

Microflora of Tropical Legumes' Seeds for Food Development: Review

Rifqi Ahmad Riyanto^{1*} & Sri Utami²

¹Program Studi Teknologi Pangan, Fakultas Pertanian, Universitas Sultan Ageng Tirtayasa, Kota Serang, Indonesia;

²Program Studi Bioteknologi, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Islam Negeri Raden Mas Said Surakarta, Kabupaten Sukoharjo, Indonesia;

Article History

Received : January 12th, 2026

Revised : March 12th, 2026

Accepted : April 07th, 2026

*Corresponding Author: **Rifqi**

Ahmad Riyanto, Program Studi Teknologi Pangan, Fakultas Pertanian, Universitas Sultan Ageng Tirtayasa, Kota Serang, Indonesia;

Email: rifqi.ar@untirta.ac.id

Abstract: Tropical legumes are vital for global nutrition but remain underutilized. Their processing relies on indigenous seed microbes, yet a systematic understanding of this microbiome is absent, hindering food safety and innovation. This review aimed to catalog the microbial taxa (bacteria, yeasts, fungi) associated with post-harvest seeds of key tropical legumes like cowpea and pigeon pea. A systematic synthesis of existing literature was performed. Findings reveal a diverse but inconsistently reported microbiome. Core bacterial genera include *Bacillus*, *Lactobacillus*, and *Enterobacter*, with fungi like *Aspergillus* and *Saccharomyces*. Data is fragmented, limited by reliance on culture-dependent methods, and lacks functional or quantitative insights. We conclude that tropical legume seeds host a rich, uncharacterized microbial community, prominently featuring lactic acid bacteria (LAB). This represents a significant untapped biotechnological resource. We recommend future research prioritize metagenomic profiling to establish a robust microbial baseline. This should be followed by the functional characterization and development of indigenous LAB consortia as targeted starter cultures to safely optimize traditional fermentations and enhance the value of these crucial crops.

Keywords: Food fermentation, lactic acid bacteria, seed microflora, tropical legumes.

Pendahuluan

Kacang-kacangan merupakan kelompok bahan pangan nabati yang memiliki peran penting dalam pemenuhan kebutuhan gizi manusia di berbagai belahan dunia (Ekafitri & Isworo, 2014). Komoditas ini dikenal sebagai sumber protein nabati, serat pangan, vitamin, serta mineral yang esensial bagi kesehatan. Kacang-kacangan tropis yang mencakup beragam genus termasuk *Vigna* (misalnya, kacang tunggak, kacang hijau), *Cajanus* (kacang gude), dan *Sphenostylis* (kacang yam Afrika) merupakan sumber protein, serat, dan mikronutrien makanan yang sangat penting bagi jutaan penduduk di *Global South* (Kloh *et al.*, 2024). Kemampuan tanaman tersebut terhadap kekeringan dan tanah marginal menjadikannya penting bagi pertanian yang cerdas iklim (*climate-smart agriculture*)

(Debaeke *et al.*, 2017). Meskipun memiliki signifikansi nutrisi dan ekologis yang tinggi, banyak spesies ini dikategorikan sebagai tanaman "kurang termanfaatkan" (*underutilized*), sehingga penggunaan dan penelitiannya lebih sedikit dibandingkan dengan kacang-kacangan komoditas utama seperti kedelai dan kacang tanah (Odeku *et al.*, 2024). Nilai keilmuan dari komoditas ini tidak hanya terletak pada aspek agronomi dan nutrisi, tetapi juga pada potensinya dalam mendukung sistem pangan yang resilien terhadap perubahan iklim (Anjani *et al.*, 2024).

Secara ilmiah, setiap biji memiliki mikrobiota uniknya sendiri, di mana ditemukan suatu kumpulan kompleks bakteri dan jamur yang diperoleh dari tanah, udara, maupun dari dalam biji itu sendiri (Christensen, 1972). Mikroflora residen ini tidak hanya pasif namun juga membentuk ekosistem dinamis dan

fungsi dengan konsekuensi langsung bagi perkecambahan biji, kesehatan tanaman, hingga efek pascapanennya. Setelah panen dan selama penyimpanan, komunitas mikroba ini memengaruhi pembusukan biji, kontaminasi mikotoksin, dan komposisi biokimia biji-bijian (Pande et al., 2025). Lebih penting lagi, ketika kacang-kacangan diproses untuk konsumsi manusia, khususnya melalui metode yang lazim seperti perendaman dan fermentasi spontan, mikroflora asli biji ini berfungsi sebagai inokulum dasar, misalnya saat fermentasi asam pada tahap perendaman di produksi tempe (Nout & Kiers, 2005). Komposisi mikroorganisme ini secara langsung menentukan jalur, keamanan, kecepatan, dan hasil organoleptik dari biotransformasi ini (Xu & Yu, 2021).

