

ANÁLISE METABOLÔMICA DO CAJUEIRO SOB DIFERENTES CICLOS DE DÉFICIT HÍDRICO

Igor Rafael Sousa Costa¹; Francisco Lucas Pacheco Cavalcante²; Danilo de Menezes Daloso³; Humberto Henrique de Carvalho³; Raysa Mayara de Jesus Sousa⁴

RESUMO: *Anacardium occidentale* é uma espécie resiliente cultivada nas regiões semiáridas do Nordeste brasileiro associadas a condições típicas de estresse severo, como déficit hídrico, que agravam o comprometimento da fotossíntese e a perda de produtividade. Ajustes metabólicos e fisiológicos permitem que as plantas resistam a estresses abióticos e se aclimatem durante períodos de estresse ambiental. O objetivo deste estudo foi compreender os mecanismos que impulsionam a aclimação a ciclos de seca e identificar marcadores bioquímicos de estresse. Plantas de cajueiro das cultivares BRS226 e CCP09 foram submetidas a um (WD1) ou dois (WD2) ciclos de déficit hídrico (WD). Cada ciclo correspondeu a 12 dias de suspensão de água, seguidos por 4 dias de recuperação (REC). Nas trocas gasosas, as plantas BRS226 apresentaram maiores taxas de fotossíntese (A), condutância estomática (g_s) e transpiração (E) do que as CCP09. Em seguida, nas análises metabolômicas de componentes principais (PCA) indicou que as plantas BRS226 WD1 e WD2 foram separadas das plantas irrigadas. Isso pode estar ligado à manutenção do metabolismo energético após dois ciclos de seca, uma vez que o perfil das plantas recuperadas foi influenciado por açúcares como manose, sacarose, frutose e sorbose. Em contraste, não houve separação clara entre WW, REC e WD1, e entre plantas WD2 e REC no genótipo CCP09. Esses resultados sugerem que a plasticidade metabólica das plantas BRS226 é maior do que a das plantas CCP09 em resposta à WD, oferecendo novos insights sobre os ajustes metabólicos que ocorrem em cajueiros em resposta a ciclos de seca.

PALAVRAS-CHAVE: Trocas gasosas; Perfil metabólico; Análise de Componentes Principais (PCA).

¹ Aluno de Doutorado, Depto de Bioquímica e Biologia Molecular, UFC – Campus do Pici- BL 907, CEP 60020-181, Fortaleza, CE. Fone: (85) 3366.9817. e-mail: igorrafaelscosta@gmail.com.

² Aluno Doutorado, Depto de Bioquímica e Biologia Molecular, UFC, Fortaleza, CE.

³ Prof.Doutor, Depto de Bioquímica e Biologia Molecular, UFC, Fortaleza, CE.

⁴ Dra Pesquisadora, Depto de Bioquímica e Biologia Molecular, UFC, Fortaleza, CE.

METABOLOMIC ANALYSIS OF CASHEW TREE UNDER DIFFERENT CYCLES WATER DEFICIT

ABSTRACT: *Anacardium occidentale* is a resilient species cultivated in the semiarid regions of northeastern Brazil associated with typical severe stress conditions, such as water deficit, which aggravate the impairment of photosynthesis and loss of productivity. Metabolic and physiological adjustments allow plants to resist abiotic stresses and acclimate during periods of environmental stress. The objective of this study was to understand the mechanisms that drive acclimation to drought cycles and to identify biochemical markers of stress. Cashew plants of cultivars BRS226 and CCP09 were subjected to one (WD1) or two (WD2) cycles of water deficit (WD). Each cycle corresponded to 12 days of water suspension, followed by 4 days of recovery (REC). In gas exchange, BRS226 plants showed higher rates of photosynthesis (A), stomatal conductance (g_s) and transpiration (E) than CCP09. Next, principal component analysis (PCA) indicated that BRS226 WD1 and WD2 plants were separated from irrigated plants. This may be linked to the maintenance of energy metabolism after two drought cycles, since the profile of recovered plants was influenced by sugars such as mannose, sucrose, fructose and sorbose. In contrast, there was no clear separation between WW, REC and WD1, and between WD2 and REC plants in the CCP09 genotype. These results suggest that the metabolic plasticity of BRS226 plants is greater than that of CCP09 plants in response to WD, offering new insights into the metabolic adjustments that occur in cashew trees in response to drought cycles.

