Ekologi Mikroba dalam Fermentasi Tempe: Tinjauan Multi-Omik Dinamika Populasi dan Profil Metabolit

Jesslyn Ivana Rumengan, Agustina Tangapo*, Parluhutan Siahaan
**Program Studi Biologi, Universitas Sam Ratulangi Manado, Indonesia*

*Email Penulis Korespondensi: agustina.tangapo@unsrat.ac.id

ABSTRAK. Kajian ini bertujuan untuk menelaah secara sistematis suksesi ekologi komunitas mikroba dan biotransformasi metabolit fungsional selama fermentasi tempe, dengan fokus pada pengaruh interaktif dari durasi fermentasi, jenis substrat legum, dan bahan kemasan. Analisis komprehensif dilakukan terhadap literatur ilmiah terpilih. Hasil kajian menunjukkan bahwa ekologi tempe mengalami suksesi yang sangat terstruktur, diawali dengan asidifikasi alami selama perendaman yang didominasi oleh bakteri asam laktat (*Weissella confusa, Weissella cibaria,* dan *Lactobacillus delbrueckii*) yang secara cepat menurunkan pH hingga 4,4–4,5 untuk menghambat patogen. Pada fase fermentasi padat (24–48 jam), kapang *Rhizopus oligosporus* dan khamir *Saccharomyces cerevisiae* tumbuh bersinergi mengikat substrat, sementara bakteri endogen *Klebsiella pneumoniae* aktif mensintesis vitamin B12. Perpanjangan waktu fermentasi (>48 jam) memicu penuaan kapang dan menggeser dominansi ke arah bakteri proteolitik pembentuk spora (*Bacillus* spp.) yang melepaskan amonia. Secara simultan, aktivitas enzim hidrolitik mengarahkan biotransformasi makromolekul menjadi senyawa bioaktif dengan bioavailabilitas tinggi, meliputi pelepasan peptida bioaktif (DEQIPSHPPR), konversi glikosida isoflavon menjadi aglikon bebas (daidzein dan genistein), serta akumulasi GABA, meglutol, dan L-Dopa (spesifik pada koro benguk). Penggunaan kemasan daun alami (*Tectona grandis* dan *Musa paradisiaca*) terbukti mengoptimalkan pertukaran gas, menekan oksidasi lipid, dan memperkaya profil volatil aroma dibandingkan kemasan plastik yang kedap. Kesimpulannya, review sistematis ini berhasil merumuskan korelasi antara parameter pengolahan, dinamika mikroba, dan profil nutrasetikal, memberikan landasan teoretis yang kuat untuk modernisasi dan standardisasi pangan fungsional berbasis legum lokal.

Kata Kunci: *dinamika mikroba; Legum; metabolit fungsional; tempe.*

PENDAHULUAN

Tempe merupakan pangan fungsional tradisional berbasis kedelai khas Indonesia yang telah diakui secara global sebagai sumber protein nabati bermutu tinggi (Teoh *et al*., 2024). Namun, kesenjangan antara produksi kedelai domestik dan kebutuhan industri yang tinggi memicu urgensi diversifikasi menggunakan substrat lokal non-kedelai (Elhalis *et al*., 2024). Berbagai komoditas legum seperti koro benguk (*Mucuna pruriens*), koro pedang (*Canavalia ensiformis*), faba bean (*Vicia faba*), hingga biji kelor (*Moringa oleifera*) kini dieksplorasi sebagai bahan baku alternatif (Ramdhani *et al*., 2025). Komposisi kimia inheren dari masing masing jenis substrat ini bertindak sebagai penyedia prekursor nutrisi spesifik yang memandu aktivitas metabolisme dan suksesi ekologi komunitas mikroba selama fermentasi berlangsung (Kadar *et al*., 2020).

Faktor modifikasi lingkungan mikro fisik selama fermentasi dikendalikan oleh pemilihan jenis kemasan (Darmawan, 2025). Pengemasan tempe secara tradisional menerapkan dedaunan alami seperti daun pisang, daun jati, daun jambu, daun kunyit, dan daun talas, sedangkan industri modern menggunakan kantong (Azizah *et al*., 2025). Kemasan daun memiliki porositas mikro alami yang menjamin sirkulasi oksigen dan kelembaban tinggi secara konsisten tanpa memicu kondensasi uap air, yang mendukung laju pertumbuhan miselium kapang *Rhizopus* (Rosidah *et al*., 2023). Sebaliknya, kemasan plastik bersifat kedap udara sehingga memerlukan perforasi mekanis manual yang rentan memicu kelembaban berlebih (Duda, 2024). Bahan kemasan alami juga berkontribusi pada profil aromatik volatil melalui pelepasan senyawa aktif polifenol pembentuk aroma harum (Nuraini *et al*., 2021).

Dinamika ekologi fermentasi tempe dikendalikan oleh suksesi komunitas mikroba multi-spesies yang dinamis melintasi linimasa waktu fermentasi (Efriwati *et al*., 2013). Pada fase awal perendaman kedelai, Bakteri Asam Laktat (BAL) mendominasi ekosistem untuk menurunkan

pH di bawah 6.0, menciptakan proteksi alami terhadap kontaminasi patogen (Sabrinatami *et al*., 2025). Memasuki fase fermentasi fungal aktif (24–48 jam), kapang filamen seperti *Rhizopus oligosporus* tumbuh lebat mengikat kotiledon kedelai berdampingan dengan khamir fungsional (*Saccharomyces cerevisiae*) dan bakteri penghasil vitamin B12 (Yulandi *et al*., 2020). Jika inkubasi diperpanjang melebihi 48 jam (over fermentation), kapang memasuki fase senesens dan digantikan oleh aktivitas bakteri proteolitik pembentuk amonia bebas (Pangastuti *et al*., 2019a).

