

**ÉTUDE COMPARATIVE ENTRE DEUX SCHÉMAS DE SÉLECTION DANS
L'AMÉLIORATION VARIÉTALE CHEZ LA POMME DE TERRE**

par

Guillaume Ravel

Mémoire présenté au Département de biologie en vue
de l'obtention du grade de maître ès sciences (M.Sc.)

FACULTÉ DES SCIENCES
UNIVERSITÉ DE SHERBROOKE

Sherbrooke, Québec, Canada, décembre 2025

Le 10 décembre 2025

Le jury a accepté le mémoire / la thèse de Guillaume Ravel dans sa version finale

Membres du jury

Professeur Peter Moffett
Directeur de recherche
Département de Biologie
Université de Sherbrooke

Professeur Darren Bardati
Codirecteur de recherche
Département d'Environnement, Agriculture & Geography
Université de Bishop

Professeure Mirella Aoun
Évaluatrice ou Évaluateur interne
Département d'Environnement, Agriculture & Geography
Université Bishop's

Professeure Isabelle Laforest-Lapointe
Président-rapporteur
Département de Biologie
Université de Sherbrooke

REMERCIEMENTS

Je tiens d'abord à remercier mon directeur de recherche Peter Moffett pour son support et compréhension offerts tout au long de mon parcours. Je voudrais aussi le remercier pour sa grande confiance et guidance offertes lors de moments plus difficiles du projet. Je voudrais aussi remercier mon co-directeur, Darren Bardati pour tout son support technique et physique offert lors de la cueillette de données et lors de la plantation et la récolte de pommes de terre à la ferme expérimentale de l'Université Bishop.

Je voudrais aussi remercier les autres membres de mon comité qui ont pu me soutenir et me guider lors de mon parcours. Je voudrais remercier spécialement Kristine Naess, récemment retraitée du CRPTQ pour son apport scientifique et son grand puits de connaissances à propos des pommes de terre et des techniques d'amélioration variétales. Je voudrais aussi la remercier pour sa guidance et son support éternel à ce projet. Je tiens aussi à remercier Hugo Martorell de Sème l'Avenir de son soutien éternel à ce projet et de sa collaboration avec les agriculteurs et sélectionneurs participants.

Je tiens aussi à remercier Amina Abed du CRPTQ, Benoit Bizimungu d'Agriculture Canada, Antoine Bédard de Patate Lac St-Jean et encore une fois, Hugo Martorell pour leur participation dans l'exercice de sélection qui s'est étalé sur trois ans sur deux sites éloignés l'un de l'autre.

Finalement, je voudrais remercier tous les membres du laboratoire Moffett ainsi que les membres de ma famille pour leur soutien considérable et d'avoir cru en moi malgré le fait que mon domaine de recherche était différent que les leurs.

SOMMAIRE

La pomme de terre (*Solanum tuberosum* L.) occupe une place centrale dans la sécurité alimentaire mondiale, se classant comme la troisième culture vivrière la plus importante après le blé et le riz. Sa capacité d'adaptation à divers environnements, sa valeur nutritionnelle élevée et son rôle économique majeur dans de nombreux pays en font une culture stratégique pour répondre aux défis d'une population croissante et aux pressions environnementales liées aux changements climatiques. Toutefois, la culture de la pomme de terre est confrontée à plusieurs contraintes majeures : la pression constante de maladies dévastatrices telles que le mildiou (*Phytophthora infestans*) ou le virus Y (PVY), ainsi que la variabilité de rendement associée aux événements météorologiques extrêmes causés par les changements climatiques.

Face à ces défis, l'amélioration génétique de la pomme de terre joue un rôle fondamental pour le développement de nouveaux cultivars répondant aux demandes des producteurs. Historiquement, les approches d'amélioration variétales se sont appuyées sur la sélection phénotypique traditionnelle, et plus récemment, l'introduction de gènes venant d'espèces sauvages, mais ces méthodes se heurtent à des limites dues à la complexité génétique de l'espèce (polyploïdie, propagation clonale). Le développement des biotechnologies modernes (sélection assistée par marqueurs, sélection génomique, édition du génome par CRISPR/Cas9) a permis de lever partiellement ces obstacles, en facilitant l'introgession de gènes de résistance et en réduisant le temps nécessaire à l'obtention de nouveaux cultivars. Parmi ces gènes, le gène *Rb* issu de *Solanum bulbocastanum* illustre à la fois le potentiel et les difficultés liés à l'utilisation de gènes de résistance provenant de variétés sauvages : il confère une forte résistance au mildiou mais peut engendrer des effets de liaisons défavorables sur le rendement ou la qualité agronomique.

Dans ce contexte, la présente thèse évalue de manière comparative deux schémas de sélection – le schéma standard (STD) et le schéma accéléré (ACC) – appliqués à des populations clonales

de pomme de terre au Québec, et ce sur deux sites distincts (Université Bishop's et CRPTQ). L'étude, menée sur trois ans avec la participation de plusieurs sélectionneurs, visait trois objectifs spécifiques : (1) analyser l'efficacité relative des deux schémas en termes de sélection de clones supérieurs, (2) évaluer la capacité de chaque schéma à identifier des clones résistants et productifs de manière stable, (3) mesurer l'impact du gène *Rb* sur la population de clone utilisé. Le schéma standard repose sur une sélection phénotypique sévère, alors que le design accéléré multiplie le nombre de clones évalués par sélectionneur dès les premières étapes en plus d'utiliser de nouvelles techniques telles que les marqueurs moléculaires comme méthode de pré-sélection.

Les résultats obtenus démontrent que le schéma accéléré favorise la capture d'un plus grand nombre de clones performants, notamment dans la catégorie des 15 % supérieurs en termes de rendement. De plus, ce schéma a montré une meilleure capacité à aider les sélectionneurs à garder des clones porteurs du gène *Rb*, ce qui laisse entrevoir un potentiel intéressant pour la résistance au mildiou. Cependant, la comparaison a également mis en évidence des défis : le schéma accéléré peut introduire davantage de variabilité inter-sélectionneurs et requiert une normalisation rigoureuse pour comparer équitablement les performances. À l'inverse, le schéma standard apparaît plus conservateur et stable, mais risque de limiter le progrès génétique en réduisant le bassin de clones retenus.

Sur le plan méthodologique, la thèse mobilise une approche robuste combinant analyses statistiques (régressions logistiques, tests du chi-carré), matrices de transition et visualisations comparatives. Ces outils ont permis de mettre en évidence les tendances générales, d'évaluer la cohérence des choix de sélection et de vérifier si les hypothèses initiales étaient confirmées.

En conclusion, les résultats valident partiellement les hypothèses de départ : le schéma accéléré se révèle plus efficace pour identifier rapidement des clones prometteurs, notamment pour la résistance au mildiou et le rendement, mais il doit être encadré par des analyses rigoureuses pour éviter des biais liés à la variabilité des choix humains. Ces constats apportent une contribution

significative à la réflexion sur les stratégies d'amélioration variétale de la pomme de terre, en proposant des pistes concrètes pour optimiser les programmes de sélection. Au-delà du cadre scientifique, les retombées de ce travail concernent directement les producteurs et la sécurité alimentaire, en favorisant l'émergence de variétés plus résistantes, productives et adaptées aux conditions changeantes des systèmes agricoles contemporains.

Mots clés : pomme de terre, amélioration génétique, sélection participative, mildiou, *Phytophthora infestans*, sélection par marqueurs moléculaires, résistance, gène *Rb*, sécurité alimentaire.

TABLE DES MATIÈRES

CHAPITRE 1 INTRODUCTION	1
1.1 Contexte et importance de la culture de la pomme de terre	1
<i>1.1.1. Importance mondiale de la pomme de terre</i>	<i>1</i>
1.1.1.1 Rôle dans la sécurité alimentaire.....	1
1.1.1.2 Historique de culture et dissémination	2
<i>1.1.2. Importance et vulnérabilité de la pomme de terre au Québec</i>	<i>3</i>
<i>1.1.3. Valeur nutritionnelle et importance économique</i>	<i>4</i>
1.1.3.1 Nutriments clés offerts par la pomme de terre	4
1.1.3.2 Impact économique sur l'agriculture conventionnelle et à petite échelle	5
<i>1.1.4. Difficultés présentes dans la culture de la pomme de terre</i>	<i>8</i>
1.1.4.1 Pression provenant de maladies	8
1.1.4.2 Changements climatiques.....	10
1.1.4.3 Variété du rendement et production inconsistante	12
1.2 Aperçu de l'amélioration génétique de la pomme de terre	13
<i>1.2.1. Contexte historique et avancement de l'amélioration génétique</i>	<i>13</i>
1.2.1.1 Évolution des techniques de croisement	13
1.2.1.2 Étapes clés dans le développement variétal au fil du temps	15
<i>1.2.2. Buts des programmes d'amélioration variétale</i>	<i>16</i>
1.2.2.1 Augmentation du rendement	16
1.2.2.2 Résistance aux pestes et maladies	17
1.2.2.3 Amélioration nutritionnelle.....	18
<i>1.2.3. Importance de la diversité génétique et ressources de germoplasmes.....</i>	<i>18</i>
1.2.3.1 Rôle des variétés sauvages	18
1.2.3.2 Conservation et utilisation des ressources génétiques	19
1.3 Difficultés présentes et amélioration variétale chez la pomme de terre	20
<i>1.3.1. Maladies clés affectant la production de pomme de terre</i>	<i>20</i>
1.3.1.1 Mildiou (Phytophthora Infestans)	20

1.3.1.2	Cyste nématode (Nématode doré)	21
1.3.1.3	Virus PVY	22
1.3.2.	<i>Limitation génétique et sources d'effet d'entraînement génétique</i>	22
1.3.2.1	Difficultés avec le gène de résistance Rb.....	22
1.3.2.2	Balancer la résistance avec performance agronomique	23
1.3.3.	<i>Stress lié à l'environnement et adaptabilité climatique</i>	24
1.3.3.1	Tolérance à la sécheresse	24
1.3.3.2	Température extrême et résilience au stress.....	25
1.4	Stratégies d'amélioration variétale et méthodologie	26
1.4.1.	<i>Méthodes d'amélioration variétale conventionnelles</i>	26
1.4.1.1	Stratégies de croisement.....	26
1.4.1.2	Sélection phénotypique	27
1.4.1.3	Evaluation des essais au champ	28
1.4.2.	<i>Approches biotechniques modernes</i>	29
1.4.2.1	Sélection avec marqueurs moléculaires (MAS).....	29
1.4.2.2	Sélection génomique (GS)	30
1.4.2.3	Technique de modification du génome (CRISPR/Cas9)	31
1.5	Objectifs de recherche et hypothèses	32
1.5.1.	<i>Buts spécifiques de la recherche</i>	32
1.5.1.1	Analyse comparative de schémas d'amélioration génétique.....	32
1.5.1.2	Evaluation de l'efficacité de la sélection.....	33
1.5.1.3	Analyse des traits génétiques et de la stabilité du rendement	33
1.5.2.	<i>Hypothèse à propos de l'efficacité de sélection</i>	33
1.5.2.1	Résultats attendus des méthodes d'amélioration génétique.....	33
1.6	Plan de la structure de la thèse	34
1.6.1.	<i>Description du chapitre 2 – article scientifique</i>	34
1.6.2.	<i>Méthodes, résultats et analyses</i>	35
1.6.2.1	Schémas expérimentaux.....	35
1.6.2.2	Analyse statistique	36

CHAPITRE 2 étude comparative entre deux schémas de sélection dans l'amélioration variétale chez la pomme de terre	39
2.1 Résumé de l'article.....	39
2.1.1. <i>Originalité du travail publié.....</i>	<i>40</i>
2.1.2. <i>Apport des auteurs.....</i>	<i>40</i>
2.1.3. <i>Référence complète de l'article</i>	<i>41</i>
2.2 Comparative study of breeding methods in potato breeding in Quebec	41
2.2.1. <i>Abstract.....</i>	<i>41</i>
2.2.2. <i>Introduction</i>	<i>41</i>
2.2.3. <i>Materials and methods</i>	<i>44</i>
2.2.3.1 Multiplication of family 1-4.....	45
2.2.3.2 Testing for resistance	45
2.2.3.3 Field design – Standard design	47
2.2.3.4 Field design – Accelerated design.....	47
2.2.3.5 Controls and Sites	48
2.2.3.6 Selection process	48
2.2.3.7 Data collection and analysis.....	50
2.2.4. <i>Results.....</i>	<i>51</i>
2.2.4.1 Selection for resistance	51
2.2.4.2 Results for selection of control cultivars.....	53
2.2.4.3 Frequency of appearance score and yield across the fields.....	55
2.2.4.4 Selection of top statistical clones	59
2.2.4.5 Final selection	61
2.2.5. <i>Discussion.....</i>	<i>63</i>
2.2.6. <i>Conclusion.....</i>	<i>67</i>
2.3 Acknowledgements	68
2.4 Author contributions	68
2.5 Competing interest.....	68
2.6 References.....	69
CHAPITRE 3 Discussion et conclusion.....	72

3.1	Constats, limites et recommandations	72
3.1.1.	<i>Avantages observés</i>	72
3.1.2.	<i>Limites identifiées</i>	72
3.1.3.	<i>Recommandations pour la suite</i>	73
3.2	Validation des hypothèses et des buts de recherche	75
3.3	Conclusion	76
BIBLIOGRAPHIE		78

LISTE DES TABLEAUX

Table 1	Cross and Family used	45
Table 2	Yield in Kg per plot for <i>Rb</i> - and <i>Rb</i> + clones for year 1 site B.....	52
Table 3	Average appearance score in year 1.....	53

LISTE DES FIGURES

Figure 1.	Controls picked per site by design in year 1 of field trials	54
Figure 2.	Heatmap from yield data from year 1 on site B for standard design	56
Figure 3.	Heatmap from yield data from year 1 on site B for accelerated design.	57
Figure 4.	Family 4 Plot-by-Plot Yield in Standard and Accelerated Field Trials.	59
Figure 5.	Pick percentage comparison across categories for the selection of clones in year 2 for both design.....	60
Figure 6.	Clones available for final selection & clone selected as final selection by the selectors.....	62
Figure 7.	Overlap in the final selection stage in both designs - comparing the average rank of the overlapping clones.....	63

LISTE DES ABRÉVIATIONS ET DES SIGLES

%	Pourcentage
°C	Degré Celcius
µl	microlitre
Av. J-C	Avant Jesus Christ
ABD	« <i>Augmented block design</i> »
ACC	Accéléré
ANOVA	Analyse de variance
Cm	Centimètre
CO ₂	Dioxyde de carbone
CRISPR	« <i>Clustered regularly interspaced short palindromic repeats</i> »
CRPTQ	Centre de Recherche de la Pomme de Terre du Quebec
É-U	États-Unis
GCA	« <i>General combining ability</i> »
GEBVs	« <i>Genomic Estimated Breeding Values</i> »
Gr/g	Gramme
GS	« <i>Genomic selection</i> »
KASP	« <i>Kompetitive Allele-Specific PCR</i> »
Kg	Kilogramme
Kg/ha	Kilogramme par hectare
M	Molar
MAS	« <i>Marker Assisted Selection</i> »
mds	Milliard de dollar
ml	Millilitre
mm	Millimètre
Mt	Million de tonne
PAM	Plan au mètre

PCR	« <i>Polymerase chain reaction</i> »
PDT	Pomme de terre
PVY	Potato virus Y
QRLs	« <i>Quantitative resistance loci</i> »
QTL	« <i>Quantitative trait loci</i> »
RCBD	« <i>Randomized complete block design</i> »
Rpm	« <i>Round per minute</i> »
s	Seconde
SCA	« <i>Specific combining ability</i> »
SI	« <i>Supplementary irrigation</i> »
SNP	« <i>Single Nucleotide Polymorphism</i> »
STD	Standard
t/ha	Tonne par hectare
TALENs	« <i>transcription activator-like effector nucleases</i> »
usd	Dollar US

CHAPITRE 1

INTRODUCTION

1.1 Contexte et importance de la culture de la pomme de terre

1.1.1. Importance mondiale de la pomme de terre

1.1.1.1 Rôle dans la sécurité alimentaire

La culture de la pomme de terre est depuis très longtemps une culture vivrière essentielle à la sécurité alimentaire mondiale (Ortiz et Mares, 2017). Présentement, elle est la troisième culture la plus importante au monde et la première culture qui n'est pas une graminée (Devaux et al., 2020). La culture de la pomme de terre offre plusieurs avantages qui s'entrecoupent bien avec les quatre dimensions de la sécurité alimentaire, soit l'accessibilité, la disponibilité, l'utilisation et la stabilité (Devaux et al., 2020). En 2014, plus de 374 Mt de pommes de terre ont été produites et cette culture se positionne dans un rôle vital de la consommation de plus d'un million de consommateurs. (Devaux et al., 2020).

La pomme de terre a aussi un rôle important au niveau des ressources offertes en énergie pour l'être humain. Il a été établi en 2018 que les pommes de terre offrent environ 50% de l'approvisionnement énergétique alimentaire et que sa consommation a augmenté de 70% en Asie et en Afrique depuis 1961 (Ramani Wijesinha-Bettoni, 2018). Cette montée de popularité et de l'accessibilité de la pomme de terre est partiellement due à ses propriétés nutritionnelles. Il s'agit d'une importante source de vitamine C et de vitamine B6 et elle est faible en gras. Ces richesses nutritives, en plus de sa facilité de s'adapter à plusieurs climats différents, explique sa montée en popularité, surtout dans les communautés sous le seuil de développement en Afrique et en Asie. À la suite de l'adaptation de la pomme de terre dans plusieurs climats variés, la culture de la pomme de terre pourrait être encore plus améliorée afin de subvenir aux besoins

d'une population en croissance, surtout dans les pays d'Asie et d'Afrique. Des études menées en Chine démontrent qu'un changement dans la culture de la pomme de terre conventionnelle vers une culture qui répond aux critères d'une culture alimentaire durable pourrait offrir plusieurs avantages dans la lutte contre les changements climatiques, tout en subvenant aux besoins d'un grand bassin de population (Zhang et al., 2024). D'autres études démontrent aussi l'importance de la recherche et de l'innovation de la culture de la pomme de terre suite à son potentiel encore inexploré. Il est même suggéré que la culture de la pomme de terre pourrait fortement améliorer l'accès à la nourriture au niveau mondial de façon durable pour répondre aux difficultés causées par l'enjeu de produire plus de nourriture avec moins d'intrants et de ressources (Devaux et al., 2021).