KEYWORDS: Gas exchange; Metabolic profile; Principal Component Analysis (PCA).

INTRODUÇÃO

Compreender os mecanismos que regulam as respostas das plantas aos estresses ambientais é chave para o desenvolvimento de novas estratégias para melhorar o rendimento de culturas agrícolas e a tolerância ao estresse (Gago et al., 2017). No que se refere ao déficit hídrico, as plantas respondem ao estresse integrando respostas muito diversas e mecanismos adaptativos nos níveis fisiológico e moleculares, mas diferentes espécies de plantas ou genótipos dentro de uma espécie geralmente apresentam grandes variações na utilização desses mecanismos (Fang; Xiong, 2015). Muitas dessas plantas estudadas, como *Arabidopsis*, arroz e soja, podem não refletir os mecanismos de tolerância e resistência fidedignos a sua condição,

pois são sensíveis à seca. Mas funcionam como modelo de prospecção para serem comparados com outras espécies e seus diferentes graus de sensibilidade. Além disso, em plantas não-modelo, e especialmente em espécies arbóreas adaptadas a regiões semiáridas, como o cajueiro, os mecanismos envolvidos moleculares na concessão de tolerância à seca são pouco explorados e começaram recentemente a serem relatados por meio do transcriptoma (Capelari et al., 2021).

O cajueiro (*Anacardium occidentale* L.) é uma espécie nativa do semiárido, considerado uma identidade do Nordeste brasileiro de grande importância cultural e econômica. Plantas de cajueiro apresentam bom desenvolvimento quando cultivadas em locais que apresentam restrição hídrica, alta salinidade e temperatura (Ferreira-Silva et al., 2008, 2011). Por esta razão, uma melhor compreensão das consequências do déficit hídrico e estratégias adaptativas em espécies naturais adaptadas à seca torna-se de grande importância para melhorar a produtividade agrícola em regiões semiáridas. Evidências moleculares indicam uma relação entre a seca e memória do estresse (Auler et al., 2021), em que ciclos desse estresse podem induzir mecanismos epigenéticos e ajustes em rotas metabólicas primárias ou secundárias que contribuem para a resiliência e desenvolvimento do cajueiro.

Este trabalho teve como objetivo avaliar as alterações do metabolismo primário identificando marcadores de memória em resposta aos ciclos de suspensão da rega e recuperação de plantas de cajueiro sob condições impostas em casa de vegetação de forma a entender a resiliência do cajueiro a seca. Neste sentido, este trabalho usou uma abordagem metabolômica não direcionada integrando dados oriundos das alterações fisiológicas (trocas gasosas) e do metabolismo primário avaliando as alterações bioquímicas em plantas de cajueiro sob ciclos de déficit hídrico em condições de casa de vegetação. Essas respostas ajudaram com o nosso conhecimento sobre a plasticidade dessas plantas sob diferentes condições hídricas.

MATERIAL E MÉTODOS

Clones da espécie *Anacardium occidentale*, dos genótipos BRS226 e CCP09, foram obtidos junto à Embrapa Agroindústria Tropical. As plantas foram cultivadas em vasos de 5 L contendo uma mistura de areia e vermiculita, na proporção de 1/1 sendo irrigados regularmente com água dessalinizada e solução nutritiva de Hoagland (Hoagland; Arnon, 1950) uma vez por semana. Os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação do Laboratório de Fisiologia Vegetal (LabFive) no Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular da Universidade Federal do Ceará. Após 60 dias do estabelecimento das mudas nos vasos, foram divididas em