Sinergi metabolisme konsorsium mikroba ini memicu sekresi lanskap enzim hidrolitik ekstraseluler yang mentransformasi matriks pangan (Harahap *et al*., 2025). Protease, lipase, fitase, dan (β)-glukosidase mendegradasi makromolekul menjadi senyawa fungsional mudah cerna seperti peptida bioaktif dan isoflavon aglikon bebas daidzein serta genistein yang berdaya antioksidan tinggi (Nurmilah *et al*., 2025). Kendati demikian, visualisasi utuh mikrobioma tempe kerap terkendala bias metodologis sekuensing amplicon 16S rRNA klasik yang cenderung over-representasi terhadap Firmicutes (Yulandi *et al*., 2020). Bias ini berhasil dikoreksi oleh teknologi metagenomik shotgun (shotgun metagenomics) yang membuktikan kelimpahan Proteobacteria yang tinggi serta memetakan fungsionalitas gen transkripsi secara objektif (Wicaksono *et al*., 2024).

Dalam studi ini, diterapkan pendekatan integratif multi-omics untuk mengkaji ekologi fermentasi tempe secara komprehensif. Berdasarkan penelitian terdahulu, faktor utama yang dianggap berpengaruh nyata terhadap komposisi metabolit akhir dan profil mikrobioma tempe meliputi variasi bahan baku, kondisi lingkungan, serta jenis kemasan pembungkus. Namun, kajian dinamis mengenai interaksi simultan ketiga parameter tersebut dalam mengendalikan suksesi mikroba dan transformasi metabolit dari fase perendaman hingga over-fermentasi masih sangat terbatas. Oleh karena itu, literatur ini bertujuan untuk menyajikan pemahaman yang mendalam mengenai kontribusi interaktif dari variasi substrat legum, modifikasi mikroklimat kemasan, dan dimensi durasi waktu fermentasi terhadap dinamika mikrobiota fungsional serta akumulasi metabolit bioaktif akhir.

METODE

Metode yang digunakan dalam kajian literatur ini yakni studi literatur dari jurnal nasional dan internasional. Penelusuran literatur dilakukan melalui database Google, Google Scholar, PubMed, Semantic Scholar, Web of Science, dan ScienceDirect. Kata kunci yang digunakan di antaranya tempeh, microbiome, multi-omics, metagenomics, metabolomics, dan peptidomics. Literatur yang digunakan yakni jurnal relevan dari tahun 2010 sampai 2025.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Dinamika Populasi Mikroba

Dinamika ekologi selama pembuatan tempe merupakan representasi suksesi mikroba yang sangat terstruktur, melibatkan interaksi multiseluler antara kapang, Bakteri Asam Laktat (BAL), khamir, dan berbagai bakteri endogen fungsional (Teoh *et al*., 2024). Suksesi ini tidak hanya dipengaruhi oleh dimensi waktu, melainkan juga sangat bergantung pada modifikasi mikroklimat lingkungan fisik kemasan serta ketersediaan nutrisi spesifik pada substrat yang digunakan (Yarlina *et al*., 2026). Untuk memberikan visualisasi utuh mengenai keragaman taksonomi dan pola suksesi komunitas mikroba ini melintasi variasi parameter biologis dan biofisik, data ekologis dari berbagai literatur ilmiah disintesis dalam **Tabel 1**.

Tabel 1. Dinamika populasi pada berbagai tahapan fermentasi tempe

No	Spesies	Kelompok Mikroba	Waktu Fermentasi	Referensi
1.	*Weissella confusa*	Bakteri Asam Laktat (BAL)	12–18 jam	(Magdalena *et al*., 2021)
2.	*Weissella paramesenteroides*	Bakteri Asam Laktat (BAL)	18–24 jam	(Magdalena *et al*., 2021)
3.	*Lactobacillus delbrueckii*	Bakteri Asam Laktat (BAL)	18–24 jam	(Radita *et al*., 2017)
4.	*Lactobacillus mucosae*	Bakteri Asam Laktat (BAL)	18–24 jam	(Radita *et al*., 2021)
5.	*Weissella cibaria*	Bakteri Asam Laktat (BAL)	0–12 jam	(Efriwati *et al*., 2013)
6.	*Rhizopus oligosporus*	Kapang (Fungi)	24–40 jam	(Rizal *et al*., 2021)
7.	*Rhizopus stolonifer*	Kapang (Fungi)	24–36 jam	(Aýun *et al*., 2022)
8.	*Rhizopus sp.*	Kapang (Fungi)	36–48 jam	(Rahmatu *et al*., 2025)
9.	*Saccharomyces cerevisiae*	Khamir (Yeast)	16–40 jam	(Rizal *et al*., 2021)
10.	*Bacillus subtilis*	Bakteri	36–48 jam	(Barus *et al*., 2010)
11.	*Bacillus pumilus*	Bakteri	24–48 jam	(Fleet *et al*., 1990)
12.	*Bacillus brevis*	Bakteri	24–48 jam	(Fleet *et al*., 1990)
13.	*Enterococcus faecium*	Bakteri Asam Laktat (BAL)	36–48 jam	(Magdalena *et al*., 2024)
14.	*Staphylococcus gallinarum*	Bakteri	36–48 jam	(Magdalena *et al*., 2024)
15.	*Klebsiella pneumoniae*	Bakteri	36–48 jam	(Wicaksono *et al*., 2024)
16.	*Lactobacillus agilis*	Bakteri Asam Laktat (BAL)	72 jam	(Pangastuti *et al*., 2019)
17.	*Kluyveromyces marxianus*	Khamir (Yeast)	72 jam	(Pangastuti *et al*., 2019)
18.	*Tryblidiopsis sichuanensis*	Kapang (Fungi)	72 jam	(Pangastuti *et al*., 2019)
19.	*Lactobacillus plantarum*	Bakteri Asam Laktat (BAL)	24–48 jam	(Yarlina *et al*., 2026)