1.1.1.2 Historique de culture et dissémination

Historiquement, la pomme de terre est soupçonnée d'avoir été domestiquée dans la région des Andes, au sud du Pérou et au nord-ouest de la Bolivie. Les premières traces archéologiques de la domestication de la pomme de terre datent de 2500 av. J-C., découvertes sur le site de Ancon au Pérou (UN Today, 2024). Lors de l'âge de l'exploration entamé par l'Europe et débuté par Christophe Colomb, les pays européens comme l'Espagne via les îles Canaries, ont pu acquérir la pomme de terre native de l'Amérique du Sud vers la fin du 16^{ième} siècle (de Haan, 2016). L'introduction de la pomme de terre chez les grandes puissances européennes comme la Grande Bretagne, l'Allemagne et la France, et vers les pays d'Asie comme l'Inde et la Chine s'est principalement déroulée lors des 17^{ième} et 18^{ième} siècles. La pomme de terre est devenue un aliment de base incontournable de ces pays dès le 19^{ième} siècle (Nunn, 2010). Lors de l'expansion de la culture de la pomme de terre, il a été démontré que les régions propices à la culture de ce nouvel aliment ont eu une grande croissance démographique et une urbanisation accélérée comparée aux régions moins propices à cette culture (Nunn et Qian, 2009). Il serait donc très probable que l'expansion urbaine et la montée en densité de population soient étroitement liées au succès de l'introduction et de la culture de la pomme de terre. Pour certains pays européens, la culture de la pomme de terre était si importante pour l'approvisionnement

soutenue de nourriture auprès de leurs populations que des décrets royaux à propos de la production et du savoir relié à la pomme de terre furent émis, principalement dans les pays nordiques comme la Suède (Bodensten, 2020). En résumé, à partir du 17^{ième} siècle, des forces culturelles, politiques et sociétales ont poussé vers l'adoption de la pomme de terre comme source importante de nourriture pour les pays Européens.

1.1.2. Importance et vulnérabilité de la pomme de terre au Québec

La filière québécoise de la pomme de terre constitue un système agroécologique intensif fortement structuré, caractérisé par une interaction complexe entre facteurs climatiques dynamiques, environnementaux, phytosanitaires et organisation technique et économique. En 2022, les 743 exploitations recensées occupaient environ 18,4 milliers d'hectares, générant un volume annuel d'environ 648 milliers de tonnes, équivalant à un rendement moyen de 35,9 t/ha. Cette performance est compatible avec les plages optimales observées dans les zones tempérées humides, où la culture de *Solanum tuberosum* est particulièrement sensible aux bilans hydriques excédentaires et aux fluctuations thermiques en période de tubérisation (Gouvernement du Québec, 2022). L'année 2023 illustre toutefois la vulnérabilité du système aux perturbations abiotiques. Cette saison a été caractérisée par une variabilité interannuelle marquée par une répartition des précipitations anormale et par une inconsistance au niveau de la température. Ces facteurs ont conduit à une réduction de la surface récoltée (16,7 milliers d'hectares), une chute du rendement moyen à 31,8 t/ha et un volume total limité à 529 milliers de tonnes, soit une réduction de 18,4 % par rapport à l'année précédente (Statistique Québec, 2023). La baisse de rendement suggère un stress hydrique combiné à une augmentation de la pression phytopathologique, notamment des oomycètes tels que *Phytophthora infestans*, dont la dynamique épidémiologique est intensifiée par des épisodes d'humidité foliaire prolongée.

Sur le plan spatial, la distribution géographique de la production reflète la présence de terroirs offrant une qualité de sols favorables, soit des sols sableux à loams bien drainés. Ceux-ci sont concentrés dans les régions de la Capitale-Nationale, de Chaudière-Appalaches, du Saguenay–Lac-Saint-Jean et de Montréal–Laval–Lanaudière (Gouvernement du Québec, 2022). La diversité variétale, comprenant plus d’une centaine de cultivars, répond à une segmentation poussée des usages (fritabilité, taux de matière sèche, résistance aux nématodes, aptitude à l’entreposage). La filière semencière, structurée autour d’environ 30 entreprises, constitue un maillon critique en raison de l’importance des seuils d’inoculum initial dans les dynamiques de maladies systémiques ou virales, et s’appuie sur des rotations de plusieurs années visant à limiter les pressions sélectives exercées par les pathogènes provenant du sol.

De plus, la production biologique de pomme de terre au Québec est en expansion depuis une dizaine d’années. Celle-ci a augmenté de 50 ha en 2012 à près de 180 ha en 2022 (Gouvernement du Québec, 2022). La production biologique demeure contrainte par la difficulté à gérer les bioagresseurs tel que le *P. Infestans*. La culture biologique n’a aucun recours aux fongicides systémiques, et a une nécessité à maintenir des rotations longues pour réduire la charge pathogène. Malgré cette complexité agronomique, la filière a démontré une résilience économique notable en 2023, le prix moyen à la tonne ayant augmenté de plus de 20 % (Statistique Québec, 2023).

1.1.3. Valeur nutritionnelle et importance économique

1.1.3.1 *Nutriments clés offerts par la pomme de terre*

Une grande raison de la popularité de la pomme de terre, à travers le monde et à travers le temps, est la grande quantité de nutriments clés offerts par celle-ci. Elle contient plusieurs macronutriments comme de la vitamine C, du potassium, des fibres ainsi que la vitamine B6, du magnésium, du fer, du phosphore, du cuivre, du sodium et de la thiamine/niacine (Agarwal et Fulgoni, 2021). Cependant, une surconsommation de pommes de terre est aussi liée à des

problèmes de santé comme le surpoids et le diabète de type 2 (Beals, 2018). La pomme de terre est aussi connue pour sa richesse en carbohydrate et en protéine de qualité comme la patate (Burgos et al., 2020). Certaines variétés ayant une chair colorée peuvent aussi contenir un nombre élevé d'antioxydants comme la lutéine, la zéaxanthine et l'anthocyane (King et Slavin, 2013). Ces antioxydants peuvent aider à prévenir certaines maladies de vieillesse et cela demeure important dans un contexte de population vieillissante. Une analyse sur la consommation du nutriment chez les adultes, publiée en 2022, a démontré que les pommes de terre sont responsables de plus de 5% de la consommation recommandée par jour pour plusieurs nutriments : potassium, fibre, vitamine C, vitamine B6, magnésium, cuivre, thiamine (B1), niacine et phosphore. En addition, la pomme de terre contient peu de valeur énergétique et de sodium (Fulgoni et Fulgoni III, 2022).

Il existe plusieurs façons de consommer la pomme de terre, mais certaines techniques peuvent être bénéfiques pour la rétention de nutriments. Une des méthodes de cuisson la plus simple est de la faire bouillir. Lorsque cette technique est appliquée en gardant la peau de la pomme de terre, celle-ci peut aider à la rétention de nutriments et possède des avantages au niveau de la santé du système digestif (Li et al., 2024). Par exemple, une seule portion de 150g de pomme de terre bouillie avec la peau peut contenir 25% de la quantité recommandée par jour de vitamine C, en plus de fibres, acides et antioxydants (Li et al., 2024).

1.1.3.2 Impact économique sur l'agriculture conventionnelle et à petite échelle

La pomme de terre joue aussi un rôle important dans l'agriculture conventionnelle ainsi que dans l'agriculture à petite échelle, soit de superficie de 0.25 ha et moins. Tout d'abord, chez les producteurs à petite échelle, faire pousser des pommes de terre avec d'autres cultures en utilisant des pratiques durables peut augmenter la quantité et la qualité de la pomme de terre. Cette étude menée en Arménie démontre que ce modèle de pratique agricole durable augmente l'efficacité de production de la pomme de terre de 20% à 25% en comparaison aux techniques conventionnelles utilisant des produits chimiques (Galstyan et al., 2024). Ces résultats

corroborent avec d'autres études qui ont identifiés que l'adoption de pratiques agricoles durables optimisées peut permettre aux producteurs biologiques de s'approcher à un rendement similaire à celui des producteurs conventionnels (Zarynska *et al.*, 2023). L'intégration d'un système organique optimisé pour la pomme de terre peut donc permettre aux agriculteurs de petite échelle à avoir un rendement similaire aux producteurs conventionnels.

Cependant, il existe plusieurs défis liés à la production biologique de la pomme de terre. En premier lieu, lorsque le rendement est comparé entre une agriculture biologique contre une agriculture conventionnelle de même taille, entre autres, dans la principauté de Bhoutan, les agriculteurs biologiques ont un rendement plus faible que ceux provenant d'une culture conventionnelle (7.5 t/ha vs 19.2 t/ha) (Lepcha *et al.*, 2021). De plus, les agriculteurs biologiques font face à des pertes économiques tandis que les producteurs conventionnels font des profits. Les pertes économiques sont expliquées par un manque de prix équitables sur le marché pour les pommes de terre biologiques. Cette étude de cas démontre que malgré les avantages environnementaux que peut offrir la pomme de terre biologique, tant que le marché n'est pas prêt à payer davantage pour le biologique, les petits producteurs biologiques auront de la difficulté à faire des profits. Malgré un manque de profits généré sur le court terme, une diversification faite de façon biologique à long terme peut rapporter des dividendes. Une analyse faite sur des données recueillies sur 40 ans conclut que les pommes de terre, en tant que produits principaux dans un système biologique diversifié en rotation, ont un rendement similaire que le conventionnel (Bowles *et al.*, 2020). Cette technique de rotation permet aux agriculteurs de petite échelle d'avoir un rendement plus élevé que les agriculteurs conventionnels et augmente la rentabilité de la production de la pomme de terre biologique. De plus, les techniques biologiques offrent plusieurs avantages environnementaux aux agriculteurs, par exemple: amélioration de la santé du sol et une réduction des coûts d'intrants. Après 40 ans, le retour financier d'un système biologique diversifié qui accorde de l'importance à la rotation des cultures était trois fois plus élevé qu'après une période de 20 ans en système de monoculture conventionnel.

Bien que les pommes de terre soient bien intégrées aux systèmes biologiques de petite échelle, elles ne sont pas aussi populaires et importantes pour l'économie d'une région ou d'un pays en comparaison à l'agriculture conventionnelle. Par exemple, aux États-Unis (É-U), l'industrie de la pomme de terre aurait un impact de 100.9 milliards usd. Au niveau agricole seulement, la pomme de terre rapporterait aux agriculteurs américains 10.8 milliards usd (Potato National Council, 2023). L'industrie de la pomme de terre américaine soutient aussi plus de 714 000 emplois à travers la production, la transformation et la vente. Cela démontre l'ampleur du secteur de la pomme de terre aux États-Unis. Suite à l'importance de ce secteur, des études à travers quelques états des É-U ont démontré que certaines pratiques agricoles pourraient encore plus améliorer la rentabilité de l'agriculture de la pomme de terre. L'utilisation de plants de moutarde comme culture de couverture en ajoutant du compost et en respectant les rotations de culture pourrait améliorer la qualité des sols, et de ce fait, pourrait augmenter la profitabilité de la cultivation de la pomme de terre (Fuller et al., 2025). Une longue rotation de trois ans et plus est notée comme une des techniques qui offre le plus de bénéfices à la production de la pomme de terre. Cela serait dû à une réduction de la pression des maladies et une augmentation du rendement chez la pomme de terre. Une étude plus régionale menée par Ghosh et Perez en 2016 présente aussi l'importance de la cultivation de la pomme de terre dans les États de Washington et de l'Oregon. La culture de la pomme de terre dans ces États aurait directement contribué à plus de 3 milliards usd au niveau agricole et aurait atteint 7.4 milliards usd en incluant le domaine de transformation. Cette étude par Ghosh et Perez démontre que l'industrie de la pomme de terre est un secteur économique très important de la région du nord-ouest pacifique et offre plusieurs milliers d'emplois à sa population.

Autre que les États-Unis, la pomme de terre occupe un rôle important dans l'économie des Pays-Bas. Malgré sa petite taille comparée à d'autres pays producteurs de pommes de terre (PDT), les Pays-Bas dans les dernières années produisent au-dessus de 6 millions de tonnes de pommes de terre par an et se classent comme 10ième plus grand producteur au monde (Louwaars, 2023). Au total, plus de 164 400 hectares de terres agricoles sont consacrés à la cultivation de pommes de terre, et 26.5% de ces terres sont utilisés pour la production de semences de pommes de terre.

Cela permet aux Pays-Bas d'occuper une place très importante dans le marché de la semence de pommes de terre au niveau mondial en se trouvant au premier rang d'exportateur (Louwaars, 2023). Au niveau de la ferme, les indicateurs économiques démontrent que dans certaines régions comme Flevoland et Zeeland, la production de la pomme de terre contribue directement à la prospérité de la région. Par ailleurs, ces régions ont été affectées par des événements météorologiques extrêmes en 2015 et 2020 qui ont entraîné des pertes de rendement chez la pomme de terre variant entre 13% et 36% (Nuijten et Almekinders, 2025). Ces événements ont eu un impact substantiel sur les revenus annuels de ces régions durant ces périodes de stress environnementaux. Pour résumer, la production de la pomme de terre aux Pays-Bas demeure une partie très importante de leur économie et de leur agriculture. La production de PDT et de semences de PDT demeure encline vers l'exportation au niveau international. Cependant, ce secteur demeure en fluctuation à la suite des événements météorologiques qui peuvent influencer directement les rendements et revenus agricoles de certaines régions productrices.

1.1.4. Difficultés présentes dans la culture de la pomme de terre

1.1.4.1 *Pression provenant de maladies*

Plusieurs maladies peuvent affecter la pomme de terre et certaines posent un des problèmes très importants sur la production de PDT au niveau mondial. En premier lieu, le mildiou causé par l'oomycète *Phytophthora Infestans* est la maladie la plus destructive économiquement dans le domaine de la production de la pomme de terre, et ce au niveau mondial. Le mildiou est bien reconnu pour avoir causé la famine Irlandaise du 19^{ième} siècle. Présentement, ce dernier serait estimé à causer des pertes économiques de plus de 10 milliards usd annuellement (Rhouma et al., 2024). Le mildiou peut infecter chaque partie de la plante, soit les feuilles, la tige et les tubercules. Cette maladie se développe principalement sous des conditions fraîches et humides et peut se transporter d'un champ à l'autre via le déplacement aérien de spores ainsi que durant le transport de tubercules contaminés. Malgré l'utilisation de fongicide, le *Phytophthora Infestans* peut développer une résistance au fongicide ce qui force l'utilisation d'éléments chimiques

encore plus forts année après année (Rhouma et al., 2024). Dans certains pays comme les Pays-Bas, le Pérou et l'Inde, le mildiou s'est établi comme maladie la plus destructrice au niveau économique chez les producteurs de pommes de terre (Rhouma et al., 2024). La perte de pommes de terre peut atteindre les 100% dans certains cas de propagation majeure. Pour contrer cette maladie destructrice, les producteurs utilisent plusieurs fongicides chaque année, jusqu'à atteindre de 15% à 25% de leur coût de production total. En revanche, l'utilisation constante de fongicides à chaque année cause d'importants problèmes environnementaux et de santé. Les fongicides ne sont pas la seule solution pour contrer le mildiou. Plusieurs variétés de PDT possèdent des gènes de résistance à cette maladie. Cependant, il s'agit d'une course entre l'évolution des gènes de résistance de la plante contre l'évolution de variants de *Phytophthora Infestans* (Cooke et al., 2011). Ce dernier évolue pour contrer les gènes de résistance provenant de la plante. De plus, les événements météorologiques extrêmes peuvent aussi augmenter les risques de mildiou (Birch et al., 2013).

En deuxième lieu, le *Ralstonia solanacearum*, autrement appelé flétrissement bactérien, est une autre maladie importante chez la pomme de terre. Cette maladie possède une large variété génétique et un large spectre d'hôtes pour contribuer à sa propagation. Ce trait unique permet à cette maladie de se propager facilement, ce qui contribue à sa réputation de maladie destructrice économiquement chez la pomme de terre (Okiro et al., 2024). De plus, le *R. solanacearum* possède une habilité à s'adapter à plusieurs conditions environnementales différentes. Ces caractéristiques contribuent aux pertes économiques chez la pomme de terre, et celles-ci peuvent atteindre 1 milliard usd par an. Pour contrer cette maladie, plusieurs approches sont étudiées, soit des projets d'amélioration génétique utilisant des gènes de résistance ainsi que l'amélioration des conditions sanitaires des tubercules (An et Zhang, 2024).

Une autre maladie affectant la pomme de terre ayant augmenté en importance durant les dernières décennies est le virus Y de la pomme de terre (PVY). Le PVY est transmis par des pucerons ainsi que via la contamination de semences et de tubercules. La propagation se fait de façon très rapide rendant l'utilisation de pesticides inefficace (Schramm et al., 2011). Ce virus

peut causer une mort cellulaire et entraîner une perte de rendement chez la plante. En Europe, les pertes annuelles causées par le PVY peuvent atteindre 187 millions d'euros (Dupuis et al., 2023), et peut atteindre 20 millions usd par an dans les grands états producteurs des É-U comme l'Idaho et le Wisconsin (Schramm et al., 2011). Le plus grand problème pour contrer la propagation du PVY demeure la contamination de semences par les engins mécaniques puisque les tubercules peuvent s'avérer asymptomatiques et échappent aux inspections visuelles.

L'alternariose (*Alternaria solani*) est une maladie affectant aussi la pomme de terre. Cette maladie se développe sous conditions chaudes et humides et peut entraîner des pertes de rendement jusqu'à 50% si les conditions sont favorables (van der Waals, 2001). Le dépistage et le traitement de l'alternariose peuvent être compliqués par le fait que plusieurs espèces d'*Aalternaria* contribuent à l'éclosion de la maladie. De plus, la sur-application de contrôles chimiques a causé une perte de l'efficacité de ces produits à la suite de l'émergence de la résistance aux fongicides, en plus de causer des problèmes environnementaux (Naba et al., 2024).

Plusieurs autres maladies comme la rhizoctonie, la pourriture molle (*Pectobacterium spp.*, *Dickeya spp.*) et différentes variétés de gales sont aussi présentes chez la pomme de terre et peuvent causer une variété de symptômes importants ont un impact dans le rendement, mais de façon mineure (10%-30%), affectant principalement l'apparence de la pomme de terre (Sneh et al., 1996). Ces maladies peuvent êtres limitées en respectant les protocoles de mesures sanitaires et l'application d'une rotation de cultures.

