 ^{ABc} ± 0,805	0,854 ^{Bc} ± 0,189
48h	0,171 ^{Bc} ± 0,051	2,255 ^{Ac} ± 0,025	0,497 ^{ABbc} ± 0,148	49,122 ^{Ab} ± 15,591	3,134 ^{Ab} ± 0,427
72h	0,178 ^{ABc} ± 0,046	0,478 ^{Cd} ± 0,044	0,368 ^{Bcd} ± 0,055	78,201 ^{Aa} ± 2,114	5,127 ^{Aa} ± 0,385

Letras maiúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os experimentos para um mesmo tempo de fermentação e letras minúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os tempos de fermentação em um mesmo experimento. Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SSF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura

ANEXO 3 – MATERIAL SUPLEMENTAR 1 (CAPÍTULO 3)

Tabela 1 - Concentrações de açúcares e álcoois durante o processo fermentativo do café Arara.

	Sacarose	Glicose	Frutose	Glicerol	Etanol
SSF VT					
0h	31,415 ^{Aa} ± 8,233	33,986 ^{Aab} ± 7,352	52,801 ^{Aab} ± 11,35	0,443 ^{Ac} ± 0,056	0,071 ^{Ad} ± 0,061
12h	7,900 ^{Bb} ± 0,560	25,735 ^{Aab} ± 8,057	37,209 ^{Bb} ± 9,189	0,048 ^{BCd} ± 0,021	1,325 ^{ABd} ± 0,276
24h	0,764 ^{Ab} ± 0,240	37,718 ^{Aa} ± 11,999	68,014 ^{Aa} ± 7,654	0,358 ^{Cc} ± 0,026	9,320 ^{Bc} ± 2,916
48h	0,000 ^{Bb} ± 0,000	31,778 ^{Aab} ± 1,766	58,121 ^{Aab} ± 4,491	0,831 ^{Bb} ± 0,141	21,625 ^{Bb} ± 3,158
72h	0,000 ^{Bb} ± 0,000	17,495 ^{Ab} ± 1,722	44,332 ^{Ab} ± 4,136	1,465 ^{ABa} ± 0,020	33,458 ^{Aa} ± 0,920
SSF CT					
0h	31,415 ^{Aa} ± 8,233	33,986 ^{Aa} ± 7,352	52,801 ^{Ab} ± 11,350	0,443 ^{Ab} ± 0,056	0,071 ^{Ac} ± 0,061
12h	23,150 ^{Aa} ± 5,592	39,474 ^{Aa} ± 0,909	56,472 ^{Aab} ± 0,822	0,117 ^{ABc} ± 0,043	2,397 ^{Ac} ± 0,724
24h	0,000 ^{Bb} ± 0,000	39,994 ^{Aa} ± 5,680	70,781 ^{Aa} ± 7,591	0,720 ^{Bb} ± 0,066	18,319 ^{Ab} ± 2,993
48h	0,000 ^{Bb} ± 0,000	16,346 ^{Bb} ± 6,743	40,750 ^{Bbc} ± 5,551	1,360 ^{Aa} ± 0,219	35,080 ^{Aa} ± 1,216
72h	0,000 ^{Bb} ± 0,000	9,370 ^{Bb} ± 1,807	31,899 ^{Bc} ± 0,768	1,373 ^{Ba} ± 0,117	38,575 ^{Aa} ± 0,376
SMF VT					
0h	31,415 ^{Aa} ± 8,233	33,986 ^{Aa} ± 7,352	52,801 ^{Aa} ± 11,350	0,443 ^{Aab} ± 0,056	0,071 ^{Ad} ± 0,061
12h	10,219 ^{Bb} ± 3,327	29,829 ^{Aa} ± 4,208	41,668 ^{ABab} ± 5,78	0,028 ^{Cd} ± 0,015	0,513 ^{Bcd} ± 0,413
24h	0,768 ^{Ab} ± 0,116	27,819 ^{ABa} ± 0,953	48,107 ^{Bab} ± 4,770	0,277 ^{Cbc} ± 0,103	3,793 ^{Bc} ± 0,451
48h	2,092 ^{Ab} ± 0,223	26,606 ^{Aa} ± 2,208	54,413 ^{Aa} ± 6,378	0,196 ^{Cc} ± 0,063	10,710 ^{Cb} ± 1,496
72h	2,049 ^{Ab} ± 0,010	6,236 ^{Bb} ± 1,128	31,161 ^{Bb} ± 2,659	0,521 ^{Ca} ± 0,042	21,820 ^{Ba} ± 4,404
SMF CT					
0h	31,415 ^{Aa} ± 8,233	33,986 ^{Aa} ± 7,352	52,801 ^{Aa} ± 11,350	0,443 ^{Ac} ± 0,056	0,071 ^{Ac} ± 0,061
12h	6,571 ^{Bb} ± 1,459	27,525 ^{Aab} ± 7,148	41,328 ^{ABa} ± 9,518	0,136 ^{Ad} ± 0,044	2,429 ^{Ac} ± 0,413
24h	0,658 ^{Ab} ± 0,029	15,943 ^{Bbc} ± 2,647	44,758 ^{Ba} ± 2,772	1,176 ^{Ab} ± 0,053	18,720 ^{Ab} ± 0,960
48h	2,414 ^{Ab} ± 0,865	3,582 ^{Ccd} ± 0,851	21,088 ^{Cb} ± 0,368	1,665 ^{Aa} ± 0,078	36,863 ^{Aa} ± 1,552
72h	1,967 ^{Ab} ± 0,125	1,661 ^{Cd} ± 0,119	16,905 ^{Cb} ± 0,981	1,606 ^{Aa} ± 0,099	38,553 ^{Aa} ± 3,229

Letras maiúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os experimentos para um mesmo tempo de fermentação e letras minúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os tempos de fermentação em um mesmo experimento. Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SFF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.