Fase perendaman asam (*acid soaking*) merupakan tahap awal yang penting melalui hidrasi biji kedelai selama 8 hingga 24 jam (Teoh *et al*., 2024). Selama tahap ini, terjadi perkembangan komunitas Bakteri Asam Laktat (BAL) indigenous yang secara alami terbawa dari air maupun permukaan kedelai (Fleet *et al*., 1990). Keberadaan spesies BAL fungsional pembentuk asam seperti *Weissella confusa* dan *Weissella paramesenteroides* yang berasosiasi dengan rendaman (Magdalena *et al*., 2021), bersinergi dengan *Weissella cibaria* (Efriwati *et al*., 2013) serta *Lactobacillus delbrueckii* dan *Lactobacillus mucosae* (Radita *et al*., 2021) dalam mendegradasi karbohidrat terlarut. Asidifikasi alami ini memicu penurunan pH rendaman secara signifikan hingga mencapai asam ekstrem 4,4-4,5, yang secara efektif menyaring mikrobioma dengan menghambat mikroba kontaminan patogen maupun pembusuk (Sabrinatami *et al*., 2025). Melalui pola suksesi ini, air rendaman terbukti bertindak sebagai reservoar biologis utama yang mentransfer komunitas BAL pelindung ke permukaan biji kedelai sebelum proses fermentasi fungal utama dimulai (Radita *et al*., 2017).

Memasuki fase fermentasi fungal padat (*solid-state fermentation*) yang aktif, setelah inokulasi dengan ragi, kapang filamen segera mengambil alih dominansi ekologis dalam rentang waktu 24 hingga 48 jam. Kolonisasi miselium oleh *Rhizopus oligosporus* berkembang secara eksponensial membentuk jaringan hifa putih lebat yang mengikat keping-keping kedelai (Rizal *et al*., 2021), didukung oleh peran *Rhizopus stolonifer* yang mempercepat pembentukan struktur tempe yang kompak (Aýun *et al*., 2022). Aktivitas ini berjalan secara dinamis dengan khamir fungsional seperti *Saccharomyces cerevisiae* yang terbukti memperkaya kandungan (β)-glukan fungsional di dalam matriks tempe segar (Rizal *et al*., 2021). Di bawah rajutan miselium kapang, berkembang juga komunitas bakteri endogen fungsional pendukung nutrisi seperti

spesies *Bacillus subtilis* strain ZHA9 tumbuh aktif di fase stasioner kapang (Barus *et al*., 2010), sedangkan *Bacillus pumilus* dan *Bacillus brevis* turut membantu proses pemecahan makromolekul nitrogen (Fleet *et al*., 1990). Kolonisasi bakteri pelindung lain seperti *Enterococcus faecium* yang mengonstruksi sistem pertahanan melalui sekresi bakteriosin (Nout & Kiers, 2005), berdampingan dengan aktivitas *Klebsiella pneumoniae* yang memiliki signifikansi gizi luar biasa karena kemampuannya dalam mensintesis vitamin B12 esensial selama fermentasi fungal berlangsung (Yulandi *et al*., 2020).

Apabila fermentasi diperpanjang melewati batas kematangan optimal (lebih dari 48 jam), ekosistem tempe memasuki tahap over-fermentasi lanjut yang menghasilkan tempe semangit hingga tempe bosok (Nuraini *et al*., 2021). Pada fase ini, keterbatasan nutrisi karbohidrat memicu penuaan sel dan kematian (*senescence*) kapang *Rhizopus*, sehingga miselium mulai mengempis dan berwarna keabu-abuan akibat pembentukan sporangiospora (Rosidah *et al*., 2023). Kematian kapang ini meluncurkan suksesi ekologis sekunder di mana bakteri proteolitik pembentuk spora mendominasi komunitas mikroba untuk menguraikan sisa protein kedelai menjadi amonia bebas (Elhalis *et al*., 2024). Analisis metagenomik pada fase over-fermentasi lanjut membuktikan terjadinya pergeseran populasi di mana bakteri proteolitik seperti *Lactobacillus agilis* dan *Lactobacillus paralimentarius*, serta kapang saprofit sekunder *Tryblidiopsis sichuanensis* menjadi taksa dominan (Pangastuti *et al*., 2019). Meskipun kapang utama telah mengalami sematian, aktivitas bakteri proteolitik pembentuk spora dan ragi hidrolitik pada fase ini berperan dalam meningkatkan pH tempe hingga bersifat basa akibat pelepasan gas amonia volatile (Ashenafi, 1991).

Komposisi kimiawi spesifik dari jenis substrat bahan baku bertindak sebagai parameter kontrol internal yang mendikte taksonomi komunitas mikroba yang berkolonisasi (Kadar *et al*., 2020). Dibandingkan kedelai kuning (*Glycine max*) tradisional, penggunaan legum non-kedelai lokal memodifikasi laju asidifikasi dan pola kolonisasi fungi secara signifikan karena perbedaan kandungan karbohidrat terlarut dan profil protein (Magdalena *et al*., 2024). Sebagai contoh, pembuatan tempe menggunakan campuran biji kelor (*Moringa oleifera*) menghasilkan dinamika spesifik kapang *Rhizopus sp.* yang pertumbuhannya dipengaruhi oleh tingkat kematangan biji karena kandungan senyawa antimikroba alami (Rahmatu *et al*., 2025). Pada substrat legum alternatif dengan struktur integumen biji yang keras seperti koro pedang, kapang membutuhkan sinergi ko-fermentasi kooperatif dengan BAL seperti *Lactobacillus plantarum* guna meningkatkan kecernaan protein serta mereduksi asam fitat. Hal ini menegaskan bahwa diversifikasi bahan baku secara langsung menggeser ekuilibrium ekologis dan kematangan taksonomi dari mikrobioma tempe yang terbentuk (Yarlina *et al*., 2026).