Profil taksonomi dan fungsional yang komprehensif mengenai mikroflora yang terkait dengan biji kacang-kacangan tropis masih sangat kurang. Studi yang ada seringkali terfragmentasi sehingga gagal menangkap luasnya keragaman mikroba secara utuh. Ketiadaan basis pengetahuan yang tersintesis ini menjadi hambatan untuk peluang pengembangan inovasi baik di bidang keamanan pangan maupun pengembangan produk pangan. Sebuah tinjauan sistematis merupakan langkah pertama yang penting. Oleh karena itu, tinjauan sistematis ini bertujuan untuk mengatalogkan dan mensintesis semua takson mikroba (bakteri, khamir, dan kapang) yang dilaporkan terkait dengan biji spesies kacang-kacangan tropis tertentu pada titik penyimpanan pascapanen atau pra-pemrosesan.

Bahan dan Metode

Studi ini menggunakan metode tinjauan literatur deskriptif kualitatif untuk mengevaluasi keanekaragaman dan komposisi spesies mikroorganisme (mikroflora) yang terkait dengan kacang-kacangan tropika. Pencarian literatur dilakukan secara sistematis menggunakan basis data elektronik terindeks, yaitu *Scopus*, *PubMed*, dan *Google Scholar*, dengan cakupan publikasi dari tahun 2000 hingga 2025. Pencarian pada portal jurnal nasional Garuda juga dilakukan untuk mengidentifikasi penelitian yang dipublikasikan di Indonesia.

Kombinasi kata kunci berikut digunakan dengan operator Boolean (AND/OR): “tropical legume” OR “kacang tropika” OR “cowpea” OR “kacang tunggak” OR “*Vigna unguiculata*” OR “pigeon pea” OR “kacang gude” OR “*Cajanus cajan*” OR “bambara groundnut” OR “kacang bogor” OR “*Vigna subterranea*” OR “African yam bean” OR “kacang gembolo” OR “*Sphenostylis stenocarpa*” AND “microflora” OR “microbiota” OR “microorganism” OR “bacteria” OR “fungi” OR “yeast” OR “mikroflora” OR “mikrobiota” AND * “seed” OR “bean” OR “biji” OR “seedborne” OR “seed-associated”.

Pencarian awal menghasilkan 127 artikel. Artikel-artikel tersebut kemudian disaring berdasarkan kriteria inklusi berikut:

1. Artikel penelitian asli (original research article) yang dipublikasikan antara tahun 2000–2025.
2. Studi yang berfokus pada identifikasi mikroorganisme (bakteri atau fungi) yang diisolasi secara langsung dari biji kacang-kacangan tropis pada tahap pascapanen atau penyimpanan.
3. Studi yang menggunakan metode kultur (biakan) ataupun molekuler (seperti sekuensing gen 16S rRNA/ITS) untuk identifikasi mikroba.
4. Tersedia dalam teks lengkap (full text).

Setelah penyaringan bertahap berdasarkan judul, abstrak, dan teks lengkap, 10 artikel terpilih untuk dianalisis mendalam.

Hasil dan Pembahasan

Hasil

Berdasarkan tinjauan terhadap sepuluh studi primer yang teridentifikasi, berhasil dikompilasi data keragaman mikroflora yang berasosiasi dengan biji sembilan spesies kacang-kacangan tropis pada tahap pascapanen atau pra-pemrosesan. Data disajikan dalam Tabel 1, yang memuat nama lokal, spesies tumbuhan, identitas taksonomi mikroflora, metode identifikasi yang digunakan, serta sumber referensi..