Tabela 2 - Concentrações de ácidos durante o processo fermentativo do café Arara.

	Cítrico	Málico	Succínico	Lático	Acético
SSF VT					
0h	0,768 ^{Aa} ± 0,063	9,514 ^{Aa} ± 1,093	1,679 ^{Aa} ± 0,209	0,000 ^{Ad} ± 0,000	0,882 ^{Ac} ± 0,059
12h	0,444 ^{Ab} ± 0,011	5,197 ^{Abc} ± 0,574	0,288 ^{Ab} ± 0,140	4,130 ^{ABd} ± 0,492	0,318 ^{Bc} ± 0,122
24h	0,482 ^{ABb} ± 0,046	6,289 ^{Ab} ± 1,127	0,873 ^{Aab} ± 0,571	17,298 ^{Bc} ± 4,222	1,086 ^{Bc} ± 0,599
48h	0,505 ^{Ab} ± 0,070	3,759 ^{Acd} ± 0,390	0,302 ^{Bb} ± 0,097	33,659 ^{Cb} ± 3,188	2,526 ^{ABb} ± 0,342
72h	0,145 ^{Bc} ± 0,037	2,046 ^{Ad} ± 0,101	0,886 ^{ABab} ± 0,322	52,286 ^{Ba} ± 3,446	4,510 ^{ABa} ± 0,332
SSF CT					
0h	0,768 ^{Aa} ± 0,063	9,514 ^{Aa} ± 1,093	1,679 ^{Aa} ± 0,209	0,000 ^{Ac} ± 0,000	0,882 ^{Ad} ± 0,059
12h	0,611 ^{Ab} ± 0,053	6,740 ^{Ab} ± 0,067	0,558 ^{Ab} ± 0,240	8,034 ^{Ac} ± 2,029	0,787 ^{Ad} ± 0,156
24h	0,633 ^{Aab} ± 0,074	5,596 ^{ABb} ± 0,80	0,265 ^{Ab} ± 0,041	34,205 ^{Ab} ± 5,255	2,137 ^{Ac} ± 0,327
48h	0,222 ^{Bc} ± 0,034	1,922 ^{Bc} ± 0,641	0,974 ^{Aab} ± 0,269	41,499 ^{BCb} ± 3,462	3,934 ^{Ab} ± 0,420
72h	0,183 ^{ABc} ± 0,035	1,044 ^{Bc} ± 0,224	1,502 ^{Aa} ± 0,606	62,007 ^{ABa} ± 2,590	5,395 ^{Aa} ± 0,568
SMF VT					
0h	0,768 ^{Aa} ± 0,063	9,514 ^{Aa} ± 1,093	1,679 ^{Aa} ± 0,209	0,000 ^{Ac} ± 0,000	0,882 ^{Ac} ± 0,059
12h	0,642 ^{Aab} ± 0,200	5,677 ^{Ab} ± 1,058	0,666 ^{Abc} ± 0,216	3,967 ^{Bc} ± 1,794	0,461 ^{ABc} ± 0,173
24h	0,454 ^{Bbc} ± 0,085	3,818 ^{BCbc} ± 0,40	0,231 ^{Ad} ± 0,061	16,245 ^{Bb} ± 3,009	0,308 ^{Bc} ± 0,009
48h	0,189 ^{Bc} ± 0,058	2,849 ^{ABcd} ± 0,27	0,312 ^{Bcd} ± 0,021	47,563 ^{Ba} ± 4,796	2,226 ^{Bb} ± 0,521
72h	0,302 ^{Ac} ± 0,082	1,227 ^{Bd} ± 0,190	0,770 ^{ABb} ± 0,076	55,022 ^{Ba} ± 4,097	3,525 ^{Ba} ± 0,145
SMF CT					
0h	0,768 ^{Aa} ± 0,063	9,514 ^{Aa} ± 1,093	1,679 ^{Aa} ± 0,209	0,000 ^{Ad} ± 0,000	0,882 ^{Ab} ± 0,059
12h	0,442 ^{Ab} ± 0,097	5,092 ^{Ab} ± 1,095	0,451 ^{Ac} ± 0,076	7,113 ^{ABd} ± 1,201	0,417 ^{ABb} ± 0,162
24h	0,250 ^{Cc} ± 0,050	2,217 ^{Cc} ± 0,369	0,192 ^{Ac} ± 0,073	27,289 ^{Ac} ± 1,949	0,484 ^{Bb} ± 0,030
48h	0,245 ^{Bc} ± 0,030	0,640 ^{Ccd} ± 0,052	0,776 ^{Ab} ± 0,067	58,179 ^{Ab} ± 3,331	3,690 ^{ABa} ± 0,832
72h	0,185 ^{ABc} ± 0,045	0,261 ^{Cd} ± 0,095	0,198 ^{Bc} ± 0,024	74,240 ^{Aa} ± 10,627	4,480 ^{ABa} ± 0,727

Letras maiúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os experimentos para um mesmo tempo de fermentação e letras minúsculas diferentes indicam diferença estatística ($p < 0,05$) entre os tempos de fermentação em um mesmo experimento. Legenda – SMF VT: fermentação submersa sem controle de temperatura, SMF CT: fermentação submersa com controle de temperatura, SSF VT: fermentação em estado sólido sem controle de temperatura, SFF CT: fermentação em estado sólido com controle de temperatura.