Jenis kemasan pembungkus memegang peran penting sebagai modifikator mikroklimat yang secara biofisik menyeleksi taksa mikroba yang mampu bertahan (Erdiansyah *et al*., 2022). Kemasan daun tradisional seperti daun pisang, daun jati, dan daun talas memiliki struktur berpori mikro alami yang memfasilitasi aerasi oksigen konstan dan disipasi panas hasil respirasi kapang tanpa menimbulkan kondensasi air di permukaan tempe (Rosidah *et al*., 2023). Sebaliknya, kemasan kantong plastik bersifat kedap udara sehingga memerlukan pelubangan (perforasi) mekanis manual, di mana kegagalan manajemen kelembaban internal dalam plastik sering memicu retensi uap air tinggi yang mempercepat pertumbuhan bakteri pembusuk. Di samping aspek sirkulasi gas, dedaunan alamiberkontribusi secara bioaktif terhadap seleksi taksonomi mikroba, daun jati (*Tectona grandis*) misalnya, secara alami melepaskan senyawa polifenol aktif yang bertindak sebagai agen antibakteri selektif yang menekan populasi bakteri pembusuk awal (Nuraini *et al*., 2021). Pembungkus daun jati juga secara spesifik menyaring komunitas BAL pelindung yang seperti *Weissella paramesenteroides* dan *Weissella confusa* yang mendominasi permukaan daun dan memandu ekologi fermentasi menuju asidifikasi yang aman (Magdalena *et al*., 2021).

Pemetaan ekologi mikroba tempe telah mengalami evolusi metodologis yang signifikan dari pendekatan konvensional hingga era modern (Radita *et al*., 2017). Metode pengkulturan

cawan tradisional terbukti sangat membatasi deteksi karena cenderung mereduksi diversitas nyata dan mengabaikan fraksi besar bakteri fungsional yang tidak dapat dikultur (*unculturable bacteria*) (Barus *et al*., 2010). Penggunaan sekuensing amplicon gen 16S rRNA klasik juga teridentifikasi memiliki kelemahan berupa bias kuantifikasi taksonomi, di mana filum Firmicutes dilaporkan mendominasi akibat variasi jumlah salinan gen rRNA (gene copy number bias) pada taksa tertentu (Radita *et al*., 2018). Keterbatasan ini berhasil dikoreksi oleh teknologi metagenomik shotgun (shotgun metagenomics) bebas-PCR yang menganalisis langsung seluruh genom komunitas mikrobioma tempe secara objektif (Yulandi *et al*., 2020). Hasil analisis shotgun ini meluruskan pemahaman ekologis terdahulu dengan membuktikan kelimpahan nyata filum Proteobacteria yang tinggi di samping Firmicutes (Wicaksono *et al*., 2024).

Profil Metabolit Fungsional

Proses fermentasi tempe memicu transformasi biokimiawi secara dinamis, menghasilkan metabolit non-volatil dan volatil yang melimpah (Prativi *et al*., 2023). Fluktuasi dan akumulasi senyawa metabolit ini tidak hanya dipandu oleh aktivitas kinetika enzimatis mikroflora, tetapi juga dikendalikan secara interaktif oleh komposisi nutrisi bawaan substrat serta kondisi mikroklimat fisik kemasan yang digunakan (Kadar *et al*., 2020). Melalui pemetaan metabolomik berbasis kromatografi gas-spektrometri massa (GC-MS) dan kromatografi cair resolusi tinggi (LC-HRMS), interaksi simultan ketiga parameter tersebut dalam mengarahkan pembentukan senyawa bioaktif fungsional dapat diringkas secara komprehensif pada **Tabel 2**.

Tabel 2. Profil metabolit pada berbagai tahapan fermentasi tempe

No	Spesies	Waktu Fermentasi	Substrat	Kemasan	Referensi
1.	Daidzein	120–168 jam	Kedelai Kuning (*Glycine max*)	Daun Jati (*Tectona grandis*)	(Magdalena *et al*., 2021)
2.	Genistein	120–168 jam	Kedelai Hitam (*Glycine max var. Mallika*)	Plastik	(Magdalena *et al*., 2021)
3.	Asam L-Dopa (L-3,4 dihydroxyphenylalanine)	24-48 jam	Kacang Koro Benguk (*Mucuna pruriens*)	Plastik	(Radita *et al*., 2017)
4.	GABA (4-Aminobutyric Acid)	0-24 jam	Kedelai Hitam (*Glycine max var. Mallika*)	Plastik	(Radita *et al*., 2021)
5.	Asam Glutamat	36-72 jam	Kedelai Kuning (*Glycine max*)	Daun Pisang (*Musa paradisiaca*)	(Efriwati *et al*., 2013)
6.	Asam Laktat	18-24 jam	Kedelai Kuning (*Glycine max*)	Plastik	(Rizal *et al*., 2021)
7.	Asam Lemak Bebas (FFA)	72-120 jam	Kedelai Kuning (*Glycine max*)	Daun Jati (*Tectona grandis*)	(Aýun *et al*., 2022)
8.	(α)-Pinene	24-48 jam	Kedelai Kuning (*Glycine max*)	Daun Pisang (*Musa paradisiaca*)	(Rahmatu *et al*., 2025)
9.	sec-Butyl Nitrite	24-48 jam	Kedelai Kuning (*Glycine max*)	Plastik	(Rizal *et al*., 2021)
10.	(α)-Bisabolene	24-48 jam	Kedelai Kuning (*Glycine max*)	Plastik	(Barus *et al*., 2010)
11.	Vitamin B12	36–48 jam	Kedelai Kuning (*Glycine max*)	Daun Pisang (*Musa*	(Fleet *et al*., 1990)

No	Spesies	Waktu Fermentasi	Substrat	Kemasan	Referensi
				paradisiaca)	
12.	Riboflavin (Vitamin B2)	48 jam	Kedelai Kuning (*Glycine max*)	Plastik	(Fleet *et al*., 1990)
13.	Peptida DEQIPSHPPR	48 jam	Kedelai Kuning (*Glycine max*)	Plastik	(Magdalena *et al*., 2024)
14.	Rafinosa & Stakiosa	0–24 jam	Kedelai Kuning (*Glycine max*)	Daun Pisang (*Musa paradisiaca*)	(Magdalena *et al*., 2024)
15.	Amonia	168-216 jam	Kedelai Kuning (*Glycine max*)	Daun Talas (*Colocasia esculenta*)	(Pangastuti *et al*., 2019)
16.	Lisina	36-48 jam	Kedelai Kuning (*Glycine max*)	Daun Pisang (*Musa paradisiaca*)	(Pangastuti *et al*., 2019)

