

Aktualne trendy w hodowli kapusty głowiastej białej w Europie

dr hab. Piotr Kamiński prof. IO-PIB

Pracownia Genetyki i Hodowli Roślin Warzywnych

Zakład Hodowli Roślin Ogrodniczych, Instytut Ogrodnictwa – PIB

Kapusta głowiasta biała (*Brassica oleracea* var. *capitata* f. *alba*) ma istotne znaczenie jako warzywo krzyżowe spożywane na całym świecie, jest ceniona za swoją przystępność cenową, dostępność i preferencje konsumenckie. Jest znaczącym źródłem fitoskładników, takich jak glukozynolany, polifenole i witaminy, które mają działanie prozdrowotne, w tym przeciwnowotworowe, antyoksydacyjne, przeciwzapalne i kardioprotekcyjne (Šamec et al., 2016). Różnorodność genotypowa kapusty odgrywa istotną rolę z punktu widzenia funkcjonowania rynku, szczególnie w kontekście doboru odmian o określonych cechach morfologicznych i jakościowych, które odpowiadają zróżnicowanym preferencjom regionalnym. Jednocześnie stanowi ona ważny zasób hodowlany umożliwiający zwiększanie odporności roślin na choroby oraz stresy środowiskowe. Takie zróżnicowanie genetyczne stwarza szerokie możliwości selekcji i doskonalenia odmian lepiej dostosowanych zarówno do oczekiwań konsumentów, jak i do zmieniających się wymagań rynkowych (Balkaya et al., 2005, Mohd Saad et al., 2021).

Główne rynki zbytu nasion kapusty głowiastej białej to regiony o rozwiniętym rolnictwie warzywnym o dużej konsumpcji kapusty, m.in. Azja (zwłaszcza Chiny i Indie), Europa oraz Ameryka Północna, przy czym wzrasta także znaczenie jakości i zdrowotności nasion na tych rynkach (Hakalová et al., 2022; Šamec et al., 2016). Globalny rynek nasion kapusty głowiastej białej wykazuje tendencję wzrostową, napędzaną rosnącym popytem na zdrowe warzywa oraz rozwojem upraw pod osłonami. Według prognoz firmy DataIntelto wartość rynku będzie rosła do 2030 roku ze średniorocznym tempem wzrostu na poziomie około 5 procent, co odzwierciedla znaczący wzrost zainteresowania tym segmentem. Hodowcy na całym świecie koncentrują się na opracowywaniu odmian o wysokiej odporności na choroby bakteryjne i grzybowe, tolerancyjnych wobec zmian klimatycznych i susz, a także charakteryzujących się długą trwałością przechowalniczą i jednorodnym plonem. Równolegle obserwuje się wyraźny trend ukierunkowany na produkcję kapusty o podwyższonych cechach użytkowych i właściwościach prozdrowotnych. Kierunek ten jest wspierany przez rozwój biotechnologii oraz zastosowanie metod *in vitro*, które umożliwiają przyspieszenie procesów

hodowlanych i skrócenie czasu wprowadzania nowych odmian do produkcji. W efekcie możliwe jest bardziej dynamiczne reagowanie na zmieniające się potrzeby rynku oraz rosnące wymagania konsumentów (Gerszberg, 2018).

Finansowanie oraz współpraca badawcza odgrywają kluczową rolę we współczesnych programach hodowlanych w sektorze nasion warzyw. Globalne koncerny nasienne, takie jak Syngenta oraz East-West Seed, realizują strategiczne partnerstwa badawczo-rozwojowe ukierunkowane na wspólne opracowywanie odmian o zwiększonej odporności na choroby oraz zdolnych do adaptacji do zróżnicowanych warunków klimatycznych, w tym klimatu tropikalnego (WiseGuyReports). Przykłady tego typu inicjatyw wskazują, że współpraca międzynarodowa oraz funkcjonowanie konsorcjów badawczych stanowią obecnie jeden z fundamentalnych filarów nowoczesnej hodowli roślin, umożliwiając efektywne łączenie wiedzy, infrastruktury badawczej i zasobów finansowych. Równocześnie istotne znaczenie ma wsparcie rynkowe oraz skala inwestycji finansowych przeznaczanych na rozwój sektora nasiennego roślin kapustowatych. Duże przedsiębiorstwa działające na rynku globalnym inwestują miliardy dolarów amerykańskich w badania genetyczne, rozwój narzędzi genomowych oraz tworzenie nowych, wysokowydajnych odmian warzyw (Mordor Intelligence). Globalny rynek hodowli i nasion roślin warzywnych wykazuje stały wzrost, a łączna wartość całej branży nasiennej, obejmującej również segment warzywny, stanowi część rynku szacowanego na dziesiątki miliardów dolarów amerykańskich (DataIntelro). Źródła finansowania tych działań obejmują zarówno własne budżety badawczo-rozwojowe przedsiębiorstw, jak i granty rządowe, międzynarodowe projekty badawcze oraz inwestycje typu venture i strategiczne.