Tabel 1. Hasil studi literatur mikroflora pada kacang-kacangan tropis

Nama	Spesies	Mikroflora	Metode Identifikasi	Sumber
Kacang hijau	<i>Vigna radiata</i>	<i>Pseudomonas</i> sp. <i>Enterobacter hormaechei</i> <i>Enterobacter</i> sp. <i>Lactobacillus</i> sp.	Metode Kultur dan Molekuler	(Bhagya, 2019; Chao et al., 2013)
Kacang tunggak / Otok	<i>Vigna unguiculata</i>	Bakteri asam laktat	Metode Kultur	(Fallo et al., 2021)
Kacang Bogor	<i>Vigna subterranea</i>	<i>Bacillus pumilis</i> , <i>B. licheniformis</i> , <i>B. cereus</i> , <i>B. subtilis</i> dan <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	Metode Kultur	(Aigbodion, 2017)
Kacang Gude	<i>Cajanus cajan</i>	Enterobacteriaceae, Erwiniaceae, Yersiniaceae, Peptobacteriaceae, dan Lactobacillaceae	Metode Molekuler	(Sine et al., 2024)
Kacang Yam Afrika	<i>Sphenostylis stenocarpa</i>	<i>Bacillus</i> sp., <i>Staphylococcus</i> sp., <i>Lactobacillus</i> sp., <i>Micrococcus</i> sp., <i>Alcaligenes</i> sp., <i>Saccharomyces</i> sp., <i>Fusarium</i> sp., <i>Aspergillus</i> sp.	Metode Kultur	(Wokoma & Aziagba, 2001)
Kacang Lima	<i>Phaseolus lunatus</i>	<i>B. subtilis</i> , <i>B. pumilis</i> , <i>B. megatagium</i> , <i>L. plantarum</i> , <i>A. fumigatus</i> dan <i>S. cerevisiae</i>	Metode Kultur	(Tope, 2013)
Kacang Merah	<i>Phaseolus vulgaris</i>	Enterobacteriales, Micrococcales, Lactobacillales, Hyphomicrobiales, Rickettsiales, Sphingobacteriales, Sphingomonadales, Pseudomonadales, Bacillales, dan Puccinales	Metode Molekuler	(Osogo et al., 2025)
Kacang Kapri	<i>Pisum sativum</i>	<i>Bacillus</i> , <i>Enterococcus</i> , <i>Pseudomonas</i> , <i>Serratia</i> , <i>Weissella</i> , <i>Lactobacillus</i> , dan <i>Pediococcus</i> spp.	Metode Molekuler	(Bachmann et al., 2022)
Kacang Koro	<i>Canavalia ensiformis</i>	<i>Prevotella</i> , <i>Bacillus</i> , <i>Paenibacillus</i> , <i>Staphylococcus</i> , <i>Lactobacillus</i> , <i>Pediococcus</i> , <i>Saccharofermentans</i> , <i>Klebsiella</i> , <i>Pantoea</i> , dan <i>Acinetobacter</i> spp.	Metode Molekuler	(Yarlina et al., 2022)

Tabel 1 mengungkapkan keragaman mikroorganisme baik pada tingkat filum maupun genus. Komunitas bakteri didominasi oleh anggota dari filum Firmicutes (terutama genera *Bacillus*, *Lactobacillus*, *Pediococcus*, dan *Enterococcus*), Proteobacteria (misalnya *Pseudomonas*, *Enterobacter*, *Pantoea*), serta Actinobacteriota (seperti *Micrococcus*). Pada sisi fungi, ragi (seperti *Saccharomyces*) dan kapang dari genera *Aspergillus*, *Fusarium*, serta *Rhizopus* dilaporkan terdapat pada beberapa spesies kacang.

Metode identifikasi yang digunakan bervariasi antar studi, membentuk dua pendekatan utama: (1) metode bergantung kultur (*culture-dependent*) yang dilaporkan pada enam studi, dan (2) metode molekuler (seperti analisis gen 16S rRNA) yang digunakan pada empat studi. Satu studi (pada kacang hijau) menggunakan kombinasi kedua metode tersebut. Pendekatan molekuler cenderung mengungkapkan keragaman yang lebih luas pada tingkat taksonomi yang lebih tinggi (misalnya ordo atau famili) (Aditio *et al.*, 2026), seperti yang terlihat pada laporan untuk kacang gude (*Cajanus cajan*) dan kacang merah (*Phaseolus vulgaris*), yang mendeteksi berbagai ordo bakteri seperti Enterobacterales, Lactobacillales, dan Sphingomonadales.