grupos de ciclos de estresse: grupo irrigado (WW), grupos com déficit hídrico (WD1) que passou por 1 ciclo, compreendendo 12 dias de seca seguidos por 4 dias de recuperação (REC1) e o grupo WD2 passou por 2 ciclos sendo 12 dias de seca, 4 dias de recuperação (REC2) por duas vezes. Para as trocas gasosas utilizou-se um analisador de gases infravermelho Li-6400XT, LI-COR (Lima et al., 2019-) no período de 8 – 12h do curso diário. A intensidade de luz foi mantida a $1000 \mu\text{mol f\u00f3tons m}^{-2} \text{s}^{-1}$, a $25 \text{ }^\circ\text{C}$, variando a concentração de CO_2 ambiente de 50 a 1500 ppm. A taxa fotossint\u00e9tica l\u00edquida (A , $\mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$), condut\u00e2ncia estom\u00e1tica (g_s , $\text{mol m}^{-2} \text{ s}^{-1}$), e transpira\u00e7\u00e3o (E , $\text{mmol m}^{-2} \text{ s}^{-1}$) foram estimadas. Para an\u00e1lise metabol\u00f4mica as amostras foram extra\u00eddas, derivatizadas e injetadas no cromat\u00f3grafo a g\u00e1s associado a espectrometria de massas (GC/MS) de acordo com Lisec et al., 2006. Os metab\u00f3litos foram identificados com base na compara\u00e7\u00e3o de seus tempos de reten\u00e7\u00e3o e padr\u00f5es de fragmenta\u00e7\u00e3o com uma biblioteca de padr\u00f5es de fragmenta\u00e7\u00e3o do banco de dados da NIST (*National Institute of Standards and Technology*) e por uma biblioteca de identifica\u00e7\u00e3o interna constru\u00edda pelo do grupo de pesquisa. Diferen\u00e7as significativas ao longo do tempo foram determinadas usando an\u00e1lise de vari\u00e2ncia (ANOVA) e teste de Tukey ($p < 0.05$). Para a an\u00e1lise metab\u00f3lica, os arquivos foram processados no servidor MetaboAnalyst 6.0, em as an\u00e1lises de PCA (Principal Component Analysis) foram realizadas afim de diferenciar os gen\u00f3tipos e os tratamentos a n\u00edvel metab\u00f3lico (Xia; Wishart, 2011).

RESULTADOS

Nas an\u00e1lises de trocas gasosas, as plantas BRS226 apresentaram uma melhor recupera\u00e7\u00e3o no segundo ciclo, WD2 (Figura 1). Nas Figuras 1A e 1E as taxas de fotoss\u00edntese e transpira\u00e7\u00e3o, respectivamente, foram maiores nas plantas recuperadas em rela\u00e7\u00e3o ao controle (WW) do mesmo dia. A condut\u00e2ncia estom\u00e1tica (Figura 1C) manteve-se igual aos controles, n\u00e3o impedindo a recupera\u00e7\u00e3o em rela\u00e7\u00e3o a ambos os ciclos. Em contraste, o gen\u00f3tipo CCP09 n\u00e3o apresentou diferen\u00e7as nas taxas de fotoss\u00edntese (Figura 1 B), transpira\u00e7\u00e3o (Figura 1D) e condut\u00e2ncia (Figura 1F) nos per\u00edodos de recupera\u00e7\u00e3o comparados ao controle dos respectivos ciclos. Esse comportamento, corrobora com os dados metabol\u00f4micos (Figura 2). Um total de 58 e 62 metab\u00f3litos foram identificados em BRS226 e CCP09, respectivamente. Na an\u00e1lise de componentes principais (PCA) – biplot, as plantas BRS226 WD1 e WD2 foram completamente separadas das plantas irrigadas, mas na recupera\u00e7\u00e3o WD1_REC e WD2_REC vemos a sobreposi\u00e7\u00e3o desses grupos em rela\u00e7\u00e3o aos controles dos respectivos ciclos. O CCP09, no

gráfico PCA – biplot (Figura 2 B), há parcial sobreposição dos grupos WD1 e WD1_REC e total sobreposição do WD2 com sua respectiva recuperação WD2_REC.