1.1.4.2 Changements climatiques

Les conditions météorologiques demeurent un facteur important dans la production de la pomme de terre, mais ceux-ci font face à des transformations dues aux changements climatiques et cela pourrait avoir un impact fort chez les producteurs de pomme de terre. Une augmentation de la température, un changement dans l'occurrence et la sévérité des précipitations, une

augmentation du taux de CO₂ dans l'atmosphère ainsi que la présence de froids hâtifs ou tardifs sont tous des facteurs pouvant affecter la pomme de terre (Adekanmbi et al., 2023). Selon des études utilisant plusieurs modèles, il est estimé que d'ici 2050, le rendement global de culture de la pomme de terre pourrait décliner entre 18% et 32% si aucune adaptation n'est faite dans nos systèmes utilisés présentement. Il est estimé qu'une réduction de rendement de 8 % à 18% est possible dans les scénarios où les producteurs s'adaptent en changeant leurs dates de récolte et de plantation ou bien en changeant de variétés (Adekanmbi et al., 2023). Certaines régions comme l'Île du Prince-Édouard au Canada n'irriguent pas leur cultivation et restent dépendantes du cycle de l'eau pour l'approvisionnement d'eau à leur culture de pommes de terre. Les producteurs de cette région sont très sensibles aux changements causés par une variation en précipitations. Une réduction de précipitations durant les phases de croissance pourrait entraîner une importante réduction du rendement chez la pomme de terre, malgré la fertilisation du terrain agricole par CO₂ (Adekanmbi et al., 2023). En Europe, une étude sur 553 producteurs de pommes de terre à travers 22 pays européens révèle que ces producteurs subissent déjà des événements de sécheresse, de chaleurs extrêmes et d'intenses précipitations. Selon les producteurs, ces événements causent déjà des impacts négatifs sur la cultivation de la pomme de terre. Cela entraîne une demande sur le marché de nouvelles pommes de terre possédant une résistance à la chaleur et à la sécheresse ainsi que des résistances aux maladies (von Gehren et al., 2023).

De fait, les pommes de terre demeurent extrêmement sensibles aux changements climatiques. Elles demandent entre 400 et 800 mm de précipitation par an. Lorsque les précipitations ne sont pas atteintes, le système racinaire reste en surface et devient très susceptible à l'humidité, pouvant entraîner davantage de perte (Handayani et al., 2019). Une exposition à des températures au-dessus de la normale peut entraîner un retard de l'initiation dans le tubercule, et résulte ultimement à des tubercules plus petits et un rendement plus faible (Handayani et al., 2023). De plus, des conditions plus sèches et chaudes ont un impact sur la capacité d'entreposage de la pomme de terre. Ces conditions causent une période de dormance plus courte et accélère le stade de germination. Ces conditions peuvent aussi entraîner l'éclosion et

la propagation de maladie durant l'entreposage, compliquant la gestion post-récolte de la pomme de terre (Zhang et al., 2024).

1.1.4.3 Variété du rendement et production inconsistante

Plusieurs études démontrent une production inconsistante au fil des années souvent causée par des maladies ou par des événements météorologiques extrêmes. Tout d'abord, des essais sur les fermes sur l'Île du Prince-Édouard au Canada de 2019 à 2022 ont permis de comparer des régimes approvisionnés par la pluie et d'autres régimes ayant différents systèmes d'irrigation supplémentaires (SI). Les résultats ont démontré que les systèmes SI ont augmenté les rendements durant les années de sécheresse. Cependant, les impacts des systèmes SI ont eu un impact minime lors des années où les précipitations de pluie étaient suffisantes pour la pomme de terre (Jiang et al., 2024). Pour stabiliser le rendement en fonction des conditions météorologiques changeantes, il devient donc de plus en plus important de régulariser la gestion de l'eau dans la production de la pomme de terre.

En Finlande, les événements météorologiques extrêmes et leurs impacts sur le rendement de la pomme de terre ont aussi été étudiés. Ces événements météorologiques extrêmes, par exemple des précipitations extrêmes au-delà de la normale et reçues en quelques jours ou même heures, ont été responsables d'une variation de 38% dans le rendement de la pomme de terre chez les agriculteurs (Ahrari et al., 2023). Une augmentation de l'intensité des précipitations est notée pour avoir réduit le rendement de 2,085 kg/ha par jour de précipitations extrêmes au-dessus de la normale (Ahrari et al., 2023). De plus, les extrêmes de température ont aussi eu un impact sur le rendement de la pomme de terre soit de 10% et ce, de façon positive. Dans ce cas-ci, les événements météorologiques extrêmes sont la source principale de la variation du rendement chez la pomme de terre.

En plus de la gestion de l'eau, l'accès aux technologies et aux connaissances est aussi important pour obtenir un rendement stable. Une analyse faite sur 178 fermes pendant cinq ans en

Indonésie a démontré que leur rendement était beaucoup plus faible en comparaison aux estimations provenant du modèle LINTUL-POTATO-DSS. Ce modèle est utilisé pour aider les producteurs à prendre des décisions en simulant le rendement et la qualité des tubercules sous différentes conditions environnementales et agronomiques. En moyenne, l'écart de rendement entre le modèle et les fermes a été évalué à 54%, avec 26% attribué au manque de technologies chez les agriculteurs, et 26% directement lié au manque de connaissances en lien avec la gestion de la pomme de terre (Pronk et al., 2025). Il est noté que les agriculteurs avaient un manque de connaissances en lien avec la gestion de maladies importantes comme le mildiou. L'étude de Pronk et al. démontre que la variabilité du rendement de la pomme de terre peut provenir d'un manque de connaissances des pratiques agricoles en lien avec la gestion de pomme de terre, et aussi d'un manque d'approvisionnement adéquat de semences de bonne qualité.

Pour résumer, il y a donc trois sources importantes causant une variation dans le rendement de la pomme de terre : l'approvisionnement en eau et la météo, la gestion de champ et la qualité de la semence utilisée, et l'occurrence d'événements météorologiques extrêmes.

1.2 Aperçu de l'amélioration génétique de la pomme de terre

1.2.1. Contexte historique et avancement de l'amélioration génétique

1.2.1.1 Évolution des techniques de croisement

Les cultivars de pomme de terre à travers le monde sont pour la plupart tétraploïdes et utilisent une propagation clonale et ce, sur plusieurs décennies. Le croisement pour de nouvelles variétés dépendait seulement d'une sélection récurrente à partir des traits phénotypiques (Jansky et Spooner, 2018). À cause de la polyploïdie chez la pomme de terre, les sélectionneurs de pommes de terre ont de la difficulté à éliminer les pommes de terre possédant des gènes défavorables et à procéder à un empilement génétique de gènes favorables (Jansky et Spooner, 2018). Il est donc suggéré de faire un retour à des lignées diploïdes pour être en mesure de prédire plus facilement

les combinaisons génétiques possibles d'un croisement. Faire un retour vers une pomme de terre diploïde est possible, mais l'utilisation du savoir génomique de la pomme de terre est aussi actuellement utilisée pour concevoir de meilleurs cultivars.

Un principe établi par les généticiens de la pomme de terre est que les pommes de terre cultivées sont tétraploïdes avec hérédité tétratômique (Bradshaw, 2022), c'est-à-dire que l'appariement chromosomique se fait à partir de quatre chromosomes, rendant la combinaison de gène durant la méiose extrêmement aléatoire. À la suite du caractère aléatoire de l'appariement, des tests de descendance ont été établis afin de pouvoir estimer le dosage de gène et d'évaluer le potentiel de combinaison pour les traits quantitatifs comme le rendement et qualitatifs comme la couleur de la peau et de la chaire (Bradshaw, 2022). L'adoption de marqueur moléculaire durant les dernières décennies a permis de procéder à des sélections faites avec marqueur (Marker Assisted Selection, MAS) pour des gènes d'importance. Ce travail est reconnu comme le pilier pour la sélection génomique moderne réalisé pour la sélection d'allèles ayant des effets plus petits. Les variétés consommées depuis plusieurs décennies et les plantes de pomme de terre sauvages ont augmenté en importance suite à ces découvertes et sont devenues des ressources essentielles pour la découverte et la propagation de nouveaux traits. Ceux-ci sont donc très utilisées dans la découverte des nouveaux traits contribuant à la résistance au mildiou (Bradshaw, 2022).

Suite à l'accélération des changements climatiques, les agriculteurs de pommes de terre réclament et demandent urgemment de nouvelles variétés résistantes aux maladies comme le mildiou et résilientes face aux fluctuations climatiques particulièrement à la sécheresse. De nouveaux outils biotechnologiques de sélection comme la manipulation de gènes reproductifs ayant pour fin de franchir les barrières biologiques telles que la polyploïdie et la reproduction clonale deviennent de plus en plus utilisés (Hojsgaard et al., 2024). Ces outils ont permis de créer des méthodes de croisement et de sélection hybride, une technique utilisée pour faire un croisement entre deux parents génétiquement éloignés pour produire un hybride ayant des traits supérieurs et d'accélérer les programmes de croisement (Hojsgaard et al., 2024). Ces outils provenant de la génomique moderne, l'édition du génome et des connaissances approfondies de

la biologie de la reproduction des plantes permettent donc de transformer les cycles de croisement traditionnels (Hojsgaard et al., 2024). Ces transformations se démontrent en amélioration génétique plus précise et plus rapide chez la pomme de terre.

1.2.1.2 Étapes clés dans le développement variétal au fil du temps

Depuis l'introduction et la popularisation de la pomme de terre en Europe et en Asie, l'évolution des méthodes de croisement et d'amélioration variétale s'est faite de façon exponentielle, ayant énormément évolué durant les dernières décennies. Selon une étude provenant des Pays-Bas, un pays reconnu pour ses connaissances et son investissement dans la production de pommes de terre, quatre ères distinctes ont été identifiées dans l'évolution des techniques et des connaissances d'amélioration variétale de la pomme de terre. Avant 1888, l'amélioration variétale et la sélection de croisement se faisait sous sélection informelle, c'est-à-dire que les agriculteurs de petite échelle, les jardiniers de l'époque, sélectionnaient de nouvelles variétés selon leurs propres critères (van Loon et al., 2024). De 1888 à 1940, une montée en popularité en génétique à travers l'Europe entraîne plusieurs amateurs des Pays-Bas à créer des croisements de façon manuelle en croisant directement deux variétés distinctes afin de créer de nouvelles variétés désirables (van Loon et al., 2024). De 1940 à 1967, un mouvement de privatisation au Pays-Bas entraîne plusieurs compagnies à créer leur propre variété. Finalement, de 1967 jusqu'à présent l'industrie de la pomme de terre devient de plus en plus institutionnalisée avec un partenariat privé-public (van Loon et al., 2024) avec plusieurs investissements provenant directement du gouvernement des Pays-Bas (Almenkinders et al., 2014).

Malgré que ces ères aient été établis pour les Pays-Bas, le début des programmes d'amélioration variétale et de la sélection phénotypique avec des essais manuels sont reconnus pour avoir débuté à la fin du 19^{ième} siècle / début 20^{ième} siècle (Bradshaw, 2021), tout comme les Pays-Bas. Vers le milieu du 20^{ième} siècle, l'avancée de la science permet aux biologistes travaillant sur la pomme de terre de débiter les premiers tests sur la descendance ; à évaluer l'aptitude à la combinaison ; à introduire les premiers caractères de résistance provenant de variétés sauvages.

Ces découvertes et nouvelles techniques développées à partir du milieu du 20^{ième} siècle s'avèrent être les piliers de la sélection assistée par marqueur moléculaire développée à la fin du 20^{ième} siècle (Bradshaw, (2021). À partir du début du 21^{ième} siècle, la recherche et le développement de nouvelles variétés de pommes de terre utilisent de nouvelles technologies comme l'édition génomique. De plus, l'édition de gènes (CRISPR) est maintenant possible accompagnée du développement de l'hybridation de la pomme de terre au niveau diploïde, ainsi que le contrôle des gènes de reproduction (Hojsgaard et al., 2024).

1.2.2. Buts des programmes d'amélioration variétale

1.2.2.1 *Augmentation du rendement*

Les nouvelles techniques moléculaires telles que CRISPR, TALENs, l'interférence par ARN et la sélection génomique sont utilisées dans des programmes d'amélioration génétique afin d'améliorer la qualité des tubercules, ainsi que le rendement des pommes de terre (Ahmad et al., 2022). L'approfondissement des connaissances de la carte génétique de la pomme de terre rend plus facile de choisir les gènes désirables pour une augmentation du rendement utilisant ces techniques (Ahmad et al., 2022). Ces stratégies d'édition du génome ainsi que l'utilisation de sélection par marqueur moléculaire permettent aux programmes d'amélioration variétale d'introduire des allèles bénéficiaires de façon précise et efficace (Ahmad et al., 2022). Cependant, avant le développement de nouvelles techniques d'amélioration génétique mentionnées précédemment, une analyse sur le rendement de nouveaux cultivars démontre que l'augmentation du rendement chez la pomme de terre était limitée (Agha, 2025). Certains des cultivars les plus productifs sont sur le marché depuis le début du 20^{ième} siècle et malgré une croissance des connaissances en amélioration variétale au cours du 20^{ième} siècle, peu de nouveaux cultivars ont un rendement supérieur ainsi qu'une résistance aux maladies. (Agha, 2025). D'autres études démontrent aussi que des cultivars populaires ayant été sur le marché depuis plusieurs décennies demeurent difficiles à surpasser (Eriksson et al., 2016). Il serait donc suggéré à la suite des résultats produits par ces études que les techniques de sélection

phénotypique traditionnelles ainsi que les tests de descendance soient restreints en raison des contraintes biologiques fondamentales de la pomme de terre (Muhinyuza et al., 2025).

Pour résumer, les nouvelles technologies du 21^{ème} siècle permettent donc de créer de nouvelles variétés ayant des caractères spécifiques tels que l'amélioration du rendement de façon plus efficace et précise. En revanche, les efforts faits avant l'arrivée de ces nouvelles technologies ont seulement eu des gains de rendement incrémentiel (Muhinyuza et al., 2016).

1.2.2.2 Résistance aux pestes et maladies

Le développement variétal vers de nouveaux cultivars résistant aux maladies telles que le mildiou, tout en conservant le rendement, la qualité et l'aptitude à la conservation a été entrepris depuis longtemps (Jansky, 2016). Puisqu'il existe une génétique réduite chez les cultivars commerciaux, les programmes d'amélioration variétale vont souvent se tourner vers les plantes de type sauvage comme sources de nouveaux gènes de résistance (Jansky, 2016). Encore une fois, l'utilisation de méthodes de sélection phénotypique traditionnelle a des résultats mitigés à la suite de la présence de barrières biologiques (Jansky, 2016). Récemment, l'utilisation de sélection assistée par marqueur moléculaire a permis une avancée critique vers l'établissement de nouveaux cultivars commerciaux étant résistants à certaines maladies (Armstrong et al., 2018). Le développement de nouveaux marqueurs moléculaires ainsi qu'une amélioration de la traçabilité des gènes et de l'avancée du domaine transgénique ont eux aussi démontré leurs habiletés à améliorer la résistance aux maladies chez la pomme de terre (Uhrig et al., 1992). Par ailleurs, l'utilisation d'outils génomiques modernes tels que l'utilisation de puce à SNP (Single Nucleotide Polymorphism), Kompetitive Allele-Specific PCR (KASP) et les études approfondies sur l'association génomique ont permis d'identifier et de suivre les gènes R importants ainsi que les loci de caractères quantitatifs (QTL) dans le germoplasme de la pomme de terre (Islam et al., 2024). Le développement de ces nouvelles techniques a permis d'accélérer de façon significative la sélection de cultivars résistants aux maladies, permettant aux programmes d'amélioration variétale d'intégrer de nouveaux gènes de résistance complexes de

façon plus rapide et précise (Islam et al., 2024). En somme, l'évolution de techniques scientifiques a exponentiellement contribué à l'intégration de gènes de résistance dans les programmes d'amélioration variétale.

1.2.2.3 Amélioration nutritionnelle

Les programmes d'amélioration variétale visant une amélioration nutritionnelle ont pour objectif précis d'augmenter les quantités de vitamine C, les vitamines de type B, de fer, de zinc, de protéines et d'antioxydants bioactifs (Agrawal et al., 2024). Encore une fois, la source principale de gènes appropriés pour cet objectif se retrouvent chez les variétés sauvages (Agrawal et al., 2024). Par ailleurs, certaines techniques agronomiques de biofortification telles que le prétraitement de tubercules avec de nutriments minéraux peuvent augmenter temporairement les niveaux de micronutriments durant la saison de croissance (Singh et al., 2021). Toutefois, plusieurs efforts utilisant des techniques conventionnelles ainsi que l'approche moléculaire rencontrent les mêmes difficultés liées à l'inhérence tétraploïde ainsi qu'à l'hérédité faible des traits affectant les valeurs nutritionnelles de la pomme de terre (Li et al., 2024). Cependant, malgré les barrières biologiques de la pomme de terre, des approches provenant du génie génétique utilisant des expressions transgéniques ainsi que des croisements moléculaires ont réussi à créer des pommes de terre plus riches en nutriments (Patil et al., 2016). Plus important encore, ces nouvelles variétés de pomme de terre pourraient s'avérer intéressantes pour augmenter la sécurité alimentaire dans certains pays.

1.2.3. Importance de la diversité génétique et ressources de germoplasmes

1.2.3.1 Rôle des variétés sauvages

Chez la pomme de terre, les variétés sauvages jouent un rôle très important dans l'amélioration génétique de celle-ci depuis quelques décennies. Les pommes de terre commerciales cultivées depuis longtemps souffrent d'une génétique réduite causée par leur domestication au fil des

années (Machida-Hirano, 2015). L'utilisation d'un nombre limité de parents (variétés commerciales) cause un goulot d'étranglement génétique chez la pomme de terre (Machida-Hirano, 2015). Cependant, l'utilisation de parents sauvages ainsi que de cultivars primitifs offrent un réservoir riche de gènes en demande au courant des 20 et 21^{ème} siècles (Machida-Hirano, 2015). L'introduction de ces gènes est très importante pour l'amélioration de la résistance des pommes de terre aux maladies et pour renforcer leur résilience environnementale. La conservation de variétés sauvages demeure très importante pour la création de nouvelles variétés de pomme de terre puisque les programmes d'amélioration variétale sont passés d'une sélection phénotypique à une sélection génomique. Cette sélection génomique se spécialise en transfert d'allèles spécifiques pour certains gènes et une accélération de l'introgession de traits complexes tels que les résistances aux maladies, la tolérance au stress ainsi que l'aptitude à la transformation (Bethke et al., 2019).