Biotransformasi metabolit fungsional selama fermentasi ditentukan oleh enzim ekstraseluler yang diekskresikan oleh konsorsium kapang dan bakteri pembantu (Soktavia *et al*., 2026). Selama fase pertumbuhan eksponensial kapang *Rhizopus oligosporus*, terjadi pelepasan masif berbagai enzim hidrolitik ekstraseluler seperti protease, lipase, fitase, amilase, serta (β)-glukosidase (Karmini *et al*., 2024). Profil kinetika fermentasi menunjukkan bahwa laju sekresi enzim-enzim tersebut berkorelasi langsung dengan ketersediaan kadar air bebas, asidifikasi medium, serta suplai oksigen metabolik di dalam kemasan (Nout & Kiers, 2005). Keberadaan enzim protease ekstraseluler sangat krusial dalam memutuskan ikatan peptida internal protein makro legum menjadi fraksi nitrogen larut air, sementara enzim lipase menguraikan lipid menjadi asam lemak bebas dan gliserol. Aktivitas enzimatis ini berjalan secara simultan hingga mencapai puncaknya pada fase stasioner sebelum akhirnya menurun seiring dengan habisnya cadangan nutrisi substrat dan akumulasi produk metabolit sekunder (Soktavia *et al*., 2026).

Degradasi protein lanjut (proteolisis) melepaskan kelimpahan asam amino bebas dan peptida bioaktif yang mengatur mutu organoleptik sekaligus nilai nutrasetikal tempe segar (Tamam *et al*., 2019). Pemecahan intensif fraksi protein glycinin dan (β)-conglycinin menghasilkan akumulasi asam amino esensial yang tinggi, termasuk asam glutamat bebas yang memberikan kontribusi dominan terhadap profil rasa gurih-daging (umami) alami khas tempe (Tamang *et al*., 2022). Pada tingkat peptidomik, pelipatan protein secara in vitro melahirkan rantai peptida bioaktif spesifik berukuran pendek, seperti peptida DEQIPSHPPR yang terbukti memiliki kapasitas antioksidan tinggi serta berperan sebagai inhibitor enzim pengonversi angiotensin (ACE-inhibitor) untuk regulasi tekanan darah (Agustia *et al*., 2025). Degradasi asam amino fungsional ini terus melaju seiring durasi fermentasi, jika maturasi diperpanjang hingga fase over-fermentasi lanjut (semangit dan bosok), pelepasan senyawa hidrofobik berasa pahit (leusin, isoleusin) meningkat tinggi (Elhalis *et al*., 2024). Peningkatan pH produk akhir menuju basa pada fase over-fermentasi dipicu oleh degradasi nitrogen lanjut yang melepaskan gas volatil ammonia yang memicu aroma tajam menyengat khas tempe busuk (Prativi *et al*., 2023).

Aktivitas enzim (β)-glukosidase memandu jalur konversi senyawa isoflavon glikosida menjadi bentuk aglikon bebas yang memiliki bioavailabilitas jauh lebih tinggi (Nurmilah *et al*., 2025). Di dalam biji kedelai mentah, isoflavon mayoritas terikat dalam bentuk glikosida polar (daidzin dan genistin) yang sulit diserap oleh usus manusia (Astawan *et al*., 2025). Selama fermentasi fungal berlangsung, enzim (β)-glukosidase yang disekresikan secara sinergis oleh kapang *Rhizopus* dan bakteri indigenous menghidrolisis gugus glukosa tersebut secara aktif untuk menghasilkan senyawa aglikon bebas berupa daidzein dan genistein. Akumulasi senyawa isoflavon aglikon ini tercatat mengalami lonjakan drastis dan mencapai konsentrasi puncak pada

tahap over-fermentasi lanjut (semangit dan bosok). Jalur metabolik ini sangat penting karena daidzein dan genistein aglikon memiliki cincin fenolik bebas yang sangat responsif bertindak sebagai penangkap radikal bebas (antioxidant) serta modulator fungsional dalam mereduksi peradangan kronis (Iskandar *et al*., 2023).

Variasi komposisi kimiawi inheren dari jenis substrat legum secara langsung merekonstruksi sidik jari metabolomik akhir tempe (Ramdhani *et al*., 2025). Pada pembuatan tempe berbasis legum koro benguk (*Mucuna pruriens*), komposisi kimiawi didominasi oleh kelimpahan asam amino non-protein fungsional yaitu Asam L-Dopa (L-3,4 dihydroxyphenylalanine). Kandungan L-Dopa ini memiliki nilai medis yang sangat tinggi sebagai prekursor dopamin fungsional yang digunakan dalam terapi klinis penderita Parkinson, di mana kadar L-Dopa terbukti stabil selama fermentasi fungal utama sebelum akhirnya menurun perlahan pada fase over-fermentasi. Sementara itu, diversifikasi menggunakan biji kelor (*Moringa oleifera*) memodifikasi akumulasi protein larut serta memicu aktivitas antioksidan unik karena kandungan polifenol bawaan kelor. Sinergi fermentasi multi-spesies pada legum non-kedelai juga terbukti mempercepat eliminasi senyawa antinutrisi seperti rafinosa dan stakiosa penyebab flatulensi melalui konversi metabolik amilolitik (Rahmatu *et al*., 2025).