Pembahasan

Data yang terkumpul dalam tinjauan awal ini mengonfirmasi dua hipotesis kunci yang mendasari perlunya penelitian sistematis lebih lanjut. Pertama, terbukti bahwa biji kacang-kacangan tropis mengandung mikroflora yang beragam dan kompleks, yang mencakup campuran bakteri dan fungi dengan implikasi fungsional yang beragam. Keberadaan genera seperti *Lactobacillus*, *Pediococcus*, dan *Saccharomyces* yang dikenal luas dalam fermentasi pangan (Siddiqui *et al.*, 2023) mengindikasikan bahwa mikroflora endofit pada biji berpotensi besar menjadi inokulum alami untuk proses fermentasi tradisional. Di sisi lain, deteksi genera seperti *Aspergillus*, *Fusarium* (pada kacang yam Afrika), dan *Bacillus cereus* (pada kacang bogor) menyoroti potensi risiko keamanan pangan (Jovanovic *et al.*, 2021; Szabo *et al.*, 2018), terutama terkait produksi mikotoksin dan toksin

bakteri, yang memerlukan pemantauan dan manajemen lebih lanjut.

Kedua, tinjauan ini dengan jelas memetakan kesenjangan metodologis dan pengetahuan yang signifikan. Fragmentasi data sangat terlihat, di mana masing-masing studi hanya mengkarakterisasi satu atau sedikit spesies kacang, seringkali dari lokasi geografis tunggal. Lebih penting lagi, perbandingan langsung antar studi sangat terhambat oleh perbedaan mendasar dalam metode identifikasi. Studi yang bergantung pada kultur, meskipun berguna untuk mendapatkan isolat hidup, telah lama diketahui hanya mampu mengungkap sebagian kecil (kurang dari 1%) dari total keanekaragaman mikroorganisme (Su *et al.*, 2012), sehingga berisiko tinggi melewatkan takson kunci yang tidak dapat dikultur. Sebaliknya, studi molekuler mengungkapkan gambaran yang lebih komprehensif, tetapi data yang dilaporkan seringkali masih pada tingkat taksonomi yang tinggi (familia atau ordo), sehingga belum cukup spesifik untuk inferensi fungsional atau penilaian risiko yang akurat (Pogner *et al.*, 2024). Ketiadaan data kuantitatif (kelimpahan relatif) pada hampir semua laporan juga membatasi pemahaman kita mengenai dinamika dan struktur komunitas mikroba yang sebenarnya.

Temuan ini memiliki implikasi langsung bagi upaya peningkatan nilai dan keamanan pascapanen kacang-kacangan tropis. Tanpa peta mikroflora yang komprehensif dan terstandarisasi, sulit untuk: (1) melacak asal-usul mikroorganisme spesifik selama proses fermentasi spontan, (2) mengidentifikasi peluang untuk mengembangkan konsorsium starter yang cocok secara lokal, atau (3) merancang strategi intervensi yang efektif untuk menekan pertumbuhan patogen dan kapang perusak. Dominasi metode kultur dalam literatur yang ada juga menunjukkan bahwa peluang besar dari teknik 'omics' (seperti metagenomik dan metatranskriptomik) belum dimanfaatkan untuk memahami fungsi ekologis dan metabolisme dari komunitas mikroorganisme ini.

Kesimpulan

Berdasarkan tinjauan data yang tersedia, dapat disimpulkan bahwa biji-bijian, khususnya kacang-kacangan tropis, memiliki mikrobiota asli yang beragam yang secara konsisten

didominasi oleh komunitas bakteri, termasuk kelompok potensial seperti Bakteri Asam Laktat (LAB). Keberadaan genera LAB seperti *Lactobacillus*, *Pediococcus*, *Enterococcus*, dan *Weissella* pada berbagai spesies kacang, baik yang terdeteksi melalui metode kultur maupun molekuler, menunjukkan bahwa biji-bijian secara alami membawa inokulum fungsional yang dapat dimanfaatkan untuk bioproses lebih lanjut.

Ucapan Terima Kasih

Terima kasih penulis ucapkan kepada Program Studi Teknologi Pangan, Fakultas Pertanian, Universitas Sultan Ageng Tirtayasa yang telah memfasilitasi, sehingga artikel ini terselesaikan dengan baik.