Globalny rynek hodowli kapusty głowiastej białej zdominowany jest przez kilka dużych firm nasiennych, które prowadzą intensywne prace badawczo-hodowlane. Jedną z największych rodzinnych firm nasiennych na świecie z szerokim portfolio odmian warzyw, w tym kapusty jest Rijk Zwaan (Holandia). Firma jest jednym z największych graczy na rynku nasion warzyw, prowadzącym intensywne badania nad nowymi odmianami kapusty, szczególnie w kontekście odporności na choroby i stresy klimatyczne poprzez inwestowanie w zaawansowane technologie hodowlane, takie jak marker-assisted selection (MAS) oraz genomika, koncentracja na tworzeniu odmian o wysokiej odporności na choroby i zmienne

warunki klimatyczne, badania nad cechami zapewniającymi komercyjny sukces, w tym smakiem i wartościami odżywczymi.

Enza Zaden (Holandia) jest jednym z czołowych globalnych hodowców warzyw, prowadzącym działalność w ponad 30 krajach na całym świecie. Firma dysponuje nowoczesnymi programami hodowlanymi oraz szerokim portfolio odmian warzyw, ze szczególnym uwzględnieniem kapusty. W ofercie Enza Zaden znajdują się liczne odmiany hybrydowe, charakteryzujące się wysoką odpornością na choroby oraz dobrą adaptacją do zmiennych warunków klimatycznych, co czyni je atrakcyjnymi dla producentów działających w różnych strefach geograficznych.

Bejo Zaden (Holandia), jest globalnym producentem nasion warzyw, znanym z szerokiej gamy popularnych odmian hybrydowych kapusty. Firma prowadzi działalność w wielu regionach świata i kładzie duży nacisk na ścisłą współpracę z producentami rolnymi, dzięki czemu jej programy hodowlane są dobrze dopasowane do praktycznych potrzeb rynku i lokalnych warunków uprawy.

Syngenta (Szwajcaria) to jeden z największych światowych koncernów nasiennych i biotechnologicznych, posiadający silną pozycję także w segmencie nasion kapusty oraz innych warzyw kapustnych. Firma intensywnie rozwija swoje portfolio odmian, koncentrując się na wysokiej jakości materiału siewnego, wydajności oraz odporności roślin. Strategia badawcza Syngenty opiera się m.in. na realizacji strategicznych partnerstw, których celem jest wspólne tworzenie odmian odpornych na choroby i dobrze przystosowanych do zróżnicowanych warunków klimatycznych. Przykładem takiego podejścia jest współpraca z innymi koncernami, w tym z firmą East-West Seed, ukierunkowana na rozwój odmian dostosowanych do warunków tropikalnych.

Limagrain, znany również poprzez markę Vilmorin, to francuska grupa będąca jednym z wiodących hodowców roślin na świecie. Firma prowadzi intensywne prace hodowlane także w segmencie warzyw, rozwijając odmiany kapusty o podwyższonej odporności na choroby oraz stresy środowiskowe, takie jak susza czy wahania temperatury.

Poza wymienionymi podmiotami na globalnym rynku nasion warzywnych istotną rolę odgrywają również inne duże firmy, takie jak Bayer/Monsanto, Sakata, Takii czy HZPC. Przedsiębiorstwa te oferują własne odmiany kapusty lub uczestniczą we wspólnych projektach badawczo-rozwojowych, koncentrując się na zaawansowanych cechach hodowlanych, w tym wysokiej wydajności, odporności na choroby oraz stabilności plonowania.