Parameter mikroklimat fisik yang diatur oleh jenis kemasan pembungkus bertindak sebagai faktor kontrol eksternal terhadap laju akumulasi metabolit (Salim *et al*., 2017). Pada kemasan kantong plastik yang bersifat kedap uap air, retensi kelembaban yang tinggi memicu laju degradasi lipid yang sangat cepat akibat hidrolisis oleh enzim lipase kapang (Erdiansyah *et al*., 2022). Hal ini menyebabkan tempe plastik mengalami akumulasi asam lemak bebas (FFA) yang sangat tinggi hingga mencapai 4,01 mg NaOH/g pada penyimpanan over fermentasi hari ke-7 (Nuraini *et al*., 2021). Sebaliknya, pada kemasan daun jati (*Tectona grandis*), porositas mikro daun mendukung sirkulasi uap air yang stabil sekaligus mentransfer senyawa aktif polifenol dan karotenoid antioksidan dari daun ke permukaan tempe, yang secara signifikan mampu mereduksi oksidasi lemak dan menekan akumulasi FFA hingga kadar rendah yaitu 1,78 mg NaOH/g (Nuraini *et al*., 2021). Selain itu, analisis komponen flavor volatil membuktikan kemasan daun pisang melepaskan aroma aromatik-herbal harum yang khas karena transfer massa polifenol jenis katekin daun yang memicu pembentukan senyawa volatil (α)-pinene (Harahap *et al*., 2018). Sebaliknya, pada kemasan plastik kedap udara, kondisi mikroaerofilik di dalam plastik memicu jalur metabolisme anaerob fakultatif bakteri yang menghasilkan aroma sereal sintetis volatil seperti sec-butyl nitrite dan (α) bisabolene (Harahap *et al*., 2018).

Profil metabolit dinamis tempe memiliki korelasi fungsional yang sangat kuat dengan efikasi medis bagi kesehatan in vivo (Astawan, Tryas, *et al*., 2025a). Melalui pendekatan *widely targeted metabolomics*, senyawa metabolit bioaktif kunci penurun kolesterol fungsional golongan statin alami yaitu meglutol (3-hydroxy-3-methylglutaric acid) berhasil diidentifikasi melimpah pada tempe segar hingga semangit, bertindak sebagai inhibitor kompetitif enzim HMG-CoA reduktase dalam membatasi sintesis kolesterol (Astawan *et al*., 2025). Lebih lanjut, pengujian klinis in vivo membuktikan bahwa tepung tempe semangit dan tempe bosok memiliki aktivitas hipoglikemik (antidiabetes) fungsional yang sangat superior dalam menurunkan kadar glukosa darah penderita diabetes mellitus. Potensi hipoglikemik ini dikendalikan oleh akumulasi asam-asam organik pelindung dan asam amino fungsional pada fase fermentasi lanjut yang bekerja merangsang perbaikan kepadatan sel-(β) pankreas serta meningkatkan deposit glikogen pada jaringan hati dan otot (Astawan, Adurrasyid, *et al*., 2025). Sinergi metabolit ini diperkuat oleh peran neurotransmitter inhibitor GABA (4 aminobutyric acid) hasil dekarboksilasi asam glutamat oleh BAL yang berkhasiat menurunkan tekanan darah (Wicaksono *et al*., 2024), serta dukungan senyawa metabolit folat dan kobalamin hasil sintesis bakteri endogen fungsional yang menyokong jalur metilasi DNA inang (Rahimah *et al*., 2026).

KESIMPULAN

Kajian ini membuktikan bahwa ekofisiologi fermentasi tempe dikendalikan secara dinamis melalui interaksi terarah antara suksesi komunitas mikroba multi-spesies, karakteristik nutrisi bawaan jenis substrat legum, serta regulasi mikroklimat fisik dari bahan kemasan pembungkus yang digunakan. Fase asidifikasi alami oleh bakteri asam laktat selama perendaman yang dilanjutkan oleh kolonisasi eksponensial miselium kapang *Rhizopus* dan bakteri endogen fungsional selama fermentasi padat secara efektif memandu sekresi lanskap enzim hidrolitik ekstraseluler untuk mengonversi makromolekul pangan. Jalur biotransformasi biokimia ini memicu akumulasi masif berbagai senyawa bioaktif fungsional dengan bioavailabilitas tinggi seperti isoflavon aglikon bebas (daidzein dan genistein), peptida fungsional, neurotransmitter asam gamma-aminobutirat, meglutol, dan vitamin esensial yang berkorelasi langsung terhadap peningkatan aktivitas antioksidan, hipokolesterolemik, dan hipoglikemik in vivo. Modifikasi kemasan menggunakan dedaunan alami terbukti memberikan sirkulasi udara mikro yang ideal untuk membatasi kerusakan oksidatif lemak serta melepaskan senyawa volatil herbal aromatik yang disukai konsumen dibandingkan kemasan plastik kedap. Secara ilmiah, kajian integratif berbasis multi-omics ini memberikan kontribusi teoretis yang sangat berharga bagi perkembangan bioteknologi pangan global dengan merumuskan peta korelasi holistik antara parameter pemrosesan fisik dengan kualitas biologis nutrasetikal produk, sekaligus meletakkan landasan saintifik yang kokoh guna mendukung program modernisasi, diversifikasi, dan standardisasi industri tempe berbasis legum lokal non-kedelai.

DAFTAR PUSTAKA

Agustia, F. C., Winarsi, H., Fitriani, A., & Latifasari, N. (2025). Impact of Packaging Variations on the Amino Acid Profile, Proximate Content, and Antinutritional Components of Tempeh from Jack Bean Sprouts. Preventive Nutrition and Food Science, 30(1), 56–67. https://doi.org/10.3746/pnf.2025.30.1.56

Ashenafi, M. (1991). Microbial development during tempeh fermentation from various beans and effect of Lactobacillus plantarurn on the natural microflora. In Itiiernu~ionuf Journal of Food Science and Technology (Vol. 26).

Astawan, M., Adurrasyid, Z., Novita, R. R., Damayanti, A. F., Saraswati, S., Wresdiyati, T., Saithong, P., Chitisankul, W. T., & Putri, S. P. (2025). Exploring the hypoglycemic potential of fresh, semangit, and bosok tempe: A comparative metabolite profile. Narra J, 5(2), e2327. https://doi.org/10.52225/narra.v5i2.2327

Astawan, M., Tryas, A. A., Saraswati, S., Wresdiyati, T., Afifah, D. N., Elda, F., Riyanto, R. A., & Putri, S. P. (2025). Metabolite profiling of bioactive compounds in tempe flour and its potential as a hypocholesterolemic functional food. Frontiers in Nutrition, 12, 1–14. https://doi.org/10.3389/fnut.2025.1622952.