Referensi

- Aditio, M., Suharto, A., Cantika, D., Putri, J., Ramdani, P. O., & Dwi, J. (2026). Analisis Variasi dan Filogenetik Keragaman Gen 16S rRNA pada *Staphylococcus aureus* Berdasarkan Data NCBI. *Journal Of Microbiology, Biotechnology And Conservation*, 2(1). <https://doi.org/https://doi.org/10.29303/d3g8th53>
- Aigbodion, O. B. (2017). Microbiological and physico-chemical characteristics of fermented bambara nut (*Vigna subterranea*) seeds. *Food and Applied Bioscience Journal*, 5(2), 69–81. <https://doi.org/https://doi.org/10.14456/fabj.2017.6>
- Bachmann, M., Wensch-Dorendorf, M., Kuhnitzsch, C., Kleinstauber, S., Popp, D., Thierbach, A., Martens, S. D., Steinhöfel, O., & Zeyner, A. (2022). Changes in Composition and Diversity of Epiphytic Microorganisms on Field Pea Seeds, Partial Crop Peas, and Whole Crop Peas during Maturation and Ensiling with or without Lactic Acid Bacteria Inoculant. *Microbiology Spectrum*, 10(4). <https://doi.org/10.1128/spectrum.00953-22>
- Bhagya, M. (2019). Isolation and Characterization of Endophytic Bacteria from Nodule, Root and Seeds of Greengram (*Vigna radiata* L.). *International Journal of Pure & Applied Bioscience*, 7(4), 319–328. <https://doi.org/10.18782/2320-7051.7737>
- Chao, S. H., Huang, H. Y., Chang, C. H., Yang, C. H., Cheng, W. S., Kang, Y. H., Watanabe, K., & Tsai, Y. C. (2013). Microbial Diversity Analysis of Fermented Mung Beans (Lu-Doh-Huang) by Using Pyrosequencing and Culture Methods. *PLoS ONE*, 8(5). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0063816>
- Christensen, C. M. (1972). Microflora and Seed Deterioration. In *Viability of Seeds* (pp. 59–93). https://doi.org/10.1007/978-94-009-5685-8_3
- Debaeke, P., Pellerin, S., & Scopel, E. (2017). Climate-smart cropping systems for temperate and tropical agriculture: mitigation, adaptation and trade-offs. *Cahiers Agricultures*, 26. <https://doi.org/10.1051/cagri/2017028>
- Ekafitri, R., & Isworo, R. (2014). Pemanfaatan Kacang-Kacangan sebagai Bahan Baku Sumber Protein Untuk Pangan Darurat. *Pangan*, 23(2), 134–145. <https://doi.org/https://doi.org/10.33964/jp.v23i2.57>
- Fallo, G., Sine, Y., & Tael, O. (2021). Isolasi dan karakterisasi Bakteri Asam Laktat pada air rendaman kacang tunggak (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) berpotensi sebagai penghasil antibiotik berasal dari kota Eban Kabupaten Timor Tengah Utara-Nusa Tenggara Timor, Air bersih, Jurnal Pendidik. *Jurnal Pendidikan Biologi Undiksha*, 8(3), 161–169. <https://doi.org/https://ejournal.undiksha.ac.id/index.php/JJPB/article/view/38438>
- Jovanovic, J., Ornelis, V. F. M., Madder, A., & Rajkovic, A. (2021). *Bacillus cereus* food intoxication and toxicoinfection. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 20(4), 3719–3761. <https://doi.org/10.1111/1541-4337.12785>
- Kloh, F., Japhet, A., & Muhamba, G. (2024). Meta-analysis of legumes and groundnut production trends and variability in the Global South. *Journal of Agriculture and Food Research*, 18(October), 101501. <https://doi.org/10.1016/j.jafr.2024.101501>
- Nout, M. J. R., & Kiers, J. L. (2005). Tempe fermentation, innovation and