1.2.3.2 Conservation et utilisation des ressources génétiques

Comme mentionné précédemment, les variétés sauvages sont très importantes pour le développement de nouveaux cultivars répondant aux demandes émergentes de cultivars résistants aux maladies et à certains stress. Pourtant, certaines variétés sauvages demeurent sous-représentées dans les importantes banques génétiques de pomme de terre situées en Amérique du Sud (Castaneda-Alvarez et al., 2015). Il est donc recommandé de procéder à une conservation de variétés de type sauvages et patrimoniales in situ, sur la ferme, ainsi que ex situ, soit dans les banques génétiques (Tuttle et al., 2017). Dans les programmes d'amélioration génétique modernes, l'accès aux banques génétiques est très important encore une fois en raison des demandes de certains gènes et traits précis. Ces demandes ont pour but d'intégrer ces gènes vers de nouvelles variétés commerciales utilisant les techniques génomiques développées au cours des dernières années (Bethke et al, 2019).

1.3 Difficultés présentes et amélioration variétale chez la pomme de terre

1.3.1. Maladies clés affectant la production de pomme de terre

1.3.1.1 *Mildiou (Phytophthora Infestans)*

Le mildiou causé par l'oomycète *Phytophthora Infestans* (*P. Infestans*) est la maladie la plus destructrice chez la pomme de terre. Malgré d'importants efforts faits dans le domaine de l'amélioration variétale au cours des dernières années, le développement de variétés résistantes au mildiou reste très difficile à accomplir (Berindean et al., 2024). Cette difficulté à créer de nouveaux cultivars vient du fait que le pathogène *P. Infestans* s'adapte très facilement et rapidement aux gènes de résistance de la pomme de terre et possède un génome très complexe (Berindean et al., 2024). Au fil des années, une surutilisation de fongicides afin de prévenir l'éclosion de *P. Infestans* a mené à l'émergence de variétés de pathogènes étant résistantes à ces fongicides (Angmo et al., 2023). À la suite de cette adaptation du pathogène, le développement variétal de cultivars résistants est devenu une alternative durable aux fongicides en utilisant les gènes de résistance de type R provenant de variétés sauvages, ainsi que de loci de résistance quantitative (QRLs) (Angmo et al., 2023). Les techniques d'édition génomique qui ont émergé au cours des dernières années permettent de faciliter l'empilement de gènes de résistance et d'effecteur du pathogène (Paluchowska et al., 2022). À leur tour, l'empilement de gènes de résistance et d'effecteur permet aux nouvelles variétés de pomme de terre de posséder une résistance à large spectre à *P. Infestans* et offre une solution durable à la surutilisation de fongicides (Paluchowska et al., 2022).

Pour résumer, le pathogène *P. Infestans* s'adapte très rapidement et surmonte les stratégies de résistance fondées sur un seul gène de résistance. L'accessibilité aux ressources génétiques de variétés sauvages demeure limitée, posant un problème pour les nouvelles techniques d'amélioration génétique telles que MAS, cis-genics, l'hybridation, la sélection génomique ainsi que l'édition génétique (Berindean et al., 2024). Malgré les difficultés rencontrées dans la

création de nouvelles variétés de résistance, l'utilisation de cultivars résistants reste une solution beaucoup plus durable que la surutilisation de fongicides causant l'adaptation du pathogène à ces fongicides ainsi que des dommages environnementaux.

1.3.1.2 Cyste nématode (*Nématode doré*)

Le cyste nématode, aussi nommé nématode doré est une peste importante qui peut mener à une perte allant jusqu'à 80% du rendement chez la pomme de terre, et ce, même avec une population de petite quantité (Evans et al., 1975). Le nématode doré peut aussi persister dans le sol contaminé jusqu'à une vingtaine d'années (Minnis et al., 2002). Cette peste est d'ailleurs considérée comme type de quarantaine en Europe, c'est-à-dire qu'un champ contaminé doit être mis en quarantaine pour une certaine période avant de pouvoir planter à nouveau des pommes de terre (EPPO, 2017). Le nématode doré n'affecte pas seulement le rendement, mais réduit la taille des tubercules, de la matière sèche étant une qualité importante dans la transformation de pomme de terre, et de la qualité générale de la pomme de terre lors de l'étape de transformation (Orlando, 2022).

Comme chez *P. Infestans*, l'utilisation de produits chimiques comme les pesticides afin de traiter et de prévenir une infestation cause des problèmes environnementaux importants. De plus, le nématode doré a la capacité de développer une résistance à ces pesticides (Spychalla et De Jong, 2024). Encore une fois, la méthode la plus durable est de créer de nouvelle variété résistante à l'aide de programmes d'amélioration variétale. Compte tenu que le nématode doré possède une capacité similaire à *P. Infestans* à s'adapter facilement aux gènes de résistance R, les sources de gènes provenant de variétés sauvages restent limitées (Spychalla et De Jong, 2024). Les nouvelles technologies utilisant le MAS ainsi que l'utilisation de la carte de QTL afin d'identifier des régions génomiques contrôlant la résistance permettent donc la possibilité d'avoir de nouveaux cultivars possédant un empilement de gènes de résistance contre le nématode doré (Asano et al., 2012).

1.3.1.3 *Virus PVY*

Bien que le virus Y (PVY) de la pomme de terre soit l'un des virus les plus vieux chez les plantes, ce dernier a de nouveau émergé à la fin du 20^{ième} siècle (Karasev et Gray, 2013), plus particulièrement aux États-Unis. PVY contient plusieurs souches génétiquement diverses provoquant une variété de symptômes foliaires et dans les tubercules, pouvant entraîner une réduction du rendement (Karasev et Gray, 2013). Le PVY est aussi reconnu pour pouvoir évoluer très rapidement dû à ses mutations et recombinaisons génétiques rapides, ce qui permet au pathogène de s'adapter rapidement à de nouveaux cultivars. Présentement, les cultivars commerciaux n'ont pas de résistance à large spectre pour les différentes souches de PVY (Valkonen, 2015). De plus, de nouvelles variantes de souches existantes se croisent avec des recombinants émergents comme le PVY NTN, rendant le développement de nouveaux cultivars résistants très complexe et difficile (University of Idaho, 2025). Afin de mieux comprendre le développement du PVY, un plus grand approfondissement des connaissances des interactions hôtes-virus est requis afin de guider les programmes d'amélioration variétale vers un plus grand taux de succès (Valkonen et al. 2015). Par ailleurs, une autre difficulté causée par le PVY est sa méthode de propagation par les aphides. Ceux-ci n'ont besoin que de quelques secondes pour infecter les plantes de pomme de terre, rendant un traitement chimique peu efficace (University of Idaho, 2025). Toutefois, à travers l'utilisation de techniques MAS, certaines nouvelles variétés telles que la Payette Russet provenant des États-Unis ont démontré une immunité complète à une grande somme de souches de PVY durant des essais expérimentaux (University of Idaho, 2025).

1.3.2. Limitation génétique et sources d'effet d'entraînement génétique

1.3.2.1 *Difficultés avec le gène de résistance Rb*

Parmi tous les gènes de résistance à *P. Infestans*, un des plus connus et utilisés est le gène *Rb*. Ce gène provenant de la variété sauvage *Solanum bulbocastanum* a été introduit, depuis sa

découverte au début du 21^{ème} siècle, dans des lignées de pommes de terre cultivées (Song et al., 2003). Le gène *Rb* est reconnu pour donner à la plante une défense forte contre le pathogène *P. Infestans*. Cependant, il demeure difficile d'utiliser ce gène puisqu'il possède de grandes différences au niveau de la structure génomique et peut aussi causer un effet de liaisons défavorables (Song et al., 2003). Par ailleurs, le gène *Rb* est souvent utilisé lors de la création d'un nouveau cultivar possédant une pyramide de gènes de résistance puisque celui-ci a tendance à avoir des résultats positifs lors des tests de résistance (Zhu et al., 2011). En revanche, le gène *Rb*, en plus d'avoir des effets de liaisons défavorables, a une réponse variée face au *P. Infestans* dépendamment du fond génétique de la pomme de terre (Shadil et al., 2017).

Malgré les difficultés rencontrées lors de la manipulation du gène *Rb*, celui-ci s'avère être l'un des meilleurs gènes de résistance contre *P. Infestans*. Ce dernier a démontré lors d'essais qu'il est très difficile pour le pathogène de s'adapter à ce gène et de le contrer. De plus, les plantes ayant une réponse positive à la présence du gène ont démontré un ralentissement de la progression du pathogène (Halterman et Middleton, 2012).

L'utilisation du gène *Rb* dans des programmes d'amélioration génétique demeure donc très importante à la suite de ses habilités à ralentir la progression de *P. Infestans*, tout en étant une barrière difficile à franchir pour ce pathogène. Ces caractères positifs sont assez importants pour contrebalancer les difficultés provenant du maniement de ce gène.

1.3.2.2 Balancer la résistance avec performance agronomique

Comme mentionné précédemment, la présence de certains gènes de résistance peut entraîner des effets de liaisons défavorables à la plante. Ces effets peuvent affecter l'apparence, le rendement, etc. Il a donc été établi chez les producteurs qu'un cultivar étant résistant au mildiou identifié à partir de carte QTL est souvent étroitement lié aux régions génomiques en lien avec la croissance, la vigueur, la maturité et d'autres traits en lien avec la croissance de la pomme de terre (Haggard et al., 2014). Chez les variétés sauvages, les allèles de résistance localisés sur

certaines loci peuvent aussi avoir un effet sur la qualité des traits agronomiques de façon positive ou négative (Haggard et al., 2014). Il est d'ailleurs reconnu que l'introgession provenant des parents de cultures sauvages peut avoir plusieurs effets bénéfiques sur la résistance aux maladies et aux pestes, ainsi que sur la tolérance au stress, mais reste très affecté par les effets de liaisons défavorables affectant la performance agronomique du cultivar (Bohra et al., 2022).

Pour réduire les effets causés par des liaisons défavorables, les nouvelles techniques de MAS et d'outils moléculaires fondés sur l'ADN permettent aux programmes d'amélioration génétique d'isoler plus précisément les loci de résistance. Encore une fois, l'avancée de la science et des outils génomiques facilite donc l'intégration de gènes R de grande importance vers de cultivars élites sans avoir d'effets secondaires négatifs dans les traits phénotypiques de la pomme de terre (Ortiz et al., 2020).

1.3.3. Stress lié à l'environnement et adaptabilité climatique

1.3.3.1 Tolérance à la sécheresse

À la suite de l'amplification des événements météorologiques extrêmes due aux changements climatiques, il y a une demande grandissante de la part des producteurs de pommes de terre à avoir des variétés résistantes au stress environnemental dont la sécheresse. De plus, les pommes de terre sont reconnues pour être vulnérables aux chaleurs extrêmes à cause de leur système racinaire peu profond et à leurs réponses variées au stress environnemental provenant de leur génotype (Nasir et Toth, 2022). Ces effets environnementaux ont un effet sur le rendement, pouvant affecter la grosseur, le nombre et la qualité des tubercules (Nasir et Toth, 2022). Dans l'absence de variétés résistantes, il est possible de procéder à quelques traitements tels que l'application de paillis et l'utilisation de bonnes techniques d'irrigation afin de protéger les plantes face à ces stress environnementaux (Nasir et Toth, 2022).

Cependant, de nouvelles recherches ont trouvé certains gènes pouvant affecter la tolérance à la sécheresse chez la pomme de terre tels que le gène StDHN-2 and StERF79 (Wei et al., 2025). Lors de période sèche, une surexpression du gène StERF79 déclenche une suractivité d'enzymes antioxydants et d'accumulation de proline tout en réduisant les dommages d'oxydation (Wei et al., 2025). Ces découvertes récentes permettent donc une avenue moléculaire pour augmenter la résistance à la sécheresse chez la pomme de terre.

1.3.3.2 Température extrême et résilience au stress

Bien que la sécheresse soit une contrainte pour la pomme de terre, d'autres stress environnementaux tels que les températures extrêmes affectent aussi la pomme de terre. En Nouvelle-Zélande, des tests ont été faits avec des températures supra-optimales ($>25^{\circ}\text{C}$) et les résultats démontrent une chute du rendement de 43-45% ainsi que l'émergence de troubles physiologiques tels que des malformations et le craquement de la pomme de terre (Siano et al., 2024). Des chaleurs extrêmes n'affectent pas seulement les pommes de terre au champ, mais aussi celles en entreposage. Des températures élevées sont aussi reconnues pour altérer fortement la tubérisation de la pomme de terre, affectant négativement la qualité de conservation et la durée de vie commerciale, et pour réduire la viabilité des semences (Sonnewald, 2015).

Peu de travail a été accompli dans la recherche de gènes spécifiques affectant la résistance aux stress environnementaux, mais certains enzymes comme la kinase StMAPKK5 ont été identifiés comme jouant un rôle important dans la tolérance aux chaleurs extrêmes (Zhu et al., 2024). Il serait donc possible de créer une route via le génie génétique ayant pour but d'améliorer la résistance aux chaleurs extrêmes chez la pomme de terre.

1.4 Stratégies d'amélioration variétale et méthodologie

1.4.1. Méthodes d'amélioration variétale conventionnelles

1.4.1.1 *Stratégies de croisement*

Il existe plusieurs stratégies ayant pour but de réaliser le meilleur croisement possible. En premier lieu, il s'agit de bien prédire le succès d'un croisement à la suite des informations relevées à partir des essais de performance provenant des parents et grands-parents (Brown et al., 1988). En utilisant les préférences des sélectionneurs de pomme de terre dérivées d'essais préliminaires sur les clones de première année en plus des informations disponibles sur les parents et grands-parents, les sélectionneurs sont donc en mesure de prédire de manière fiable les performances de chacun des croisements (Brown et al., 1988). Ces prédictions et évaluations préliminaires lors des deux premières années permettent aux sélectionneurs d'avoir une bonne estimation de la performance de chaque croisement dès la troisième année d'essais au champ.

Complémentairement à cette technique, d'autres méthodes accordent encore plus d'importance au choix des parents pour chacun des croisements, principalement dû aux risques de dépressions de consanguinité. Ces stratégies donnent donc plus d'importance sur l'aptitude de croisement des parents, le lien de parenté et l'aptitude à la combinaison pour chacun des parents choisis pour le croisement (Mbugua et al., 2012). De nouvelles techniques telles que l'avancée dans la cartographie génomique de la pomme de terre permettent d'informer les sélectionneurs de l'aptitude générale à la combinaison (GCA) ainsi que l'aptitude spécifique à la combinaison (SCA) pour chacun des parents. Cela permet donc d'optimiser le temps requis pour identifier des croisements ayant du potentiel malgré la complexité génétique de la pomme de terre (Mbugua et al., 2012).

D'autres méthodes telles que le croisement en demi-diallèle peuvent aussi fournir de l'information supplémentaire aux sélectionneurs à propos de la transmission de certains traits

autres que le rendement tels que le temps à maturité et la qualité (Ruiz et al., 2022). Plus précisément, le croisement en demi-diallèle est un schéma de croisement où chaque parent est accouplé à un sous-ensemble d'autres parents, tout en excluant les croisements réciproques et l'autofécondation. En utilisant cette méthode, il a été démontré que le GCA et SCA peuvent influencer de façon significative certains caractères tels que la maturité et la couleur de la chaire (Ruiz et al., 2022).

1.4.1.2 Sélection phénotypique

Traditionnellement, la sélection de pomme de terre à travers un programme d'amélioration variétale s'appuie très souvent sur un système de pointage évalué à partir des traits visuels phénotypiques tels que le rendement, la qualité et l'apparence visuelle (Bradshaw et al., 2022). Ces sélections se font souvent à partir des essais faits en serre et dans les essais préliminaires au champ. Malgré son côté pratique, cette méthode de sélection est reconnue pour avoir une faible efficacité dans l'amélioration des traits quantitatifs chez les nouveaux croisements (Bradshaw et al., 2022). Puisque ces traits ont souvent une faible hérédité et que les traits phénotypiques sont reconnus pour être influencés par l'environnement, les programmes d'amélioration variétale s'appuyant fortement sur une sélection phénotypique ont une longue durée et limite les gains génétiques à chaque année (Bradshaw et al., 2022). Malgré ses faiblesses, l'évaluation et la sélection de pomme de terre à partir de traits phénotypiques demeurent grandement utilisées dans les premières étapes de sélection, et demeure une technique efficace pour la sélection d'un nombre élevé de plantules (Selga et al., 2021). Cette technique de sélection est aussi simple à suivre et efficace sur le plan des coûts. Cependant, la sélection phénotypique manque d'efficacité pour la sélection de traits plus complexes. En combinant une sélection phénotypique avec des tests de descendance chez les parents, l'utilisation de CSA/GSA et les outils génomiques disponibles, il est possible d'optimiser l'étape de sélection lors des premières étapes d'un programme d'amélioration variétale (Ruiz de Arcaute et al., 2022).

1.4.1.3 Evaluation des essais au champ

Il existe plusieurs types d'essais au champ utilisés à travers les programmes d'amélioration variétale. En premier lieu, le Augmented Block Design (ABD) est utilisé dans les premiers stades de sélection lorsque plusieurs nouveaux clones sont testés mais la quantité de tubercules est limitée (Gopal et al., 1992). Les parcelles sont non-répliquées, mais plusieurs cultivars sont utilisés comme contrôle.

Lors du stade intermédiaire jusqu'au stade avancé d'un programme, un essai de type Randomized Complete Block Design (RCBD) est utilisé puisqu'il reste peu de clones en comparaison au début d'un programme et le nombre de tubercules est suffisant pour faire plusieurs répétitions au champ. Un RCBD consiste à avoir un génotype par chaque bloc, et chaque bloc consiste de répliqués répartis dans un champ afin de nullifier les effets environnementaux sur les pommes de terre. Cette technique est souvent utilisée aussi afin de comparer des génotypes sous des conditions uniformes en réduisant la variation causée par l'environnement (Love et al., 1997). Elle permet aussi l'utilisation de variétés contrôles pour l'évaluation de la variation de l'environnement ainsi que l'utilisation de techniques de comparaison statistique telles que ANOVA.

Lorsque les champs utilisés possèdent une grande variation causée par l'environnement et que la méthode RCBD n'est pas suffisante pour contrer ces variations, la méthode Alpha Lattice peut donc être utilisée. Au lieu d'utiliser tous les génotypes pour chaque répétition, cette technique utilise des blocs incomplets ne possédant pas tous les génotypes, par exemple tester 100 génotypes différents avec deux répliqués plantés par bloc de 10 génotypes localisés à deux endroits différents (Bradshaw et al., 1998). Cette technique fonctionne bien avec une grande quantité de génotypes et lorsque le champ est considéré extrêmement hétérogène.