Aýun, Q., Suryani, S., & Kurnia, C. (2022). Identifikasi Kapang Pada Tempe Bungkus Daun Pisang Dan Plastik Asal Pengrajin Tempe Jatiasih, BEKASI. Bioed : Jurnal Pendidikan Biologi, 10(2), 45.https://doi.org/10.25157/jpb.v10i2.8685.

Azizah, A., Amania, L., & Khilyatun, Y. (2025). Pengaruh Jenis Kemasan Terhadap Karakteristik Kimia Tempe Kedelai. LIPIDA: JURNAL TEKNOLOGI PANGAN DAN AGROINDUSTRI PERKEBUNAN, 5, 11–17. http://www.jurnal.politap.ac.id/lipida

Barus, T., Suwanto, A., Tan Watumesa Agustina, & Griselda. (2010). Analisis Matagenom Komunitas Bakteri Tempe dengan Teknik Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism (T-RFLP). Biota, 15(2), 273–280. www.ncbi.nlm.nih.go

Darmawan, M. (2025). Pengaruh Jenis Kemasan terhadap Total Mikroba dan Uji Organoleptik Tempe Kedelai. Duda, H. J. (2024). Pengaruh Kemasan Yang Berbeda Dan Masa Inkubasi Terhadap Kualitas Organoleptik Tempe Kedelai (*Glycine Max* (L.) Merrill) The Effect Of Different Packaging And Incubation Period On The Organoleptic Quality Of Soybean Tempe (*Glycine max* (L.) Merrill. Jurnal Pengolahan Pangan, 9(2), 118–125.

Efriwati, Suwanto, A., Rahayu, G., & Nuraini, L. (2013). Population Dynamics of Yeasts and Lactic Acid Bacteria (LAB) During Tempeh Production. HAYATI Journal of Biosciences, 20(2), 57–64. https://doi.org/10.4308/hjb.20.2.57

Elhalis, H., Chin, X. H., & Chow, Y. (2024). Soybean fermentation: Microbial ecology and starter culture technology. In Critical Reviews in Food Science and Nutrition (Vol. 64, Number 21, pp. 7648–7670). https://doi.org/10.1080/10408398.2023.2188951 Taylor and Francis Ltd.

Erdiansyah, M., Meryandini, A., Wijaya, M., & Suwanto, A. (2022). Microbiological quality of tempeh with different wraps: banana leaf versus plastic. Journal of Food Science and Technology, 59(1), 300–307. https://doi.org/10.1007/s13197-021-05014-7

Fleet, G., Mulyowidarso, R., & Buckle, K. (1990). Association of bacteria with the fungal fermentation of soybean tempe. Journal of Applied Bacteriology, 68, 43–47.

Harahap, I. A., Sulibursk a, J., Karaca, A. C., Capanoglu, E., & Esatbeyoglu, T. (2025). Fermented soy products: A review of bioactives for health from fermentation to functionality. In Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety (Vol. 24, Number 1). John Wiley and Sons Inc. https://doi.org/10.1111/1541-4337.70080

Harahap, R. H., Lubis, Z., & Kaban, J. (2018). Komponen Flavor Volatil Tempe yang Dibungkus dengan Daun Pisang dan Plastik Volatile Flavor Compounds of Tempeh Wrapped With Banana Leaf and Plastic. Agritech, 38(2), 194–199. https://doi.org/10.22146/agritech

Iskandar, A., Santoso, U., & Supriyadi. (2023). Chemical Characteristic of Waru Leaf (*Hibiscus tiliaceus*) As Food Packaging Material. Journal of Indonesian Food and Nutrition Progress, 20(2), 72–78.

Kadar, A. D., Astawan, M., Putri, S. P., & Fukusaki, E. (2020). Metabolomics based study of the effect of raw materials to the end product of tempe—an indonesian fermented soybean. Metabolites, 10(9), 1–11. https://doi.org/10.3390/metabo10090367

Karmini, M., Sutopo, D., & Hermana. (2024). Aktivitas Enzim Hidrolitik Kapang *Rhizopus Sp* Pada Fermentasi Tempe. Magdalena, S., Surya, N. A., & Yogiara, Y. (2024). Effect of tempeh wrapping on sensory evaluation and lactic acid bacteria profile. Food Research, 8(4), 99–107. https://doi.org/10.26656/fr.2017.8(4).351

Magdalena, S., Yogiara, Y., & Yulandi, A. (2021). Profil Bakteri Asam Laktat dan Evaluasi Sensori dari Tempe Bungkus Daun Jati yang Disuplementasi dengan Daun Kelor. Jurnal Aplikasi Teknologi Pangan, 10(1), 208–215. https://doi.org/10.17728/jatp.7330

Nout, M. J. R., & Kiers, J. L. (2005). Tempe fermentation, innovation and functionality: Update into the third millenium. Journal of Applied Microbiology, 98(4), 789–805. https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.2004.02471.x

Nuraini, V., Puyanda, I. R., Kunciati, W. A. S., & Margareta, L. A. (2021). Perubahan Kimia Dan Mikrobiologi Tempe Busuk Selama Fermentasi. Jurnal Agroteknologi, 15(02), 127–137. https://doi.org/10.19184/j-agt.v15i02.25729

Nurmilah, S., Frediansyah, A., Cahyana, Y., Balia, R. L., Andriana, B. B., & Utama, G. L. (2025). Exploring microbial dynamics and metabolomic profiling of isoflavone transformation in black and yellow soybean tempe for sustainable functional foods. Food Chemistry: Molecular Sciences, 11. https://doi.org/10.1016/j.fochms.2025.100279

Pangastuti, A., Alfisah, R. K., Istiana, N. I., Sari, S. L. A., Setyaningsih, R., Susilowati, A., & Purwoko, T. (2019). Metagenomic analysis of microbial community in over-fermented tempeh. Biodiversitas, 20(4), 1106–1114. https://doi.org/10.13057/biodiv/d200423

Prativi, M. B. N., Astuti, D. I., Putri, S. P., Laviña, W. A., Fukusaki, E., & Aditiawati, P. (2023). Metabolite Changes in Indonesian Tempe Production from Raw Soybeans to Over-Fermented Tempe. https://doi.org/10.3390/metabo13020300 Metabolites, 13(2), 1–16.