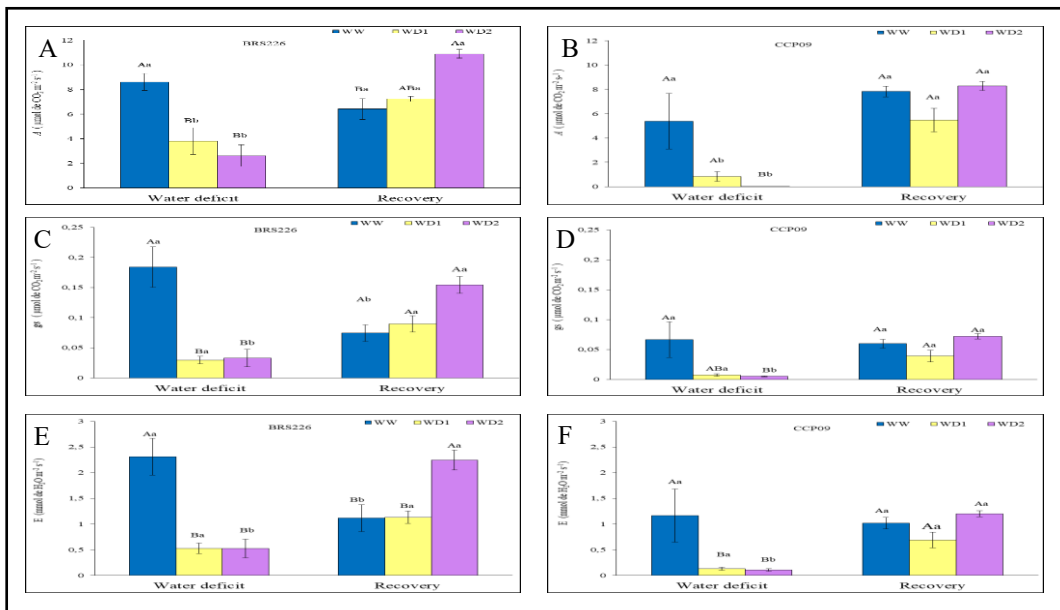


Figura 1. Trocas gasosas em folhas de cajueiro: fotossíntese (A), condutância (gs) e transpiração (E) sob ciclos e déficit hídrico seguidos de recuperação. Os gráficos A C e E referem-se ao genótipo BRS226 e os B, D e F aos CCP09. Letras maiúsculas compram os tratamentos diferentes no mesmo dia e letras minúsculas compram o mesmo tratamento em dias diferentes pelo Teste de Tukey ($p < 0,05$).

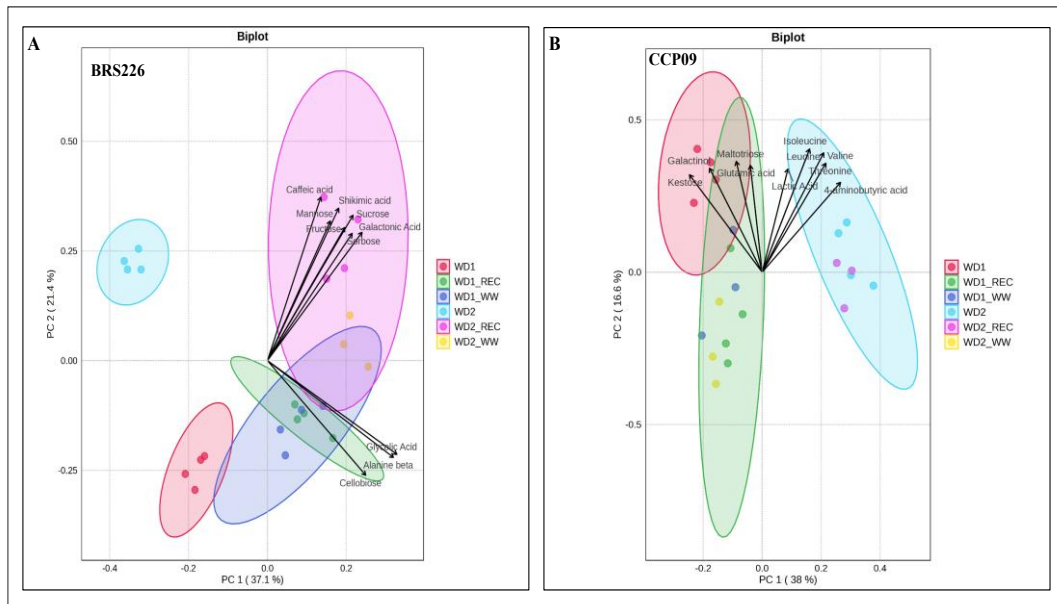


Figura 2. BiPlot do PCA das folhas dos genótipos de cajueiro referente ao BRS226 e CCP09. Os componentes principais (PC1 e PC2) explicaram juntos 57,8% e 53,13 % da variância total respectivamente ao BR226 e CCP09. As setas indicam os metabólitos correlacionados a cada grupo tratado mostrando as separações e sobreposições, sugerindo que estão associados às alterações metabólicas decorrentes dos ciclos de déficit hídrico e genótipo.