- functionality: Update into the third millenium Tempe fermentation , innovation and functionality: update into the third millenium. *Journal of Applied Microbiology*, 98, 789–805. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.2004.02471.x>
- Odeku, O. A., Ogunniyi, Q. A., Ogbole, O. O., & Fettke, J. (2024). Forgotten Gems: Exploring the Untapped Benefits of Underutilized Legumes in Agriculture, Nutrition, and Environmental Sustainability. In *Plants* (Vol. 13, Number 9, pp. 1–17). <https://doi.org/10.3390/plants13091208>
- Osogo, A. K., Muyekho, F., Were, H., & Okoth, P. (2025). Deciphering common bean (*Phaseolus Vulgaris* L.) microbiome assemblages reveal mechanistic insights into host-pathogen-microbiome interactions. *Genomics*, 117(4). <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2025.111064>
- Pande, A., Paliwal, J., Jian, F., & Bakker, M. G. (2025). Mechanisms and application of mycotoxin decontamination techniques in stored grains. *Journal of Stored Products Research*, 111(November 2024), 102486. <https://doi.org/10.1016/j.jspr.2024.102486>
- Pognner, C. E., Antunes, C., Apangu, G. P., Bruffaerts, N., Celenk, S., Cristofori, A., González Roldán, N., Grinn-Gofroń, A., Lara, B., Lika, M., Magyar, D., Martinez-Bracero, M., Muggia, L., Muyschondt, B., O'Connor, D., Pallavicini, A., Marchã Penha, M. A., Pérez-Badia, R., Ribeiro, H., ... Ambelas Skjøth, C. (2024). Airborne DNA: State of the art – Established methods and missing pieces in the molecular genetic detection of airborne microorganisms, viruses and plant particles. *Science of the Total Environment*, 957(November). <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.177439>
- Sevina Yushinta Anjani, Bagus Setiawan, & Sofi Ayu Nur Martasari. (2024). Dampak Perubahan Iklim Terhadap Ketahanan Pangan Di Indonesia. *Jurnal Pendidikan Dan Ilmu Sosial (Jupendis)*, 2(3), 46–55. <https://doi.org/10.54066/jupendis.v2i3.1850>
- Siddiqui, S. A., Erol, Z., Rugji, J., Taşçı, F., Kahraman, H. A., Toppi, V., Musa, L., Di Giacinto, G., Bahmid, N. A., Mehdizadeh, M., & Castro-Muñoz, R. (2023). An overview of fermentation in the food industry - looking back from a new perspective. *Bioresources and Bioprocessing*, 10(1). <https://doi.org/10.1186/s40643-023-00702-y>
- Sine, Y., Widiyanto, D., Purwestri, Y. A., Lee, B. H., & Widodo, W. (2024). Metagenomic analysis of bacterial diversity in pigeon pea after soaking in water. *Indonesian Journal of Biotechnology*, 29(3), 149–159. <https://doi.org/10.22146/ijbiotech.94293>
- Su, C., Lei, L., Duan, Y., Zhang, K. Q., & Yang, J. (2012). Culture-independent methods for studying environmental microorganisms: Methods, application, and perspective. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 93(3), 993–1003. <https://doi.org/10.1007/s00253-011-3800-7>
- Szabo, B., Toth, B., Toldine, E. T., Varga, M., Kovacs, N., Varga, J., Kocsube, S., Palagyi, A., Bagi, F., Budakov, D., Stojšin, V., Lazić, S., Bodroža-Solarov, M., Čolović, R., Bekavac, G., Purar, B., Jocković, D., & Mesterházy, A. (2018). A new concept to secure food safety standards against *Fusarium* species and *Aspergillus Flavus* and their toxins in Maize. *Toxins*, 10(9). <https://doi.org/10.3390/toxins10090372>
- Tope, A. K. (2013). Microbiological and Nutrient Studies of Fermented Cooked Lima Bean (*Phaseolus Lunatus*) Seeds. *Global Journal of Biology, Agriculture & Health Sciences*, 2(2), 94–101. <https://doi.org/https://www.walshmedicalmedia.com/abstract/microbiological-and-nutrient-studies-of-fermented-cooked-lima-bean-phaseolus-lunatus-seeds-1947.html>
- Wokoma, E. C. ;, & Aziagba, G. C. (2001). Microbiological, Physical and Nutritive Changes Occuring During the Natural Fermentation of African Yam Bean (*Sphenostylis stenocarpa* Harms) Into Dawa Dawa. In *Global Journal of Pure and Applied Sciences* (Vol. 7, Number 2, pp. 219–224).

- <https://www.inasp.org.uk/ajol/journals/gjpas/vol7no2.html>
- Xu, C., & Yu, H. (2021). Insights into constructing a stable and efficient microbial consortium. *Chinese Journal of Chemical Engineering*, 30, 112–120. <https://doi.org/10.1016/j.cjche.2020.12.012>
- Yarlina, V. P., Andoyo, R., Djali, M., & Lani, M. N. (2022). Metagenomic Analysis for Indigenous Microbial Diversity in Soaking Process of Making Tempeh Jack Beans (*Canavalia Ensiformis*). *Current Research in Nutrition and Food Science*, 10(2), 620–632. <https://doi.org/10.12944/CRNFSJ.10.2.18>