Des essais multi-environnements sont aussi utilisés au cours des dernières étapes d'un programme. Ces essais ont consisté à évaluer les génotypes et les interactions

environnementales ainsi que la stabilité de chaque génotype dans plusieurs environnements (Sleper et al., 1984). Les essais multi-environnements vont souvent utiliser une structure RCBD. Malgré les coûts logistiques, cette technique d'évaluation au champ permet d'obtenir des données stables et d'évaluer l'adaptabilité de chaque génotype ce qui est essentiel pour prendre des décisions éclairées sur quel génotype pourrait être disponible sur le marché commercial.

De plus, le schéma d'évaluation split-plot est utilisé principalement pour des essais à propos de différents traitements tels que l'irrigation et ses effets sur les génotypes. Deux parcelles d'essai sont donc utilisées afin d'obtenir de l'information sur le traitement ou bien pour une évaluation de la tolérance aux stress environnementaux (Mahmood et al., 2008). Chaque parcelle principale est donc divisée en plus petite parcelle contenant une variété de génotypes mis à l'essai.

1.4.2. Approches biotechniques modernes

1.4.2.1 Sélection avec marqueurs moléculaires (MAS)

L'utilisation de MAS est devenue au cours des dernières décennies une pierre angulaire des techniques d'amélioration génétique de la pomme de terre. Dès le début des années 2000, plus de 350 marqueurs moléculaires avaient déjà été cartographiés à travers les 12 chromosomes de pomme de terre, et plus de 25 gènes majeurs tels que des gènes de résistance ont été localisés (Barone, 2004).

De plus, l'utilisation de marqueurs pour test par réaction en chaîne par polymérase (PCR), plus précisément des marqueurs spécifiques aux 11 allèles ont démontré leur habileté à identifier les clones ayant une meilleure qualité telle que la couleur, la teneur en amidon et le rendement (Li et al., 2013). Les clones possédant une combinaison d'allèles favorables démontrent des performances significativement supérieures comparés aux combinaisons d'allèles défavorables, démontrant les habiletés du système MAS pour des traits quantitatifs et polygéniques (Li et al., 2013).

L'utilisation de MAS a aussi eu comme effet l'augmentation de l'efficacité de la sélection de clones résistants dès les premières années d'un programme d'amélioration variétale. Lorsque des marqueurs caractérisant une séquence génétique sont utilisés, il est possible d'identifier des gènes de résistance Rpi afin de pouvoir identifier rapidement la présence de gènes de résistance complexe (Beketova et al., 2021). Cette identification hâtive permet de réduire de moitié le travail en éliminant les lignées non-résistantes (Beketova et al., 2021).

L'application de MAS pour la sélection de clones ayant une résistance aux maladies telles que PVY et le mildiou permet aussi de réduire les coûts liés à la main d'œuvre, aux essais d'inoculation et aux essais sur feuilles détachées (Felcher et al., 2019). En plus, l'identification de gènes par MAS permet d'identifier les parents nécessaires pour réaliser un bon croisement possédant un empilement de gènes bénéfiques (Felcher et al., 2019).

De nouvelles techniques combinant l'utilisation de MAS avec des outils génomiques telles que les essais Kompetitive Allele Specific PCR (KASP), puce à SNP, l'étude d'association pangénomique et le séquençage génomique permettent le traçage de gènes R et QTL à travers une lignée et ses descendants (Islam et al., 2024).

Pour résumer, l'utilisation de marqueurs moléculaires permet d'identifier certains traits affectant la sélection d'un clone ou d'une lignée très rapidement, efficacement et précisément très tôt durant la progression d'un programme d'amélioration variétale.

1.4.2.2 Sélection génomique (GS)

Similairement au MAS, la sélection génomique utilise les informations recueillies à partir de l'utilisation de marqueurs d'ADN pour sélectionner les meilleurs clones ou lignée et ce, à travers tout le génome de la pomme de terre. La méthode de GS utilise un système de valeurs compilant les données provenant du génome de la pomme de terre s'appelant valeurs de reproduction estimées par génomique (GEBVs). De récents tests utilisant GS et GEBVs ont permis

l'évaluation au fil des années de près de 400 clones pour des traits spécifiques tels que la couleur, la gravité spécifique et la maturité de la plante. En utilisant les valeurs GEBVs, les données recueillies ont permis l'identification de clones performants selon les critères énumérés précédemment de manière précise et constante (Pandey et al., 2023). Malgré sa récente introduction dans le domaine d'amélioration variétale chez la pomme de terre, l'utilisation de la sélection génomique a démontré un certain potentiel pour la sélection de traits liés à la transformation.

Cependant, la sélection génomique en pomme de terre présente certaines limites lorsqu'elle est appliquée de manière intergénérationnelle. Par exemple, Selga et al. (2021) ont montré que l'utilisation de données issues de clones avancés pour prédire la valeur génétique de clones précoces donne une précision limitée, car les générations tardives ont déjà subi une forte sélection réduisant la diversité allélique disponible. En revanche, la précision des valeurs génétiques estimées (GEBVs) s'améliore nettement lorsqu'on applique la GS au sein de familles complètes, où la parenté élevée et les fréquences alléliques similaires permettent une meilleure prédiction. De même, Pandey et al. (2023) soulignent que la GS est particulièrement efficace lorsqu'elle cible des groupes apparentés et qu'elle peut accélérer l'amélioration de caractères complexes comme la qualité de friture et la maturité. Par ailleurs, Aalborg et al. (2024) ont confirmé que, même avec un nombre limité de marqueurs, la GS peut offrir une prédiction robuste pour des caractères à forte héritabilité, à condition que les modèles soient entraînés dans des populations proches de celles où la sélection est appliquée. Ensemble, ces résultats suggèrent que la SG est plus performante lorsqu'elle est mise en œuvre de façon ciblée dans les familles ou aux étapes intermédiaires/avancées des schémas de sélection, plutôt que comme outil généralisé à l'ensemble des générations.

1.4.2.3 Technique de modification du génome (CRISPR/Cas9)

L'édition du génome, en particulier grâce au système CRISPR/Cas9, constitue aujourd'hui une avancée majeure pour l'amélioration génétique de la pomme de terre. En raison de la complexité

de son génome à hétérozygotie élevée et hérédité tétrasomique, les méthodes conventionnelles de sélection restent lentes et limitées. Les approches CRISPR permettent des modifications ciblées et rapides, réduisant ainsi le recours à de longs cycles de rétrocroisements et évitant les problèmes d'hérédité de gènes indésirables (Chincinska et al., 2023). Des travaux récents ont montré que cette technologie peut renforcer la résistance aux stress environnementaux, comme la sécheresse et la salinité, par l'édition de gènes de sensibilité tels que StDMR6-1 (Karlsson et al., 2024).

D'autres études mettent en évidence son rôle dans l'amélioration de la qualité nutritionnelle et industrielle, notamment par la modification du profil en amidon ou la réduction de composés toxiques et du brunissement enzymatique (Sapakhova et al., 2025). En parallèle, l'édition génétique accélère le développement de variétés plus résistantes aux maladies et mieux adaptées aux changements climatiques, tout en ouvrant la voie à des lignées sans transgène, favorables à l'acceptabilité réglementaire et sociétale (Hofvander, 2022). Ainsi, CRISPR/Cas9 s'impose comme un outil essentiel pour surmonter les limites biologiques et accélérer la modernisation des programmes de sélection de la pomme de terre.

1.5 Objectifs de recherche et hypothèses

1.5.1. Buts spécifiques de la recherche

1.5.1.1 Analyse comparative de schémas d'amélioration génétique

Cette étude cherche à comparer deux différents schémas de sélection, plus spécifiquement le schéma standard utilisé au Centre de Recherche de la Pomme de Terre du Québec (CRPTQ) et le schéma accéléré. L'objectif est d'évaluer la performance de chaque schéma dans l'identification de clones potentiels, en prenant compte des ressources disponibles. Cette approche comparative cherche à savoir si le schéma accéléré peut égaler ou surpasser le schéma conventionnel utilisé par le CRPTQ en termes de précision et d'efficacité.

1.5.1.2 Evaluation de l'efficacité de la sélection

Un des objectifs principaux est l'évaluation de l'efficacité de la sélection chez les sélectionneurs à identifier les meilleurs clones selon les statistiques recueillis à travers deux sites et deux schémas. Cela inclut l'examen de la consistance des sélections de la part des sélectionneurs à travers plusieurs répétitions et les chances que les meilleurs clones soient sélectionnés de façon constante pendant deux ans et dans quel schéma ont-ils été sélectionnés. Cette étude utilise ces évaluations afin d'observer si le schéma accéléré améliore ou nuit au procédé de sélection.

1.5.1.3 Analyse des traits génétiques et de la stabilité du rendement

Un autre but de cette étude est d'observer les traits agronomiques clés, plus particulièrement le rendement et l'apparence du matériel génétique utilisé (pommes de terre). Une stabilité du rendement à travers les sites est considérée comme une mesure clé puisque celle-ci représente l'adaptabilité des clones sélectionnés et la robustesse de la méthode de sélection. De plus, cette étude souhaite observer les différences potentielles au niveau du rendement et de l'apparence pour chaque famille utilisée lors de l'étude, plus spécifiquement l'impact du gène *Rb* sur l'apparence et le rendement.

1.5.2. Hypothèse à propos de l'efficacité de sélection

1.5.2.1 Résultats attendus des méthodes d'amélioration génétique

Dans le cadre de cette étude comparative, nous nous attendons à ce que le schéma accéléré permette une amélioration de la précision des sélections par rapport au schéma standard. Plus spécifiquement, l'augmentation du nombre de clones disponibles pour la sélection finale et la diminution de la pression de sélection devraient conduire à une meilleure représentation des clones statistiquement supérieurs parmi les sélections retenues.

Nous anticipons également que le schéma accéléré favorise une meilleure stabilité des résultats entre sites et familles, en réduisant l'effet des conditions environnementales spécifiques telles que la position en bordure de champ ou l'hétérogénéité du sol. Ainsi, il devrait offrir une meilleure capacité à identifier les clones supérieurs, indépendamment de leur localisation au champ. De plus, le recours à des répétitions supplémentaires et à une évaluation élargie des clones permettra de limiter les erreurs liées à des conditions locales défavorables, augmentant la robustesse de la sélection.

Enfin, nous prévoyons que l'utilisation du schéma accéléré se traduira par une meilleure sélection des clones d'apparence supérieure et potentiellement commercialisables, contribuant à une sélection plus efficace dans les premières phases d'un programme d'amélioration variétale et à un gain de temps global dans ce processus.

1.6 Plan de la structure de la thèse

1.6.1. Description du chapitre 2 – article scientifique

La recherche présentée au chapitre 2 s'intéresse à l'amélioration du procédé de sélection de la pomme de terre dans un contexte de culture organique et de lutte contre le mildiou (*P. infestans*). L'étude compare deux schémas de sélection : le schéma standard, actuellement en utilisation au CRPTQ et un schéma accéléré conçu pour accroître la précision des choix des sélectionneurs lors des premiers stades de sélection au champ. Le schéma accéléré a aussi été conçu afin de réduire de quelques années le temps requis pour un clone à se rendre sur le marché.

Le projet s'est déroulé sur deux sites et a mobilisé des producteurs et sélectionneurs d'expérience variée. Ces quatre participants ont été utilisés comme sélectionneurs lors de l'étude. Les clones porteurs du gène de résistance *Rb* ont été évalués en parallèle avec des clones non résistants dans le schéma standard afin d'analyser les effets potentiels de l'hérédité de gènes indésirables. Dans le schéma accéléré, la méthode de MAS a été utilisée afin de faire une pré-

sélection de clones possédant le gène de résistance *Rb*. Les données recueillies incluent le rendement, le nombre de tubercules, la qualité visuelle (apparence, couleur, présence de maladies secondaires) et les préférences exprimées par les sélectionneurs.

Les résultats montrent que le schéma accéléré améliore la cohérence des sélections et met à disposition un plus grand nombre de clones de qualité lors de l'étape finale, bien que les différences statistiques marquées aient été limitées à certaines catégories comme l'apparence. Concernant le gène *Rb*, son efficacité en matière de résistance est confirmée par la littérature, mais son intégration peut réduire le rendement selon les familles étudiées, confirmant la présence possible d'un effet de liaisons défavorables.

En conclusion, l'étude démontre que l'intégration de certains attributs provenant du schéma accéléré, comme l'utilisation d'un système s'inspirant du RCBD ainsi que l'utilisation de MAS comme méthode de pré-sélection constitue une voie prometteuse pour renforcer la précision des programmes de sélection et soutenir le développement de variétés résistantes, durables et adaptées aux besoins des producteurs, notamment en agriculture biologique.

1.6.2. Méthodes, résultats et analyses

1.6.2.1 Schémas expérimentaux

Comme mentionné précédemment, l'étude a reposé sur la comparaison de deux schémas de sélection de la pomme de terre : le schéma standard, actuellement utilisé au CRPTQ, et un schéma accéléré conçu pour améliorer la précision de la sélection dans les premières années de sélection en plus de réduire la durée d'un programme d'amélioration variétale. Dans le schéma standard, un tubercule par clone était planté à un mètre d'intervalle lors de la première année de culture, puis dix tubercules par clone étaient cultivés à intervalles standards (20–30 cm) lors de la deuxième année. Ce dispositif correspond à la pratique courante dans les programmes de sélection, qui privilégie un grand nombre de clones évalués rapidement mais avec peu de

répétitions initiales. À l'inverse, le schéma accéléré repose sur la plantation de plusieurs individus du même clone, disposés en répétition dès la première année, avec un schéma en blocs aléatoires. Cette approche visait à augmenter la représentativité des clones, réduire l'effet de la variabilité environnementale et permettre une sélection plus fiable dès les premières années. Les deux dispositifs ont été implantés simultanément sur deux sites contrastés : la ferme expérimentale de l'Université Bishop's (sol argileux et compact) et le site du CRPTQ à Baie-Comeau (sol sableux avec certaines maladies telles que la rhizoctonie).

La sélection des clones a été réalisée par quatre évaluateurs ayant des niveaux d'expérience différents, dans le cadre d'une démarche participative. La première année, la pression de sélection imposée était forte, soit environ 80% dans le schéma accéléré et 90 % dans le schéma standard. La deuxième année, la sélection a été plus souple, avec un objectif de 50 % des clones retenus, évalués cette fois sur plusieurs critères : rendement, nombre de tubercules, poids moyen par tubercule et apparence visuelle. Une étape finale a permis aux sélectionneurs d'identifier leurs dix meilleurs clones par site et par schéma, sur la base des données cumulées des deux années de suivi.

1.6.2.2 Analyse statistique

L'ensemble des données récoltées a fait l'objet d'analyses statistiques adaptées à la nature des variables mesurées. Les comparaisons de rendement, du nombre de tubercules et des notes d'apparence entre les différents dispositifs et sites ont été réalisées au moyen d'analyses de variance (ANOVA), complétées par des tests t pour comparer des moyennes spécifiques lorsque la distribution des données le permettait. Des tests du chi-carré ont également été utilisés pour évaluer la fréquence de sélection de certains clones, notamment les variétés témoins, et vérifier si celles-ci étaient choisies plus souvent que ce qui serait attendu par hasard.

Afin de prendre en compte la structure hiérarchique des données et la variabilité entre sites, entre familles et sélectionneurs, des modèles mixtes généralisés ont été employés. Ces modèles

permettaient d'intégrer des effets aléatoires (par exemple, liés aux évaluateurs ou aux répétitions de blocs) tout en testant l'effet fixe des schémas expérimentaux. Des modèles de régression linéaire ont aussi été utilisés pour identifier des tendances associées aux critères qualitatifs (tels que l'apparence) et leur relation avec les performances agronomiques. Enfin, des représentations graphiques telles que des cartes de chaleur ont été générées pour visualiser la répartition spatiale du rendement et des notes dans les champs, et pour mieux détecter les effets de structure environnementale.

CHAPITRE 2

ÉTUDE COMPARATIVE ENTRE DEUX SCHÉMAS DE SÉLECTION DANS L'AMÉLIORATION VARIÉTALE CHEZ LA POMME DE TERRE

Comparative study between two selective methods in potato breeding programs

En attente de publication dans Agroecology and Sustainable Food Systems

Auteurs : Guillaume Ravel, Peter Moffett and Darren Bardati

2.1 Résumé de l'article

La pomme de terre (*Solanum tuberosum* L.) constitue la troisième culture vivrière la plus importante au monde et joue un rôle central dans la sécurité alimentaire. Sa production est cependant menacée par des maladies dévastatrices comme le mildiou (*Phytophthora infestans*), particulièrement problématique en agriculture biologique où peu de traitements sont disponibles. L'introgession du gène *Rb*, issu d'espèces sauvages, offre une forte résistance mais peut induire des effets défavorables sur le rendement. Dans ce contexte, l'amélioration génétique et l'optimisation des méthodes de sélection apparaissent essentielles, en particulier au Québec où les conditions climatiques variables et l'absence de semences locales résistantes accentuent la vulnérabilité des producteurs.

Ce chapitre compare deux schémas de sélection : le schéma standard (STD), utilisé au CRPTQ, et un schéma accéléré (ACC), conçu pour accroître la précision des sélections dès les premières étapes. L'étude, menée sur deux sites avec quatre sélectionneurs et quatre familles clonales, a évalué le rendement, l'apparence des tubercules et les effets du traînage génétique associé au gène *Rb*.

Les résultats montrent que l'ACC favorise la capture d'un plus grand nombre de clones performants, notamment parmi les 15 % supérieurs, tout en conservant davantage de clones porteurs du gène *Rb*. Toutefois, il génère une plus forte variabilité inter-sélectionneurs,

nécessitant une normalisation statistique. Le STD, plus conservateur et stable, limite le progrès génétique en restreignant le bassin de clones retenus et n'est pas aussi précis pour la sélection de clones statistiquement supérieurs.

En conclusion, l'ACC se révèle plus efficace pour identifier rapidement des clones prometteurs et résistants, mais son utilisation doit être encadrée par des analyses rigoureuses. Cette approche offre des perspectives méthodologiques prometteuses pour développer des variétés adaptées aux systèmes agricoles durables et renforcer la sécurité alimentaire régionale.