DISCUSSÃO

As plantas variam as estratégias para suportar regimes de seca. O fechamento estomático, diminuição da fotossíntese e transpiração são algumas medidas fisiológicas das plantas afim de atenuar os efeitos do déficit hídrico (Capelari et al., 2021). Isso promove uma mudança no metabolismo, visto que afeta diretamente a capacidade fotossintética da planta. Mesmo o cajueiro sendo tipicamente de regiões semiáridas, e tendo desenvolvida mecanismos, fisiológicos, moleculares e características genéticas que ajudam a superar condições adversas, espécies de cajueiro reagem diferentes quando expostas a ciclos de déficit hídrico (Blaikie et al., 1998; Ferreira-Silva et al., 2011). Podemos ver na Figura 1, quando o BRS226 mostra maiores taxas de fotossíntese, condutância e transpiração nos períodos de recuperação destacando-se o WD2_REC. Esse comportamento corrobora com o comportamento adaptado em ambientes de clima quente e a baixa precipitação do BRS226. Já o CCP09 mesmo apresentando taxas menores, ele recupera seu estado ao nível dos seus controles dos respectivos ciclos de déficit hídrico, respondendo a reidratação (Bezerra et al., 2007; Hawerth et al., 2020; Serrano & Pessoa, 2016).

A nível de metabolismo (Figura 2A), a separação do PCA – biplot do BRS226 no WD1 é devido a presença dos açúcares solúveis sacarose, frutose, manose e sorbose indicando um acúmulo desses osmólitos. Estes podem ajudar a planta a manter o potencial hídrico celular, viabilizar carbono/energia e redirecionar vias glicolíticas por interconversões entre açúcares (Kumar et al., 2021; Sami et al., 2016). A presença do ácido chiquímico e caféico sugere uma ativação da biossíntese de compostos antioxidantes para atenuar os efeitos de espécies reativas de oxigênio (ROS) aumentadas em respostas aos ciclos de déficit hídrico (Lu et al., 2022; Zafar-Ul-hye et al., 2021). Durante as fases reidratação, após os ciclos de déficit hídrico, verificou-se a presença de ácido glicólico, beta-alanina e celobiose, que contribuíram para a separação dos grupos, apresentando-se sobrepostos aos controles de seus respectivos tratamentos. Esses compostos possivelmente indiquem ajustes metabólicos pós déficit hídrico, incluindo recuperação de rotas fotorespiratórias (ácido glicólico), modulação do metabolismo de aminoácidos (beta-alanina) e mobilização de carboidratos estruturais (celobiose), favorecendo a retomada das funções fisiológicas basais (Ferne; Schauer, 2009; Sharma et al., 2019). Isso demonstra a capacidade a nível metabólico do BRS226 de se restabelecer mesmo após ciclos de déficit hídrico. O CCP09 (Figura 2B) apresentou, no PCA – biplot, separação entre os tratamentos de ciclos de déficit hídrico, atribuída à maior presença de galactinol, maltotriose e kestose — açúcares envolvidos na osmoproteção, estabilização de membranas e manutenção

da homeostase sob estresses abióticos (Nishizawa; Yabuta; Shigeoka, 2008; Taji et al., 2002). A presença concomitante de ácido glutâmico, aminoácido chave no metabolismo do nitrogênio e na síntese de compostos osmoprotetores, reforça essa adaptação inicial (Chapman et al., 2022). Tal resposta metabólica foi particularmente evidente na recuperação observada na primeira semana, refletida pela sobreposição dos grupos WD1_REC, WD1_WW e WD2_WW. Por outro lado, a presença maior de aminoácidos isoleucina, leucina, valina e treonina acompanhados de ácidos láctico e 4-aminobutírico promovendo uma sobreposição do WD2 e WD2_REC. Os aminoácidos refletem o alto custo energético de adaptação a múltiplos ciclos de déficit hídrico (Batista-Silva et al., 2019), sugerindo uma redução da plasticidade metabólica do CCP09 no segundo ciclo. Adicionalmente, a presença de ácido láctico sugere a ativação acelerada da via glicolítica para atender à demanda energética da recuperação pós-ciclos — um padrão comumente observado em plantas reidratadas (Szablińska-Piernik; Lahuta, 2023; Wedeking et al., 2018). Sendo assim, a capacidade adaptativa para se restabelecer após ciclos de restrição hídrica do CCP09 mostra-se menor do que BRS226 quando se refere a mais de um ciclo de suspensão de rega.