Współczesne trendy w hodowli kapusty głowiastej białej koncentrują się na integracji zaawansowanych narzędzi genetycznych, biotechnologicznych oraz tradycyjnych metod, odpowiadając jednocześnie na wyzwania środowiskowe i zmieniające się oczekiwania rynku. Tradycyjnie, hodowla kapusty opiera się na selekcji fenotypowej oraz krzyżowaniu różnych linii i odmian w celu uzyskania cech pożądanых, takich jak odporność na choroby, stresy abiotyczne, kształt i jakość główki czy odporność na szkodniki (Liu et al., 2016). Współczesne metody hodowlane coraz częściej wykorzystują narzędzia molekularne, m.in. markery SSR (microsatellites), które pozwalają na precyzyjną identyfikację i różnicowanie odmian, a także na selekcję markerową cech korzystnych genetycznie (Louarn et al., 2007).

Hodowla odpornościowa jest jednym z kluczowych kierunków w ramach której coraz powszechniej wykorzystuje się markery molekularne oraz mapowanie genetyczne do identyfikacji genów warunkujących odporność na patogeny. Przykładem jest lokalizacja locus *BoDMR2* na chromosomie 7, powiązana z odpornością na mączniaka rzekomego. Rozwijane są także metody mapowania genetycznego i izolacji genów (*BoDMR2*) odpowiedzialnych za odporność na mączniaka prawdziwego (Wu et al., 2024). Istotną rolę odgrywa również analiza oraz selekcja genów odpornościowych z rodziny NBS, w tym genów zawierających domeny TIR, LRR czy RPW8, które uczestniczą w mechanizmach obronnych roślin wobec chorób takich jak czarna zgnilizna (Afrin et al., 2018; Wu et al., 2024). Analizy ekspresji oraz zmienności tych genów umożliwiają opracowanie markerów molekularnych, które służą do efektywnego selekcjonowania odmian odpornych w programach hodowlanych. Trendy w hodowli odpornościowej kapusty głowiastej białej obejmują również badania nad dziedziczeniem chorób takich jak kiła kapusty (*Plasmodiophora brassicae*). Między innymi zidentyfikowano gen *Bol.TNL2* jako kluczowy gen odporności na kiłę kapusty, a jego nadekspresja w modelowych roślinach obniżała objawy choroby, co otwiera perspektywy dla opracowania odmian odpornych przez metody inżynierii genetycznej i tradycyjnego krzyżowania selekcyjnego (Shi et al., 2025). Ponadto, w hodowli kapusty uwzględniane są cechy odporności na stresy abiotyczne w tym odporność na wysokie temperatury oraz suszę które negatywnie wpływają na wydajność i zdrowotność roślin. Zrozumienie tych mechanizmów adaptacyjnych do stresu pozwala na dobór i hodowlę odmian bardziej odpornych na niekorzystne warunki środowiskowe (Antunović Dunić et al., 2023). Analizy ekspresji genów związanych ze stresem cieplnym, takich jak *BoHsp70* i *BoGRAS*, pozwalają na wczesne selekcjonowanie linii

odpornych na takie warunki, co staje się ważnym elementem dostosowywania hodowli do zmian klimatycznych (Park et al., 2013). Ważnym obszarem postępu jest także udoskonalenia w zakresie kultur tkankowych i metod transformacji pozwalające na skrócenie cyklu hodowlanego oraz przewyższenie ograniczeń tradycyjnej hodowli, takich jak długi czas selekcji czy bariery niezgodności płciowej (Gerszberg, 2018). Szczególne znaczenie ma także rozwój systemów męskiej sterylności, w tym identyfikacja dominujących genów (DGMS) *Ms-cd1*, które umożliwiają efektywną produkcję mieszańców i przyczyniają się do zwiększenia plonowania oraz jednorodności materiału roślinnego (Han et al., 2023; Lamichhane et al., 2015).