2.1.1. Originalité du travail publié

Cette recherche apporte plusieurs contributions à la communauté travaillant sur l'amélioration génétique de la pomme de terre. Elle propose d'abord une évaluation du schéma accéléré, démontrant son potentiel à accroître la précision des sélections tôt dans les programmes et à optimiser leur efficacité, en particulier pour ceux disposant de ressources limitées. L'étude fournit en outre de nouvelles connaissances sur le gène *Rb*, confirmant son rôle dans la résistance au mildiou tout en soulignant ses limites potentielles liées au *linkage drag*, ce qui encourage le recours à des stratégies combinant plusieurs sources de résistance. Enfin, en comparant deux environnements contrastés, elle met en évidence l'importance d'essais multi-sites et multi-années pour garantir la robustesse et la stabilité des résultats, contribuant ainsi à la réflexion globale sur la durabilité des programmes de sélection et leur impact sur la sécurité alimentaire.

2.1.2. Apport des auteurs

G. R. est premier auteur de cette étude. L'étude a été conçue par G.R. et G.R. a réalisé toutes les prises de données, analyses statistiques et création de tableaux et figures. G.R. a rédigé le manuscrit avec le soutien de P.M. et D.B.

2.1.3. Référence complète de l'article

En attente de publication

2.2 **Comparative study of breeding methods in potato breeding in Quebec**

2.2.1. Abstract

This study presents a comparative analysis of two potato breeding schemes: a standard design used at the CRPTQ (Centre de Recherche de la Pomme de Terre du Québec) and an accelerated design aimed at improving early-stage selection. Trials were conducted at two sites with the participation of four selectors in a participatory framework. The trial included xx clones that were the result of crosses between germplasm containing the late blight resistance (*Rb* gene) and were evaluated for yield and tuber appearance. Results show that the accelerated (ACC) design enhanced consistency and broadened the pool of quality clones in contrast to the standard design (STD), although linkage drag effects from *Rb* were observed. Overall, the ACC offers promising methodological advantages for developing resistant, high-performing varieties suited to sustainable agriculture.

2.2.2. Introduction

The development of potato cultivars that are resistant to diseases is desirable to reduce the use of chemicals used in conventional agriculture and to ensure a sufficient yield of desirable potatoes for organic producers. Since very few treatments are available to organic farmers to address potato diseases, there is a need for studies that test and evaluate breeding methods to identify resistant clones and breed for those resistant clones as early as possible. This can potentially help farmers grow desirable potatoes under organic management and to do so under a reasonable amount of time (Ghorbani et al., 2004).

This paper discusses a three-year study focused on late blight—a common disease afflicting potato cultivation worldwide—where both potato producers and breeders participated in the selection and evaluation of late blight-resistant potato cultivars for desirable yields and traits.

Late blight is caused by the oomycete *Phytophthora infestans* and can cause important damage to potato crops (Haverkort et al., 2016). Late blight can have an important impact on food security since potato crops are the third most important crop and the most important non-grain crop grown around the world (Devaux et al., 2021). To counter late blight, potato producers often spray their fields with chemicals (Fry et al., 2015), but very little can be done for organic producers. Over the years, breeders have used resistant cultivars to breed new varieties of potato for both organic and conventional producers. The use of resistance genes coming from wild species has been proposed in the past by Dempewolf et al. as a method of improving food security (Dempewolf et al., 2014). Among others, the *Rb* resistance gene has been introduced into breeding programs (Song et al., 2003), such as breeding research from the Centre de Recherche de la Pomme de Terre du Québec (CRPTQ). This resistance gene originates in the wild species *Solanum bulbocastanum* found in Central and South America.

In Quebec, the yield of potatoes under organic management is reduced compared to conventional production. Nitrogen availability is considered the main source of variance in yield at 48%, while the presence of *Phytophthora infestans* is responsible for 26% of the variance found in yield (Möller et al., 2006). For the province of Quebec, the ever-changing meteorological conditions during summers can lead to an increase in the presence of *Phytophthora infestans*, as was observed during the summer of 2023 (Cook et al., 2011). Furthermore, late blight is known to rapidly adapt to resistance genes (Birch et al., 2013) as well as to build resistance to fungicides (Rhouma et al., 2024). In addition, Quebec has very little choice when it comes to resistant cultivars for both conventional and organic production. The province must does import resistant cultivars for both seed and tuber production from other provinces and countries, which impacts Quebec’s potatoes producers’ revenues.

Organic producers remain the most affected by the presence of late blight, as very few resistant cultivars specifically for organic production are available in the province and few treatments are possible for destructive pathogens such as *P. Infestans*. Producers must import seeds from other parts of Canada or from other countries to fill their demands. As stated by Winter *et al.*, (2021) strategies such as an increase in organic seed production can be put in place to overcome the many obstacles organic breeders face. This is especially true for organic potato producers in the province of Quebec.

As Winter *et al.*, (2021) outline in their strategies to improve the organic breeding and seed production sector, more importance should be placed on the breeding of varieties amenable to organic production. The Netherlands has succeeded in creating a program where resistant potatoes are being bred for organic growers and made available to many seed producers (Almekinders *et al.*, 2017). Potato breeding methods have been heavily studied in the past, and it has been reported that phenotypic selection in the early years of a program is not as accurate as has been previously thought (Bradshaw, 2008). Although current breeding practices are known to lack accuracy, Bradshaw notes that it was efficient to use phenotypic selection in the early years to discard as many clones as possible early in a program (Bradshaw *et al.*, 2017). Current selection methods in Quebec use the widely adopted PPM system (Plant per Meter), which consists of a phenotypic evaluation of each new clone based on one potato plant planted at one-meter intervals during the first year or two in the field.

The tools available to selectors in breeding programs are important to make accurate and efficient selections of clones to be kept in a program and which ones to discard, especially in the early years of a breeding program (Tai *et al.*, 1984). Large-scale programs, which can include hundreds of crosses with thousands of new clones, can often tolerate the inaccuracies of current breeding methods in the early years of a program (Bradshaw, 2022), but small-scale breeders may not have the luxury of discarding potentially viable clones, especially early during the first's selections process. The usage of marker-assisted selection (MAS) has also become an important tool for the selection of clones during the early stages of a breeding program (Slater

et al., 2013; Slater et al., 2014). The usage of these new scientific tools may increase the accuracy of breeders when breeding for new, improved cultivars and shorten the time require to release new cultivars as it can currently take up to 15 years to do so. These tools can also help crop productivity and further improve food security (Gebhardt et al., 2013).

The purpose of this study is to evaluate the accuracy of the standard program in use by the CRPTQ, one of the main potato breeders in Quebec, and compare it to a newly designed accelerated program that could increase the accuracy of the selection done in the early stages of a potato breeding program. We think that the changes offered by the proposed accelerated program can compensate for some of the lack of accuracy in the standard program without reducing its efficiency. We also suggest having several participatory selectors from different breeding backgrounds in order to have the best possible results after the selection process. This project proposes alternatives to the current system by adding replications of trial plots and by increasing the number of tubers per plot. An increase in selection accuracy could be beneficial to breeders, especially to small-scale breeders that cannot afford to discard potentially viable clones in the first few selections of their breeding programs. Some results could also affect larger-scale programs in their methods used in the early stages of their breeding programs.

2.2.3. Materials and methods

In 2020-2021, seedlings from four different crosses originating from the germplasm bank of the CRPTQ were rooted directly in 3L pots containing a Pro-Mix substrate. The seedlings were placed in a greenhouse and the pots were covered for a week to 10 days to maintain the humidity levels during the time of the rooting of the seedlings. The plants were kept in the greenhouse until maturity.

2.2.3.1 Multiplication of family 1-4

A total of 147 seeds from each family (see Table 1) were planted in Grodan (rockwool) and grown in an immersion table for four weeks. The sheets of grodan were imbued with a fertilizing solution (115 gr 6:11:15, 85 gr CaNO₃/100 litres, pH 5.7, E.C. 2.5) once a day. After four weeks, two stem cutting below two nodes were taken from each seedling and placed in rockwool next to the original seedling. The original seedling and the cutting were removed from the immersion table after a duration of two to four weeks. They were transferred to 5-inch pots with a substrate of Pro-Mix (no soil). Two new cuttings were added from the original seedling and from the original cutting. The new cuttings were soaked for 5 seconds in an IBA solution of 150ppm and rooted directly in additional 5-inch pot containing Pro-Mix substrate. Up to 10 plants per original seed were grown up to maturity in plastic tunnels following the growing conditions of the CRPTQ. 45 resistant plant and 45 nonresistant plant were selected per family according to their growth and mini-tubers production as some did not grow enough tubers or did not grow at all. Nine minitubers in total were needed per resistant clone were needed per site and a single minituber from nonresistant clone was needed per site.

Table 1. Cross and Family used

Resistance (Parent 1)	Characteristic (Parent 2)	Grand-Parent1	Grand-Parent2	Grand-Parent3	Grand-Parent4	Parent 1	Parent 2	Family#	Selectable Marker
Late Blight	Early	RBBC#3	OAC Temagami	Belle d'Août	Redsen	QP15135.xx	QP11059.06	1	Rb
Late Blight	Niche	RBBC3#1	B1816-5	Inc	Inc	QP15122/132.16	Nova Scotia Blue	2	Rb
Late Blight	Early	RBBC3#2	Annabelle	Belle d'Août	Redsen	QP14086.xx	QP11059.06	3	Rb
Late Blight	Red	RBBC3#2	Annabelle	ZPC 80-239	Impala	QP14086.xx	Red Scarlet	4	Rb

2.2.3.2 Testing for resistance

The presence or absence of the *Rb* resistance gene (Möller et al., 2006) was determined using PCR (*Polymerase Chain Reaction*) In 2021, all retained plants from family 1-4 were tested for the presence of *Rb*. 45 resistant and 45 nonresistant plants were selected per family based on their growth and production of tubers. *Rb*-positive plants were subsequently used for the selection of resistant clones suited for organic producers. The nonresistant plants were used for

the comparison between two different designs, and for the evaluation of the presence of potential linkage drag caused by the *Rb* gene

To do the PCR tests, the plant DNA was extracted following Herrera et al. 2018. A sample of 100mg from the tuber was extracted in 1.2ml tube and stored at -20°C until the extraction. When thawed, the tissue was homogenized in QiagenTissueLyser II apparatus for three minutes at 20Hz. The homogenized sample was subject to centrifugal action of 4000rpm for two minutes. The sample was incubated in 90µl 0.25M NaOH for 1 minute and neutralized with 0.1M Tris-HCl. The sample was shaken up and down gently for 1 minute and subject to centrifugal action of 4000rpm for 10 minutes. The DNA extract was stored at -20°C.

For the identification of the presence of *Rb*, the marker BLB1(F; AAC CTG TAT GGC AGT GGC ATG, R; GTC AGA AAA GGG CAC TCG TG) was used for PCR analysis. RB BC3-1, a variety used by the CRPTQ, was used for positive control and Envol, a popular cultivar in Quebec, was used as negative control. 2µl of the DNA extract sample that has been thawed and frozen at three different occasion was mixed with a solution of 430µl sigma water, 600µl Buffer (thermoscientific phire plant direct PCR kit) 48µl F primer, 48µl R primer and 12µl TAQ. The samples were transferred to a MicroAmp 96 plate. The location A1 and B1 were reserved for the controls and H12 kept empty of DNA extract. The MicroAmp plate was recovered with a plastic pellicle and inserted into a thermocycler for four stages; Stage 1 (1x) 98°C (5m), Stage 2 (10x); 98°C (20s) to 60°C (15s) to 72°C (10s), Stage 3 (25x); 98°C (5s) to 60°C (5s) to 72°C (5s), Stage 4 (1x); 72°C (1m). 20µl of the sample were transferred to a 96 e-gel plate (SYBR Safe Invitrogen, 2% Agarose). We added 3µl of blue dye (0.025g bromophenol blue, 0.025g xylene cyanol, 28ml Sigma water, 12ml glycerol) to 96 sample and distilled water to the most right-handed side column of the e-gel plate. The sample were put through electrophoresis for 8 minutes.

2.2.3.3 *Field design – Standard design*

The best tuber from all retained clones was used as a seed for the field trial of the standard design. Tubers were planted at a 1m interval during the first year on the field. A total of 10% of the planted tubers during the field trials were control varieties, totalling 40 plants, and five different cultivars were used as controls for each family. For the second year in the field, 10 tubers per clone were planted at standard (20-30 cm) intervals in the field. Two plots per family were randomly chosen to have control cultivars. The Keuka Gold cultivar was used as a recurrent control and was located every 10 plots for every family. The clones were placed in ascending order according to the number given during the crossing process. At both ends of each plot, potato plants with tubers of a different color from the research individuals and controls were placed to prevent misidentification during harvesting and data collection. In both years, potato cultivars were also planted in lines bordering the field boundaries to protect the research plots.

2.2.3.4 *Field design – Accelerated design*

The accelerated design involved planting four plants per plot, repeated once, for a total of eight plants from the same clone. Only clones confirmed to carry the *Rb* gene through PCR testing were included in the accelerated design. In the first year in the field, clones in the first repetition were planted in ascending order based on the number assigned during the crossing process. In the second repetition, clones were planted randomly within their respective families. Five different cultivars were used as internal controls per family per repetition. In total, 40 control plots were used for each repetition, with 10 control plots per family, amounting to 80 control plots for the entire accelerated design. In the second year of the field experiment, two repetitions of 10 plants per clone were planted. Tubers were planted at a standard interval within each plot (20–30 cm). The design followed a randomized block design across both repetitions. One cultivar per family was used as an internal control per repetition. In both years, buffer varieties were planted on each research plot, and guard cultivars were planted along the field boundaries

for protection. During both years, border and guard clones were planted following the same protocol as the standard design.

2.2.3.5 Controls and Sites

The control cultivars for Family one consisted of Red Scarlet, Mozart, OAC Temagami, Keuka Gold, and Carola. For Family two, the controls used were Ile Michon, Nova Scotia Blue, Purple Valley, Rode Star, and Russian Blue. The internal controls used for Family three were the same as those for Family one. For Family four, the controls used were Allians, Ampera, Desiree, Red Fantasy, and Red Scarlet. Each row of 20 clones in the standard design included two controls. In the accelerated design, two controls were placed per block of 11 plots. In the second year of field trials, one variety of internal control was used per family: Family 1 used OAC Temagami, Family 2 used Russian Blue, Family 3 used Carola, and Family 4 used Red Scarlet. The controls were planted twice in the standard design and once per repetition—totaling two plots—in the accelerated design.

Two sites were used for this research, each featuring both the standard and accelerated designs in their fields. The first site (Site A), located in the Eastern Townships of Quebec at Bishop's University Experimental Farm in Lennoxville, consisted of abandoned farmland with clay loam soil. Potato crops were among the first to be reintroduced to this previously abandoned land. The second site was situated on the north coast of Quebec, near Baie-Comeau, at the Centre de Recherche de la Pomme de Terre du Québec (CRPTQ). This site has sandy loam soil and has been used for several decades by the CRPTQ for potato breeding purposes.

2.2.3.6 Selection process

A total of four selectors, each possessing varying levels of knowledge in potato breeding and selection, were chosen to participate in a two-year selection study. They were asked to select clones based on their phenotypic traits, with the highest priority given to appearance during both

years of trials. The selectors were instructed to maintain their appearance scores within the standard range of one to nine, as commonly used in potato breeding.

In the first year in the field, clones from the standard design were selected under a 90% selection pressure, meaning only 10% of the clones were chosen. Selectors were required to pick two clones per block of 20 plants from the same family within the standard design. Each family consisted of five blocks, each containing 20 potato plants. If selectors chose cultivars used as controls, they were asked to select again, and their initial selection of the controls was recorded.

Similar to the standard design, the selectors were required to choose two clones per block of 11 clones from the same family. This corresponded to a lower selection pressure of 80%, meaning that 20% of the clones in the accelerated design were selected. If the selectors chose a control clone, it was recorded, and they were asked to select again. It is important to note that the selectors were never informed which plants were controls. For both designs, selection notes consisted of a simple yes or no indicating whether a clone was selected. During the second year of the field trial, selectors for both designs were asked, but not required, to aim for a 50% selection pressure.

All selections made on site A during the first year were planted on site A for the second year of trials, and the same procedure was followed for the clones planted on site B. This resulted in two distinct sets of clones available for selection during the second year of field trials. The selectors had access to all selections made in year 1 for each site, not just their own. They were able to select any clones in the field and were not restricted to choosing only from their year 1 selections.

Only in the second year were selectors free to choose any varieties they preferred, using an appreciation score ranging from 1 to 5, with 5 being the highest and 1 the lowest possible score. Selectors were provided with a sheet detailing the standardized appearance scores for clones in potato breeding, as the appearance scores in the first year had been highly variable.

A final selection exercise was conducted at each site after recording the post-harvest data. All data collected over the two years of selection were made available to the selectors. Each selector at each site had their own unique set of highest-ranked clones chosen over the two years, according to the design used. For the standard design, the final selection consisted of the 15 best clones based on their appearance and appreciation scores assigned by the selectors during year 2. For the accelerated design, a list of the 40 best clones was provided, with all data from years 1 and 2 made available. For both designs, the selectors were asked to review their respective top clones and select the top 10 for each design at each site. Only clones selected during both years of field selection were available to the selectors.

2.2.3.7 Data collection and analysis

Post-harvest data collection was conducted during the first and second years of the accelerated program and in the second year of the standard program. The data collection involved photographing all clones available for selection, including the control, recording the total number of tubers, measuring the total yield (weight) of the clones per plot, assessing flesh and skin color, and noting the presence of scab or other diseases that could affect appearance, such as *Rhizoctonia*. All clones and controls were assigned a standardized appearance score. For the accelerated design, the average yield and number of tubers across both repetitions were also calculated.

Various types of data analysis were conducted during the project. The primary analytical tool used was ANOVA (Kaufmann et Schering, 2014), supplemented by chi-squared tests and t-tests, depending on the data distribution. Additionally, generalized mixed models and linear regression models were employed to determine the significance of the differences observed between the two designs tested.

Prior to conducting the statistical comparisons between the Standard and Accelerated breeding methods, all analysis were preceded by a rigorous evaluation of the underlying model

assumptions. For parametric analysis, the assumptions of normality, homoskedasticity, and independence were assessed. Normality of residuals was examined using the Shapiro–Wilk test since the sample size was under 5000 for all the selectors. Independence of observations was ensured through the experimental design, notably by treating each clone or plot as a distinct experimental unit. Homogeneity of variances across groups was evaluated using Levene’s test.