CONCLUSÃO

A integração dos dados fisiológicos e metabolômicos evidencia que o genótipo BRS 226 apresenta maior resiliência a múltiplos ciclos de déficit hídrico, resultado de uma recuperação mais rápida das trocas gasosas e da ativação coordenada de rotas associadas à osmoproteção, ao controle redox e à manutenção da homeostase energética. Essa plasticidade permite ao BRS 226 preservar o desempenho fotossintético e restabelecer o equilíbrio hídrico após a reidratação, configurando-o como candidato promissor para cultivo em regiões sujeitas a secas recorrentes. Em contraste, o CCP09 mostrou-se metabolicamente menos flexível, acumulando metabólitos indicativos de estresse prolongado, como aminoácidos de cadeia ramificada, ácido láctico e 4-aminobutírico, o que sugere maior custo energético e menor eficiência adaptativa frente à repetição de eventos de seca. No geral, esses resultados fornecem novos insights sobre os ajustes metabólicos do cajueiro em resposta a um ou dois ciclos de déficit hídrico, ressaltando o papel da plasticidade metabólica como determinante para a tolerância à seca. Além disso, a caracterização de genótipos contrastantes pode subsidiar programas de melhoramento genético e estratégias de manejo de mudas, visando otimizar o crescimento e a produtividade em condições adversas.

AGRADECIMENTOS

Funcap - Fundação Cearense de Apoio ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico, Secitece – Secretaria da Ciência, Tecnologia e Educação Superior, CAPES - Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, INCTAgriS - Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Agricultura Sustentável no Semiárido Tropical, ForCE Metabolomics.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AULER, Priscila Ariane et al. Drought stress memory in rice guard cells: Proteome changes and genomic stability of DNA. **Plant Physiology and Biochemistry**, [s. l.], v. 169, n. April, p. 49–62, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2021.10.028>.
- BATISTA-SILVA, Willian et al. The role of amino acid metabolism during abiotic stress release. **Plant Cell and Environment**, [s. l.], v. 42, n. 5, p. 1630–1644, 2019.
- BEZERRA, Marlos A. et al. Physiology of cashew plants grown under adverse conditions. **Brazilian Journal of Plant Physiology**, [s. l.], v. 19, n. 4, p. 449–461, 2007.
- BLAIKIE, S. J.; CHACKO, E. K. Sap flow, leaf gas exchange and chlorophyll fluorescence of container-grown cashew (*Anacardium occidentale* L.) trees subjected to repeated cycles of soil drying. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, [s. l.], v. 38, n. 3, p. 305, 1998. Disponível em: <http://www.publish.csiro.au/?paper=EA97144>.
- CAPELARI, F. et al. Transcriptional profiling and physiological responses reveal new insights into drought tolerance in a semiarid adapted species, *Anacardium occidentale*. **Plant Biology**, [s. l.], v. 23, n. 6, p. 1074–1085, 2021.
- CHAPMAN, Cathryn et al. Differential Regulation of Amino Acids and Nitrogen for Drought Tolerance and Poststress Recovery in Creeping Bentgrass. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, [s. l.], v. 147, n. 4, p. 208–215, 2022.
- FANG, Yujie; XIONG, Lizhong. General mechanisms of drought response and their application in drought resistance improvement in plants. **Cellular and Molecular Life Sciences**, [s. l.], v. 72, n. 4, p. 673–689, 2015.
- FERNIE, Alisdair R.; SCHAUER, Nicolas. Metabolomics-assisted breeding: a viable option for crop improvement?. *Trends in Genetics*, [s. l.], v. 25, n. 1, p. 39–48, 2009.

FERREIRA-SILVA, Sérgio L. et al. Changes in physiological indicators associated with salt tolerance in two contrasting cashew rootstocks. **Brazilian Journal of Plant Physiology**, [s. l.], v. 20, n. 1, p. 51–59, 2008.

FERREIRA-SILVA, Sérgio Luiz et al. High temperature positively modulates oxidative protection in salt-stressed cashew plants. **Environmental and Experimental Botany**, [s. l.], v. 74, n. 1, p. 162–170, 2011.