Trendy rynkowe i preferencje konsumentów mają istotny wpływ na kierunki hodowli. Pożądane cechy w hodowli kapusty białej to: wysoka i stabilna wydajność plonu, odporność na choroby, wartości odżywcze i zdrowotne bioaktywne składniki, korzystne cechy główki (kształt, masa, trwałość) oraz zdolność adaptacji do warunków środowiskowych i efektywne wykorzystanie nawozów (Agati et al., 2015; Liu et al., 2016; Šamec et al., 2016; Wu et al., 2024). Rosnące zainteresowanie żywnością funkcjonalną i prozdrowotną stymuluje rozwój odmian kapusty o zwiększonej zawartości glukozyzolanów, polifenoli oraz witamin. Zróżnicowanie genotypowe odmian dostosowanych do lokalnych warunków środowiskowych, preferencji konsumenckich oraz wymagań rynku pozostaje ważnym elementem strategii hodowlanych (Balkaya et al., 2005). W tym kontekście biotechnologia oraz metody *in vitro* są coraz częściej wykorzystywane do przyspieszania tworzenia nowych odmian odpowiadających dynamicznie zmieniającym się oczekiwaniom konsumentów (Gerszberg, 2018).

Hodowla transgeniczna kapusty głowiastej nie jest popularna w Europie przede wszystkim ze względu na silne obawy społeczne i polityczne dotyczące bezpieczeństwa GMO dla zdrowia ludzi i środowiska. Konsumentów wykazują sceptycyzm wobec produktów GMO, co wynika z braku zaufania i wartości kulturowych związanych z żywnością (Lucht, 2015). Wprowadzenie transgenicznych odmian kapusty głowiastej wiąże się z potencjalnymi zagrożeniami, które obejmują: ryzyko przenikania genów transgenicznych do dzikich lub konwencjonalnych roślin oraz zmiany w ekosystemach; niezamierzone negatywne skutki dla organizmów niebędących celami, takich jak owady zapylające i inne pożyteczne gatunki; zmniejszenie różnorodności biologicznej; rozwój oporności u szkodników na toksyny pochodzące z transgenów; możliwe reakcje alergiczne i toksyczne u konsumentów, choć brak jest jednoznacznych dowodów na

poważne skutki zdrowotne; trudności regulacyjne i nadzorcze; a także negatywny wpływ na lokalne odmiany i tradycyjne metody uprawy (Dale et al., 2002; Kamthan et al., 2016; Stewart et al., 2000; Yaqoob et al., 2016). Z tego względu wprowadzenie odmian transgenicznych wymaga dokładnych ocen ryzyka, monitoringu i odpowiednich regulacji. Regulacje prawne dotyczące upraw transgenicznych różnią się znacznie w różnych krajach i regionach świata, kształtując odmienną akceptację społeczną i wdrażanie tych technologii. W Unii Europejskiej regulacje opierają się przede wszystkim na procesie wytwarzania GMO, a nie na cechach końcowego produktu. Procedura oceny i zatwierdzania jest bardzo rygorystyczna i czasochłonna, co skutkuje ograniczoną liczbą dopuszczonych do upraw GM roślin. Ponadto, niektóre państwa członkowskie UE wprowadziły własne zakazy upraw GMO bez dowodów na zagrożenia dla bezpieczeństwa, co dodatkowo utrudnia rozwój biotechnologii rolniczej w regionie. Równolegle rozwijane są techniki precyzyjnej edycji genomu, zwłaszcza system CRISPR/Cas9, umożliwiające modyfikację określonych genów w celu zwiększenia odporności roślin na patogeny bez konieczności tworzenia transgenicznych roślin, co jest bardziej akceptowalne w kontekście regulacyjnym i rynkowym (Ahmad et al., 2020; Şimşek et al., 2024). Te biotechnologiczne metody są integrowane z tradycyjną hodowlą, zapewniając efektywne wprowadzanie cech takich jak odporność na choroby, stresy środowiskowe, poprawa jakości główek oraz przyspieszenie cyklu hodowlanego, co jest kluczowe w obliczu zmian klimatycznych i rosnących wymagań produkcyjnych (Nguyen, 2004). Dyskusje nad regulacjami dotyczącymi także nowoczesnych technologii, takich jak edycja genomu, wciąż trwają (Halford, 2018; Lucht, 2015). Techniki CRISPR-Cas i podobne mają przewagę nad metodami transgenicznymi dzięki precyzji, szybkości, efektywności, możliwości tworzenia roślin bez obcego DNA oraz prostocie stosowania, co znacząco przyspiesza i ułatwia hodowlę kapusty o pożądanых cechach (Adane & Alamnie, 2024; Lee et al., 2023; Wang et al., 2022).