For mixed-effects models, additional assumptions were verified. Specifically, the distribution of random effects (selector, genotype, replications, genotype x environment interaction) was inspected to confirm approximate normality. In multi-environment analysis, assumptions regarding homogeneity of variances across sites. We also considered how genotypes and environments combine to influence performance. When comparing proportions or selection rates between breeding methods, assumptions associated with categorical tests were evaluated. Furthermore, we verified that expected counts were sufficient and that observations were independent for the chi-square analysis. In cases where assumptions were not met, alternative methods such as Fisher’s exact test or Mann–Whitney U test were employed.

2.2.4. Results

2.2.4.1 *Selection for resistance*

During post-harvest data collection, we measured the yield of all standard and accelerated design plots located at site B. This was done to assess the potential presence of linkage drag associated with the *Rb* gene, which can negatively impact yield (Jo et al., 2014). As shown in Table 3, only family two exhibited a significant difference in yield between *Rb*⁺ and *Rb*[–] clones. Control varieties were expected to outperform the first-year tuber plantings in both designs.

Table 2. Yield in Kg per plot for *Rb*- and *Rb*+ clones for year 1 site B

Yield (Kg) per plot for <i>Rb</i> + and <i>Rb</i> - clones in standard design compared with controls (95% confidence)				
	fam1	fam2	fam3	fam4
Std design <i>Rb</i> ⁻	0.780 ±0.111	0.883 ±0.098	0.583 ±0.104	0.315 ±0.061
Std design <i>Rb</i> ⁺	0.771 ±0.101	0.684 ±0.087	0.578 ±0.091	0.349 ±0.093
Std design controls	1.267 ±0.234	1.156 ±0.286	0.938 ±0.215	0.558 ±0.163
Acc design <i>Rb</i> ⁺	0.895 ±0.116	0.958 ±0.107	1.088 ±0.145	0.822 ±0.142
Acc design controls	1.449 ±0.279	1.641 ±0.319	1.417 ±0.270	1.337 ±0.234
*Estimation of population means and comparison by inspecting overlap of 95% confidence intervals				

Appearance can also be affected by linkage drag associated with the *Rb* gene. During the first year at site B, we observed differences in appearance scores between *Rb*+ and *Rb*- clones in the standard design. However, because the appearance scores assigned by the selectors were not standardized and varied among individuals, our analysis indicated that the selectors themselves had the greatest influence on the variability in appearance scores. No statistically significant differences were found using a paired t-test within each family concerning the presence of the *Rb* gene ($p > 0.05$).

Table 3. Average appearance score in year 1

	Average appearance scores given by the selectors for each family in year 1 (Both sites combined)							
	Family 1		Family 2		Family 3		Family 4	
	Rb-	Rb+	Rb-	Rb+	Rb-	Rb+	Rb-	Rb+
Selector 1	4.78	4.53	4.58	4.42	4.55	4.43	4.46	4.46
Selector 2	4.63	4.78	4.28	4.47	4.53	4.83	4.20	4.67
Selector 3	4.72	4.08	5.24	4.46	4.74	4.26	5.09	4.63
Selector 4	3.71	3.76	3.89	3.37	3.00	2.84	3.41	3.30
average	4.46	4.29	4.50	4.18	4.21	4.09	4.29	4.27
# plots	350	840	350	840	350	840	350	840

2.2.4.2 Results for selection of control cultivars

The selection of cultivar varieties used as controls during the experiment was analyzed to determine whether selectors were choosing control varieties that included some of the most popular cultivars grown in the Province of Quebec. Discussions with experienced breeders established that a competent selector could identify the best available clones. Since the control varieties used are among the most popular, we believe that participating selectors should select the control varieties during the process, even though selectors were not aware of which individuals were controls. We tested the selection of control varieties during the first year, as 10% of the clones planted in year one were controls.

In Figure 1, we observe the total number of controls selected by the selectors for each tested design across both sites. Selector 1 selected 47 controls on site A and 48 on site B in the accelerated design out of 80 control plots. In the standard design, selector 1 selected 17 controls on both sites out of 40 control plots. Selector 2 selected 51 controls on site A and 24 on site B out of 80 controls plots. For the standard design, selector 2 selected 16 and 9 controls plots on site A and B respectively, out of 40 plots. Selector 3 selected 44 controls on site A and 46 on site B in the accelerated design and 14 and 10 controls in the standard design out of 40 control

plots. Selector 4 selected 41 controls on site B in the accelerated design and 10 controls in the standard design. These numbers show that the selectors had a much better accuracy in selecting for the control's varieties in the accelerated design over the standard design as the selectors were selecting around 50% of the controls in the accelerated design and 30% in the standard design. A linear mixed-effects model was fitted with design and site as fixed effects and selector as a random intercept. The design had a significant effect on the number of controls picked ($p = 0.019$), whereas site did not ($p = 0.152$). These results indicate that selection outcomes differed significantly between designs but were not influenced by site. Additionally, we found that Selector 2 selected significantly fewer controls at Site B compared to Site A and to the other selectors. This statistical anomaly may be explained by the potential impact of online selection, as Selector 2 conducted the selection exercise online only for Site B.

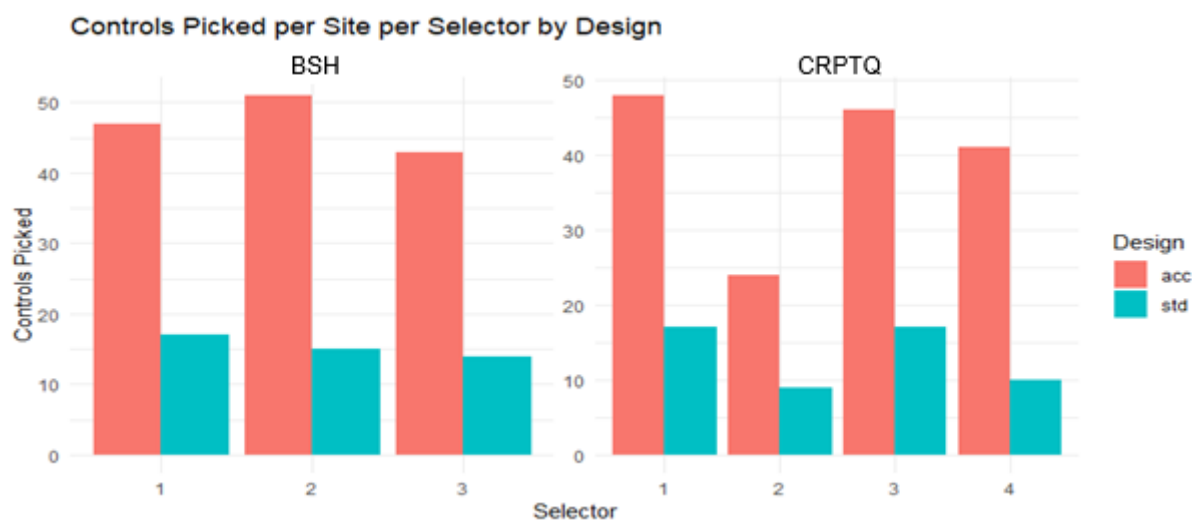


Figure 1. Controls picked per site by design in year 1 of field trials

The figure presents the number of control clones selected by each selector at the BSH (Site A) and CRPTQ (Site B) sites. Bars represent counts of controls chosen under the accelerated (acc, red) and standard (std, blue) selection designs. Each panel corresponds to a site, and selectors within panels are displayed along the x-axis. The visualization enables comparison of selection intensity and design-specific differences in control selection across selectors and sites.

2.2.4.3 Frequency of appearance score and yield across the fields

Based on the data collected at site B, we mapped the yield and appearance scores to represent the location of each plot in the field for both experimental designs. This was done to find out if the potatoes with the best appearance score were evenly spread out or if they were located within a certain area of the field, and if so, evaluate the impact of the field on the appearance of the potatoes. Figure 2 and 3 illustrates a heatmap generated from the yield data of the standard design at site B. We calculated the median yield for both designs: the standard design, which used a single plant per plot, had a median yield of 0.632 kg, while the accelerated design, employing four plants per plot, had a median yield of 0.947 kg. For both designs, a color grading scheme was applied to identify potential spatial trends across the field. We also observed that family 4 exhibited lower yields compared to families 1 through 3. The median yield for family 4 was 0.29 kg, whereas families 1–3 had a median yield of 0.724 kg. A Mann–Whitney U test indicated that this difference was statistically significant ($p < 0.05$). A similar pattern was observed for family 4 in the accelerated design (Figure 3), where the median yield for family 4 (0.735 kg) was lower than that of families 1–3 (0.992 kg). This difference was also statistically significant ($p = 0.0034$).

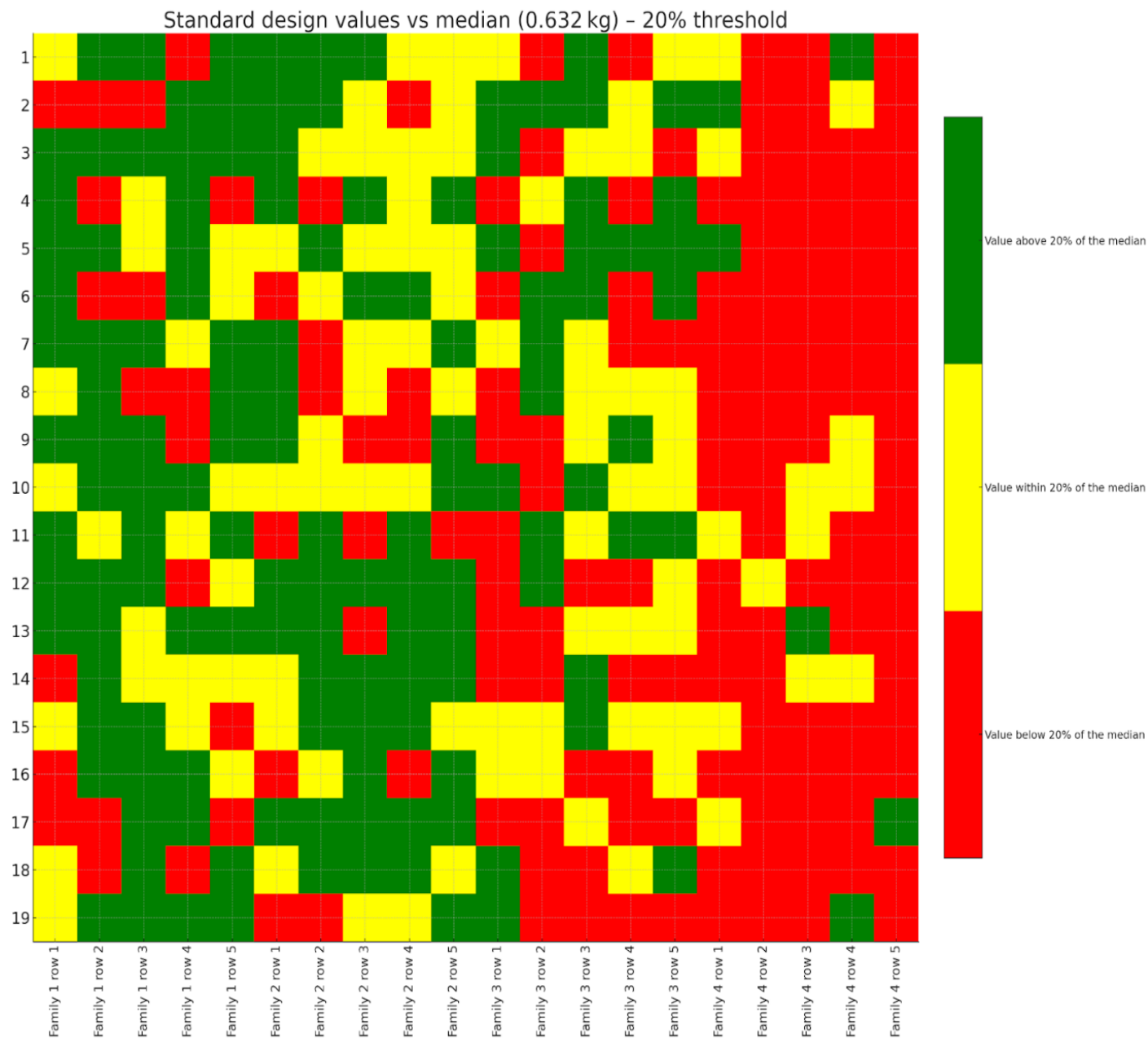


Figure 2. Heatmap from yield data from year 1 on site B for standard design

Yield data from each plot in standard design on site B. Green plots have yield over 20% of median value (0.632kg), yellow plots are within 20% of the median value, red plots are below 20% of the median value. Numbers on the left represent each column, while the x-axis represent the family and its row, as all families have a total of 5 rows each. Does not include data from the protective rows.

Accelerated design values vs median (0.947 kg) – 20% threshold

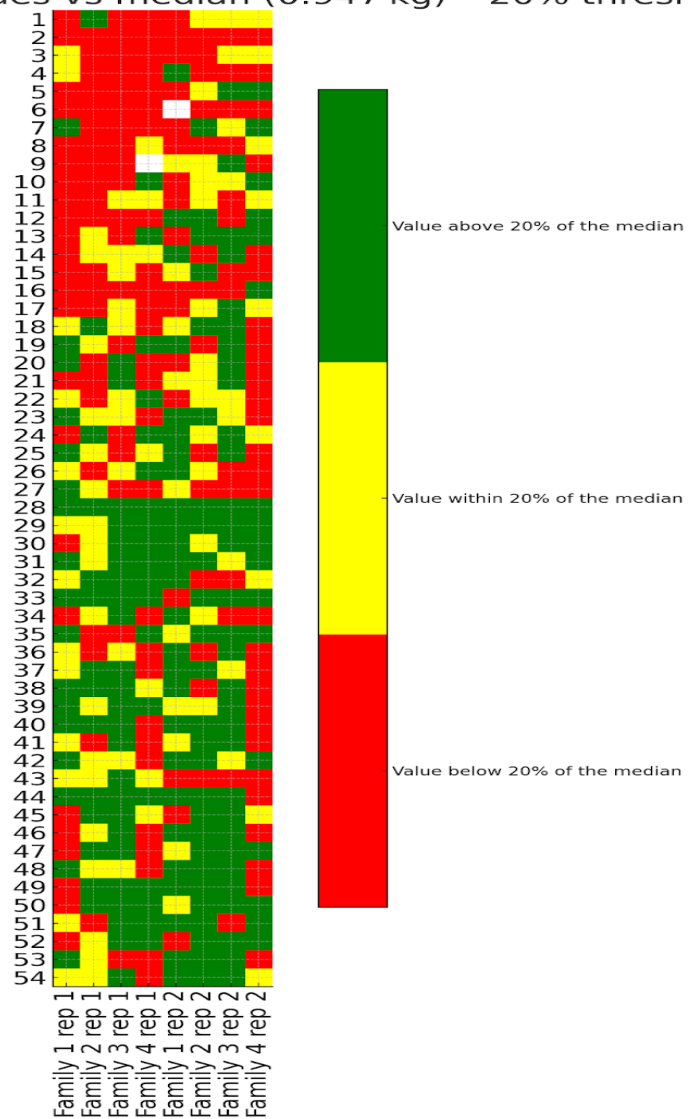


Figure 3. Heatmap from yield data from year 1 on site B for accelerated design

Yield data from each plot in the accelerated design on site B. Green plots have yield over 20% of median value (0.947kg), yellow plots are within +/-20% of the median value, red plots are below 20% of the median value. Numbers on the left represent each column, while the x-axis represent the family and its repetition, as all families have a total of two repetitions each. Does not include data from the protective rows around the field

Despite these statistically significant differences, we further analyzed the yield variation across individual plots in both designs. Figure 4 depicts the yield variation across rows in the standard design and across repetitions in the accelerated design. We observed extreme variation in the accelerated design, whereas the standard design generally showed stable. Although these results suggest that family 4 may be than the other families, the data also indicate substantial variability, likely influenced by environmental factors such as certain rows in the accelerated design being located close to a field edge, on a slight slope, more in the shade or just have poor soil environment and this specific location. The accelerated design's yield graph in Figure 4 highlights this pronounced variation across all plots and repetitions as the yield variation between plots for both repetitions, which were not located next to one another. The accelerated design shows a variation of 1,24kg (± 0.10 kg) per plot with a peak of 2.2kg. In contrast, the standard design which was located within the same area of the field shows a variation of 0,43kg per plot (± 0.05 kg). This highlight that, although both repetitions of the accelerated design were not located next to one another, the variation in yield is much more pronounced when using a large sample size for each clone, which can not be identified using the standard design. Although the family 4 has been identified as a weaker family over the other clones for yield, it was identified after two years as one of the better appearance family, indicating that although the clones used in family 4 have important variations, most likely due to a mix of environmental impacts and genetics, the best clones emerging from family 4 can compete with the other family. This also indicates that clones need to be looked at individually and to not generalize the whole family according to the data gathered.

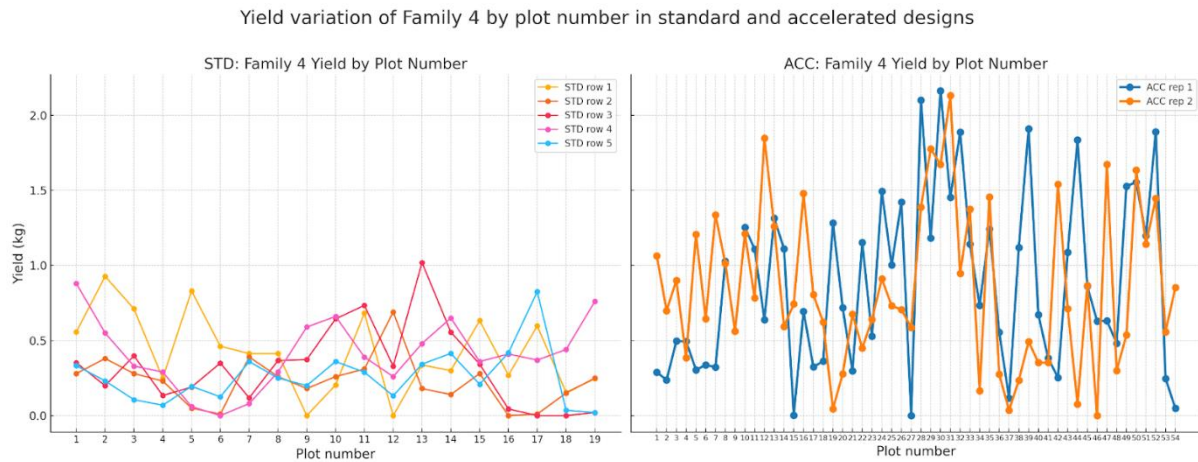


Figure 4. Family 4 Plot-by-Plot Yield in Standard and Accelerated Field Trials

Distribution of tuber yield (kg) for Family 4 across plot numbers in two experimental designs. The left panel shows yields from the standard design (STD), with separate lines representing five field rows (STD rows 1–5). The right panel shows yields from the accelerated design (ACC), with lines corresponding to the two replicated planting sequences (ACC reps 1 in blue and 2 in orange). Yield values (kg) are plotted against plot number for each row or replicate. All colors denote distinct rows as indicated in the legends within each panel.