GAGO, Jorge et al. Integrative field scale phenotyping for investigating metabolic components of water stress within a vineyard. **Plant Methods**, [s. l.], v. 13, n. 1, p. 1–14, 2017.

HAWERROTH, Maraisa Crestani et al. Diversidade genética e desempenho agrônômico de híbridos de cajueiro: recursos para o melhoramento genético. **Embrapa Agroindústria Tropical. Comunicado Técnico.**, [s. l.], p. 16, 2020. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/215567/1/CT-2652.pdf>.

HOAGLAND, D. R.; ARNON, D. I. Preparing the nutrient solution. **The Water-Culture Method for Growing Plants without Soil**, [s. l.], v. 347, p. 29–31, 1950.

KUMAR, Manoj et al. Metabolomics and molecular approaches reveal drought stress tolerance in plants. **International Journal of Molecular Sciences**, [s. l.], v. 22, n. 17, 2021.

LIMA, Valéria F. et al. **The sucrose-to-malate ratio correlates with the faster CO₂ and light stomatal responses of angiosperms compared to ferns.** [S. l.: s. n.], 2019-. ISSN 14698137.v. 223

LISEC, Jan et al. Gas chromatography mass spectrometry-based metabolite profiling in plants. **Nature Protocols**, [s. l.], v. 1, n. 1, p. 387–396, 2006.

LU, Xuerui et al. The shikimate pathway regulates programmed cell death. **Journal of Genetics and Genomics**, [s. l.], v. 49, n. 10, p. 943–951, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.jgg.2022.02.001>.

NISHIZAWA, Ayako; YABUTA, Yukinori; SHIGEOKA, Shigeru. Galactinol and raffinose constitute a novel function to protect plants from oxidative damage. **Plant Physiology**, [s. l.], v. 147, n. 3, p. 1251–1263, 2008.

SAMI, Fareen et al. Role of sugars under abiotic stress. **Plant Physiology and Biochemistry**, [s. l.], v. 109, p. 54–61, 2016. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.plaphy.2016.09.005>.

SERRANO, Luiz A. L.; PESSOA, Pedro F. A. P. Sistema de Produção do Caju Aspectos econômicos da cultura do cajueiro. **Embrapa**, [s. l.], n. 2, p. 1–193, 2016. Disponível em: https://www.spo.cnptia.embrapa.br/conteudo?p_p_id=conteudoportlet_WAR_sistemasdeproducao6_1galceportlet&p_p_lifecycle=0&p_p_state=normal&p_p_mode=view&p_p_col_id=column-2&p_p_col_count=1&p_r_p_-76293187_sistemaProducaoId=7705&p_r_p_-996514994_topicoId=1.

SHARMA, Anket et al. Response of phenylpropanoid pathway and the role of polyphenols in plants under abiotic stress. **Molecules**, [s. l.], v. 24, n. 13, p. 1–22, 2019.

SZABLIŃSKA-PIERNIK, Joanna; LAHUTA, Lesław Bernard. Polar Metabolites Profiling of Wheat Shoots (*Triticum aestivum* L.) under Repeated Short-Term Soil Drought and Rewatering. **International Journal of Molecular Sciences**, [s. l.], v. 24, n. 9, 2023.

TAJI, Teruaki et al. Important roles of drought- and cold-inducible genes for galactinol synthase in stress tolerance in *Arabidopsis thaliana*. **Plant Journal**, [s. l.], v. 29, n. 4, p. 417–426, 2002.

WEDEKING, Rita et al. 1H-NMR metabolomic profiling reveals a distinct metabolic recovery response in shoots and roots of temporarily drought-stressed sugar beets. **PLoS ONE**, [s. l.], v. 13, n. 5, p. 1–21, 2018.

XIA, Jianguo; WISHART, David S. Web-based inference of biological patterns, functions and pathways from metabolomic data using MetaboAnalyst. **Nature Protocols**, [s. l.], v. 6, n. 6, p. 743–760, 2011.

ZAFAR-UL-HYE, Muhammad et al. Rhizobacteria inoculation and caffeic acid alleviated drought stress in lentil plants. **Sustainability (Switzerland)**, [s. l.], v. 13, n. 17, p. 1–14, 2021.