Literatura

Adane, M., & Alamnie, G. (2024). CRISPR/Cas9 mediated genome editing for crop improvement against Abiotic stresses: current trends and prospects. *Functional & Integrative Genomics*, 24(6). <https://doi.org/10.1007/s10142-024-01480-2>

Afrin, K. S., Rahim, M. A., Park, J.-I., Natarajan, S., Kim, H.-T., & Nou, I.-S. (2018). Identification of NBS-encoding genes linked to black rot resistance in cabbage (*Brassica oleracea* var. *capitata*). *Molecular Biology Reports*, 45(5), 773–785. <https://doi.org/10.1007/s11033-018-4217-5>

- Agati, G., Grzegorzewska, M., Bartoszek, A., Kowalski, A., Chmiel, T., Kusznierevicz, B., Tuccio, L., Kaniszewski, S., & Kosson, R. (2015). Nondestructive Optical Sensing of Flavonols and Chlorophyll in White Head Cabbage (*Brassica oleracea* L. var. *capitata* subvar. *alba*) Grown under Different Nitrogen Regimens. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 64(1), 85–94. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.5b04962>
- Ahmad S., Wei X., Sheng Z., Hu P., Tang S. (2020) CRISPR/Cas9 for development of disease resistance in plants: recent progress, limitations and future prospects. *Briefings in Functional Genomics*, 00(00), 2020, 1–14, doi: 10.1093/bfpg/elz041
- Antunović Dunić, J., Lepeduš, H., Salopek-Sondi, B., Mlinarić, S., & Pavlović, I. (2023). Comparative Analysis of Primary Photosynthetic Reactions Assessed by OJIP Kinetics in Three Brassica Crops after Drought and Recovery. *Applied Sciences*, 13(5), 3078. <https://doi.org/10.3390/app13053078>
- Balkaya, A., Yanmaz, R., Apaydin, A., & Kar, H. (2005). Morphological characterisation of white head cabbage (*Brassica oleracea* var. *capitata* subvar. *alba*) genotypes in Turkey. *New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science*, 33(4), 333–341. <https://doi.org/10.1080/01140671.2005.9514367>
- Dale, P. J., Fontes, E. M. G., & Clarke, B. (2002). Potential for the environmental impact of transgenic crops. *Nature Biotechnology*, 20(6), 567–574. <https://doi.org/10.1038/nbt0602-567>
- Gerszberg, A. (2018). Tissue culture and genetic transformation of cabbage (*Brassica oleracea* var. *capitata*): an overview. *Planta*, 248(5), 1037–1048. <https://doi.org/10.1007/s00425-018-2961-3>
- Hakalová, E., Čechová, J., Tekielska, D. A., Eichmeier, A., & Pothier, J. F. (2022). Combined effect of thyme and clove phenolic compounds on *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* and biocontrol of black rot disease on cabbage seeds. *Frontiers in Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1007988>
- Halford, N. G. (2018). Legislation governing genetically modified and genome-edited crops in Europe: the need for change. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 99(1), 8–12. <https://doi.org/10.1002/jsfa.9227>
- Han, F., Yuan, K., Sun, W., Zhang, X., Liu, X., Zhao, X., Yang, L., Wang, Y., Ji, J., Liu, Y., Li, Z., Zhang, J., Zhang, C., Huang, S., Zhang, Y., Fang, Z., & Lv, H. (2023). A natural mutation in the promoter of *Ms-cd1* causes dominant male sterility in *Brassica oleracea*. *Nature Communications*, 14(1). <https://doi.org/10.1038/s41467-023-41916-0>
- Kamthan, A., Chaudhuri, A., Datta, A., & Kamthan, M. (2016). Genetically modified (GM) crops: milestones and new advances in crop improvement. *Theoretical and Applied Genetics*, 129(9), 1639–1655. <https://doi.org/10.1007/s00122-016-2747-6>
- Lamichhane, J. R., Kudsk, P., Messéan, A., & Dachbrodt-Saaydeh, S. (2015). Toward a Reduced Reliance on Conventional Pesticides in European Agriculture. *Plant Disease*, 100(1), 10–24. <https://doi.org/10.1094/pdis-05-15-0574-fe>
- Lee, Y.-R., Siddique, M. I., Kim, D.-S., Lee, E. S., Han, K., Kim, S.-G., & Lee, H.-E. (2023). CRISPR/Cas9-mediated gene editing to confer turnip mosaic virus (TuMV) resistance in Chinese cabbage (*Brassica rapa*). *Horticulture Research*, 10(6). <https://doi.org/10.1093/hr/uhad078>
- Liu, X.-P., Yang, C., Fang, Z.-Y., Liu, Y.-M., Li, Z.-S., Yang, L.-M., Zhang, Y.-Y., Han, F.-Q., Lv, H.-H., & Zhuang, M. (2016). Genetics and fine mapping of a yellow-green leaf gene (*ygl-1*) in cabbage (*Brassica oleracea* var. *capitata* L.). *Molecular Breeding*, 36(6). <https://doi.org/10.1007/s11032-016-0509-4>