Radita, R., Suwanto, A., Kurosawa, N., Wahyudi, A. T., & Rusmana, I. (2017). Metagenome

analysis of tempeh production: Where did the bacterial community in tempeh come from? Malaysian Journal of Microbiology, 13(4), 280–288. http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/.

Radita, R., Suwanto, A., Kurosawa, N., Wahyudi, A. T., & Rusmana, I. (2021a). Dynamics Of Microbial Community During Tempeh Fermentation. Biotropia, 28(1), 11–20. https://doi.org/10.11598/btb.2021.28.1.820

Radita, R., Suwanto, A., Kurosawa, N., Wahyudi, & Rusmana, I. (2018). Firmicutes is the predominant bacteria in tempeh. In International Food Research Journal (Vol. 25, Number 6).

Rahimah, S., Tallei, T. E., Savitri, M., Yamada, C., Kim, H. J., Choi, M., Park, M. N., Ophinni, Y., & Kim, B. (2026). Functional foods and dietary matrices for metabolic improvement: an integrative review of mechanisms, evidence, and future directions. Journal of Functional Foods, 139, 1–16. https://doi.org/10.1016/j.jff.2026.107240

Rahmatu, R. D., Isabella, T. A., Monde, A., Sangadji, M. N., & Noviyanti, A. (2025). Fungi, bacteria, and chemical components in the fermentation process of various maturity levels of drumstick trees (*Moringa oleifera Lam*.) in making tempeh, a fermented soybean food. Australian Journal of Crop Science, 19(5), 587–596 https://doi.org/10.21475/ajcs.25.19.05.p345.

Ramdhani, R., Tryas, A. A., Astawan, M., Wresdiyati, T., Sardjono, R. E., Irdiani, R., & Putri, S. P. (2025). Comparative metabolomic analysis of Tempe from velvet bean, soybean, and their combination. Canrea Journal: Food Technology, Nutritions, and Culinary Journal, 8(1), 22–37. https://doi.org/10.20956/canrea.v8i1.1487

Reale, A., Di Renzo, T., De Caro, S., Ferrara, M., Spada, V., Verrone, L., Gialluisi, K., Nazzaro, S., Marena, P., & Mamone, G. (2025). Impact of starter culture on quality and proteolysis of soybean tempeh. LWT, 238. https://doi.org/10.1016/j.lwt.2025.118824

Rizal, S., Kustyawati, M. E., Murhadi, & Hasanudin, U. (2021). The growth of yeast and fungi, the formation of β-glucan, and the antibacterial activities during soybean fermentation in producing tempeh. International Journal of Food Science, 2021. https://doi.org/10.1155/2021/6676042

Rosidah, R., Azizah, A. S., Megawati, H. P., & Rivaldi, R. (2023). Analisis Morfologi Fungi pada Tempe Kemasan Daun dan Tempe Kemasan Plastik. Jurnal Pengabdian Masyarakat Biologi Dan Sains, 2(1), 48–57. https://doi.org/10.30998/jpmbio.v2i1.1930

Sabrinatami, Z., Purwandari, F. A., Utami, T., & Cahyanto, M. N. (2025). Comparison of Acid Fermentation under Vacuum and by Conventional Method in Tempeh Production: Microbial and Chemical Changes. Journal of Food Quality and Hazards Control. https://doi.org/10.18502/jfqhc.12.4.20404

Salim, R., Zebua, E., & Taslim, T. (2017). Analisis Jenis Kemasan Terhadap Kadar Protein Dan Kadar Air Pada Tempe. Jurnal Katalisator, 2(2), 106 111. https://doi.org/10.22216/jk.v2i2.2531

Soktavia, E., Nursanti, F. E., Septianasari, N., Olimfia, S., & Indahsari, S. N. (2026). Analisis Kinetika Dan Aktivitas Enzimatis Dalam Fermentasi Tempe Berbasis *Rhizopus Oligosporus*. Indonesian Journal of Multidisciplinary on Social and Technology, 4(2), 237–243. https://doi.org/10.69693/ijmst.v4i2.8521

Tamam, B., Syah, D., Suhartono, M. T., Kusuma, W. A., Tachibana, S., & Lioe, H. N. (2019). Proteomic study of bioactive peptides from tempe. Journal of Bioscience and Bioengineering, 128(2), 241–248. https://doi.org/10.1016/j.jbiosc.2019.01.019

Tamang, J. P., Anupma, A., & Nakibapher Jones Shangpliang, H. (2022). Ethno-microbiology of Tempe, an Indonesian fungal-fermented soybean food and Koji, a Japanese fungal starter culture. Current Opinion in Food Science, 48 https://doi.org/10.1016/j.cofs.2022.100912.

Teoh, S. Q., Chin, N. L., Chong, C. W., Ripen, A. M., How, S., & Lim, J. J. L. (2024). A review

on health benefits and processing of tempeh with outlines on its functional microbes. In Future Foods (Vol. 9). Elsevier B.V. https://doi.org/10.1016/j.fufo.2024.100330

Wicaksono, W. A., Akinyemi, O. E., Wassermann, B., Bickel, S., Suwanto, A., & Berg, G. (2024). Traditionally produced tempeh harbors more diverse bacteria with more putative health-promoting properties than industrially produced tempeh. Food Research International, 196. https://doi.org/10.1016/j.foodres.2024.115030

Yarlina, V. P., Tandra, J. L., Indiarto, R., Andoyo, R., Harlina, P. W., Ubaidillah, N. H. N., & Lani, M. N. (2026). Unraveling Tempeh through omics: a scoping review of fermentation pathways and functional health benefits. In npj Science of Food (Vol. 10, Number 1). Nature Research. https://doi.org/10.1038/s41538-026-00754-2

Yulandi, A., Suwanto, A., Waturangi, D. E., & Wahyudi, A. T. (2020). Shotgun metagenomic analysis reveals new insights into bacterial community profiles in tempeh. BMC Research Notes, 13(1). https://doi.org/10.1186/s13104-020-05406-6