- Louarn, S., Torp, A. M., Jensen, B. D., Andersen, S. B., & Holme, I. B. (2007). Database derived microsatellite markers (SSRs) for cultivar differentiation in *Brassica oleracea*. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 54(8), 1717–1725. <https://doi.org/10.1007/s10722-006-9181-6>
- Lucht, J. M. (2015). Public Acceptance of Plant Biotechnology and GM Crops. *Viruses*, 7(8), 4254–4281. <https://doi.org/10.3390/v7082819>
- Mohd Saad, N. S., Severn-Ellis, A. A., Pradhan, A., Edwards, D., & Batley, J. (2021). Genomics Armed With Diversity Leads the Way in Brassica Improvement in a Changing Global Environment. *Frontiers in Genetics*, 12. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.600789>
- Nguyen, H. T. (2004). *Physiology and Biotechnology Integration for Plant Breeding* (Issue 1). Crc. <https://doi.org/10.1201/9780203022030>
- Park, H. J., Jung, W. Y., Lee, S. S., Song, J. H., Kwon, S.-Y., Kim, H., Kim, C., Ahn, J. C., & Cho, H. S. (2013). Use of Heat Stress Responsive Gene Expression Levels for Early Selection of Heat Tolerant Cabbage (*Brassica oleracea* L.). *International Journal of Molecular Sciences*, 14(6), 11871–11894. <https://doi.org/10.3390/ijms140611871>
- Šamec, D., Salopek-Sondi, B., & Pavlović, I. (2016). White cabbage (*Brassica oleracea* var. capitata f. alba): botanical, phytochemical and pharmacological overview. *Phytochemistry Reviews*, 16(1), 117–135. <https://doi.org/10.1007/s11101-016-9454-4>
- Shi, Y., Xu, K., Zhao, F., Bao, S., Wang, K., Zheng, L., Lu, M., Sun, W., Li, X., Xu, A., Sha, H., Zhang, T., Wu, J., Liu, S., Li, K., & Huang, Z. (2025). Identification and characterization of Bol.TNL2, a key clubroot resistance gene from cabbage, in *Arabidopsis* and *Brassica napus* L. *Horticulture Research*, 12(11). <https://doi.org/10.1093/hr/uhaf208>
- Şimşek, Ö., Dalda Şekerci, A., Dönmez, D., Kaçar, Y. A., Isak, M. A., & İzgü, T. (2024). Advanced Biotechnological Interventions in Mitigating Drought Stress in Plants. *Plants*, 13(5), 717. <https://doi.org/10.3390/plants13050717>
- Lee, Y.-R., Siddique, M. I., Kim, D.-S., Lee, E. S., Han, K., Kim, S.-G., & Lee, H.-E. (2023). CRISPR/Cas9-mediated gene editing to confer turnip mosaic virus (TuMV) resistance in Chinese cabbage (*Brassica rapa*). *Horticulture Research*, 10(6). <https://doi.org/10.1093/hr/uhad078>
- Wu, Y., Zhang, B., Yang, L., Zhuang, M., Lv, H., Wang, Y., Ji, J., Hou, X., & Zhang, Y. (2024). Fine mapping and identification of the downy mildew resistance gene BoDMR2 in Cabbage (*Brassica oleracea* L. var. capitata). *BMC Plant Biology*, 24(1). <https://doi.org/10.1186/s12870-024-05685-2>
- Yaqoob, A., Tahir, S., Shahid, A. A., Rao, A. Q., Samiullah, T. R., Khan, M. A. U., Mirza, S. A., & Husnain, T. (2016). Risk assessment of Bt crops on the non-target plant-associated insects and soil organisms. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 96(8), 2613–2619. <https://doi.org/10.1002/jsfa.7661>