2.2.4.4 Selection of top statistical clones

During the second year of field trials, we evaluated all *Rb+* clones that made the first selection from both designs at each site. Each clone was assessed across four categories: standardized appearance score, yield per plant, weight per tuber (tuber size), and tubers per plant. For each site, the list of top-performing clones consisted of those within the top 15% based on statistical ranking. Since the number of clones differed between designs at each site during the second year, the number of clones in the top 15% varied accordingly. Site A had a total of 103 clones planted; therefore, the top 15 clones in each category were considered the best in their category. At Site B, 137 clones were planted, so the top 20 clones per category were selected. Combining data from both designs at each site allowed us to identify the best clones for each of the four categories and determine from which design they originated. Although some overlap did occur, especially in the yield categories, we looked at each category individually to observe if the design had a significant impact on the selection for each characteristic evaluated, such as the

appearance, yield, tuber size and tuber production (appearance score, yield per plant, yield per tuber and tuber per plant).

We compared the lists of best clones derived from data collected during the second year of the field trial with the selections made by the selectors in the same year. As shown in Figure 5, the accelerated design demonstrated higher medians and upper quartiles, indicating greater consistency. When comparing the results between designs across the four categories, we found a significant difference ($p < 0.05$) between the two designs only in the appearance category.

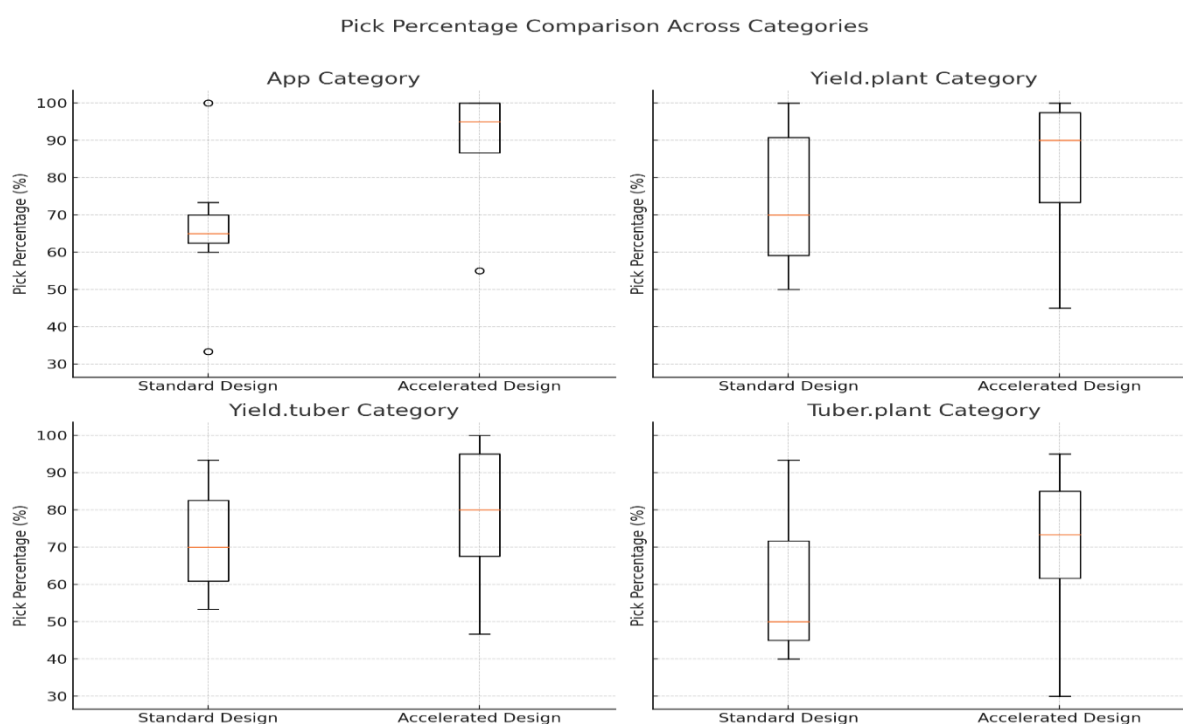


Figure 5. Pick percentage comparison across categories for the selection of clones in year 2 for both design

Boxplots of pick percentages (%) for clones selected under the Standard Design and Accelerated Design across four selection categories: Appearance, Yield per plant, Yield per tuber (Tuber size), and Tuber per plant. Each panel displays the distribution of pick percentages within a category, with medians and interquartile ranges representing data dispersion for the two designs. Outliers are shown as individual points where present. The plots allow visualization of differences in selection intensity between designs across the evaluated categories.

2.2.4.5 Final selection

For the final selection exercise, each selector chose 10 of their best clones from the past two years for each site and design. We compiled the data to determine whether the selectors were selecting the top clones based on post-harvest data for each evaluated category. As shown in Figure 6, more top clones were available for selection in the accelerated design. Additionally, a greater number of top clones were selected in the accelerated design. This can be attributed to the increased number of clones available to selectors in the accelerated design, resulting from the reduced selection pressure in that design. Overall, selectors were able to identify the best statistically available clones evaluated in the previous analysis according to the four categories: appearance, yield, tuber size and tuber production that were available for them to select as final selection as they had selected them in year one and two of the field trials. The selectors were able to select the best statistical clones precisely in the standard design; however, in total, more of the best statistically (best clones according to the previous analysis; appearance, yield, tuber size, tuber production) clones were selected in the accelerated design.

To complete our analysis, we further examined the final selection exercise conducted by the four selectors. This stage involved the selectors' final selection of 10 clones for each design and site. We observed that the clones selected in the standard design generally averaged a rank outside the top 10 in the accelerated design when both clones were available for final selection in both designs. In contrast, the clones selected in the accelerated design typically averaged a rank within the top 10, and sometimes even within the top 5, in the standard design.

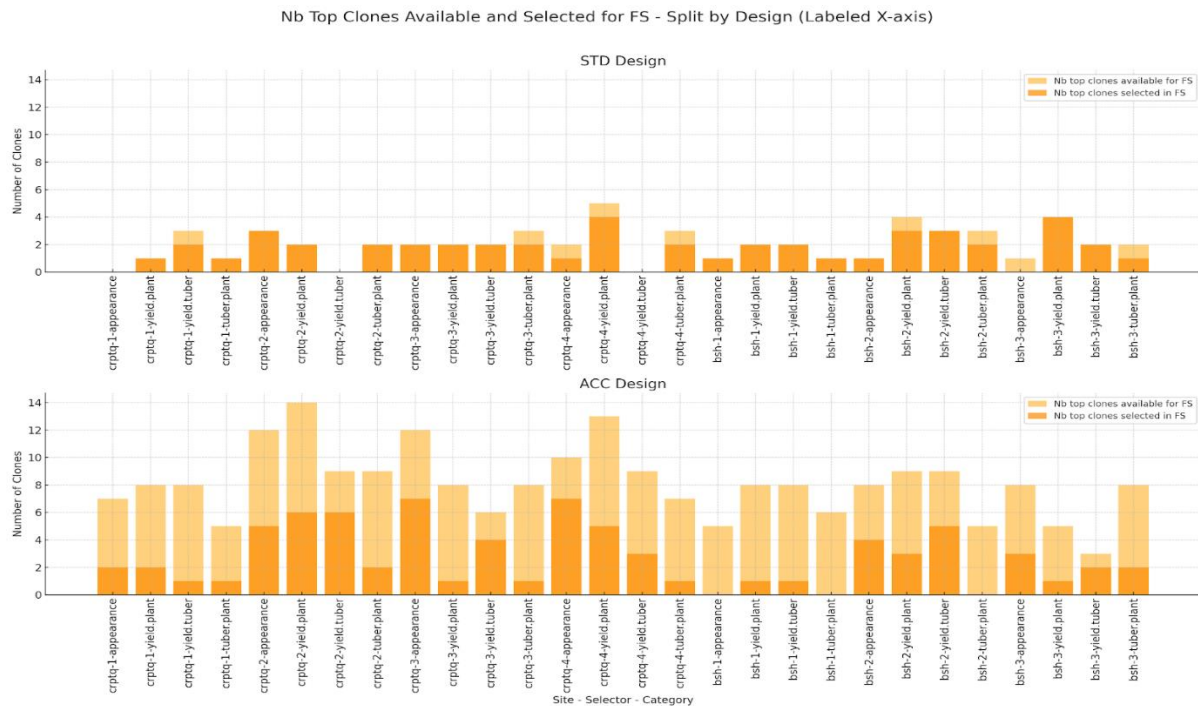


Figure 6. Clones available for final selection and clone selected as final selection by the selectors

Number of top-performing clones available for field selection (FS) and the number ultimately selected, separated by experimental design. The top panel presents results from the Standard Design (STD), and the bottom panel presents results from the Accelerated Design (ACC). Bars represent counts of top clones within each combination of site, selector, and selection category (appearance, yield per plant, yield per tuber/tuber size, and tuber per plant). Light orange bars indicate the number of top clones available for FS, while dark orange bars represent the subset of those clones selected in FS. This visualization enables comparison of selection intensity and availability of high-performing clones across categories, selectors, and designs.

As shown in Figure 7, all selectors with overlapping selections follow the same pattern: overlapping selections from the standard design are ranked much lower than the top 10 in the accelerated design. On average, overlapping selections from the standard design that appear in the final top 10 are ranked 15th. In contrast, overlapping selections from the accelerated design have an average rank of 6th in the standard design. In addition to the differing rankings of overlapping selections between the two designs, we also observe that more overlapping selections are found in the standard design than in the accelerated design.

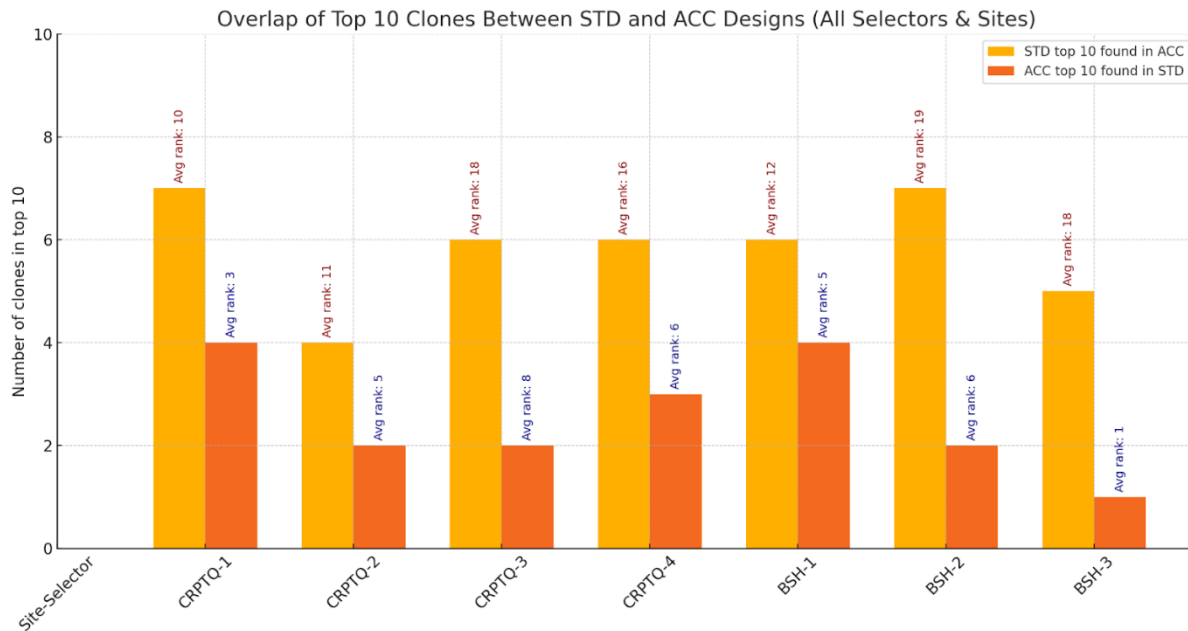


Figure 7. Overlap in the final selection stage in both designs - comparing the average rank of the overlapping clones.

Number of clones appearing in the top 10 under the Standard Design (STD) for each site-selector combination that were also found in the top 10 under the Accelerated Design (ACC), and vice versa. Yellow bars represent the number of STD top 10 clones recovered in ACC rankings, while orange bars represent the number of ACC top 10 clones recovered in STD rankings. Text labels above and within bars report the mean rank of the overlapping clones in the alternate design. This visualization summarizes the degree of ranking concordance between the two selection designs across sites and selectors.

2.2.5. Discussion

The *Rb* gene is known to cause linkage drag (Paluchowska et al., 2022) during breeding. Therefore, we considered it important to investigate whether linkage drag occurred in the initial years of a breeding program, even after several years of backcrosses. As shown in Figures 1 and 2, the presence of the *Rb* gene does not significantly affect the appearance scores assigned by the selectors which came as a surprise to the research group at the CRPTQ as it indicated that their 5th generational backcrosses for the *Rb* gene seemed to have worked. In contrast, there is a significant difference in yield between *Rb*⁺ and *Rb*[–] clones in family 2. It remained difficult to

pinpoint a single reason for this as this can be explained by a weak parental choice for the cross, poor environmental conditions and soil conditions, in addition to the possible case of linkage drag.

Regarding the tested selection designs, the selection of control cultivars conducted in year 1 demonstrated that the accelerated design—with a lower selection pressure of 80% compared to 90%, along with the addition of a replicated selection plot—enabled selectors to select more control cultivars. The inclusion of control cultivars is crucial because it allows for a demonstration that under the trial conditions selectors are indeed selecting clones with commercially desirable traits. If a design allows selectors to consistently select control varieties, it suggests that the design can also improve the accuracy of selecting desirable clones. With a p-value of 0.019 for the effect of the design, we observed further the difference in accuracy for both designs. Accuracy was defined as the proportion of controls selection out of the possible 40 picks for STD and 80 for ACC. The ACC design showed substantially higher accuracy than the STD design at both sites. At BSH (Site A), the accelerated method increased the proportion of controls picked from 0.383 to 0.588, representing a 53.3% improvement. Similarly, at CRPTQ (Site B), accuracy increased from 0.331 to 0.497, corresponding to a 50.0% improvement. These effect sizes ($\Delta = 0.204$ at BSH and $\Delta = 0.166$ at CRPTQ) indicate a robust and biologically meaningful enhancement in selector performance under the accelerated design. We are confident that the accelerated design was significantly superior in enhancing selector accuracy. Although the accuracy improved from a 15–20% control selection rate in the standard design to 45–50% in the accelerated design, selectors still missed 50% of the control cultivars. It is unlikely that, during the initial years of selective potato breeding, recently bred clones can outperform 50% of the controls in the field. Nevertheless, the observed 30% increase in control selection under the accelerated design highlights a meaningful improvement in selector accuracy.

We also observed an anomaly with selector 2 at site B. This anomaly was attributed to the online selection process conducted exclusively by selector 2 at site B for both year one and two. For

the standard design, the online selection involved presenting the selector with images of the potato plant alongside the harvested tubers from the same plant during the field selection during the first year. For the accelerated design, we displayed all harvested potatoes from each of the two plots per clone in plastic bins. As shown in Figure 1, this method led to a decrease in accuracy when selecting control cultivars. Therefore, we do not recommend implementing online selection at this stage.

Several heatmaps were generated based on the yield and appearance scores of each plot. As shown in Figures 2 and 3, the standard design at site B yielded poor results for family 4. However, when examining the accelerated design at site B, family 4 performed better than in the standard design, although it still did not perform as well as the other families in terms of yield. The accelerated design at site B also showed improved results for family 4 compared to the rest of the field. These maps underscore the influence of soil ecosystems and environmental factors surrounding each plot, such as proximity to the field border even with the addition of a single protective row of potatoes surrounding the area of the field used. In the standard design at site B, family 4 was located at the edge of the field, whereas the other families were more towards the center. Both maps suggest an uneven distribution of soil quality and environmental conditions, which is typical in agricultural fields. This heterogeneity can affect clone selection, as some clones might have been chosen if planted in more favorable locations—especially since the individuals from family 4, as shown in Figure 4, are highly variable and environment-dependent. Although experienced breeders may believe they can select clones regardless of environmental effects, it is natural for plants near field boundaries to experience different conditions than those in the field’s interior, such as increased shade and soil compaction. These factors may disproportionately affect clones that are more sensitive to such conditions. Our analyses indicate that duplicating each plot (i.e., adding repetitions in different fields) could assist not only small-scale breeders in making more accurate selections but also enhance the overall accuracy of selection for all breeders.

Similar to the selection of control cultivars, the selection of the statistically best clones found in the field was significantly more effective using the accelerated design, particularly for identifying the best appearance clones. Since appearance is the primary phenotypic trait evaluated during the early years of a breeding program, the ability to successfully select a high percentage of the best appearance clones in the field is crucial. For other categories, the accelerated design also improves the accuracy of selection, although the differences between the two designs are influenced by additional factors. Given that appearance is the main selection criterion in the early stages of breeding programs and considering the significant statistical improvement in selector accuracy favoring the accelerated design, we conclude that the accelerated design is better suited for small-scale breeders during the initial phases of breeding programs.

During the final selection exercise, selectors had access to a greater number of statistically superior clones (best performing clones according to the four categories analysis) in the accelerated design compared to the standard design. This was due to reduced selection pressure in the accelerated design, which allowed selectors to choose more clones during the early years of the selection process. The increased availability of statistically superior clones also resulted in a larger number of these clones being selected as part of the final selection (the selectors' top 10) in the accelerated design than in the standard design. Generally, selectors found it easier to identify the statistically best clones in the standard design; however, the total number of statistically superior clones selected as final choices was higher in the accelerated design. This suggests that increased clone availability during the final selection phase led to a greater number of statistically superior clones being chosen. This outcome is attributed to the reduced selection pressure starting from the first year of field selection.

Furthermore, the average rank of each clone available for final selection is higher in the accelerated design compared to the standard design. In the standard design, selectors ranked the available clones from 1st to 15th, whereas in the accelerated design, they ranked from 1st to 40th. For clones that appeared among the 15 available in the standard design and the 40 available

in the accelerated design, we analyzed their rankings across both systems. As shown in Tables 3 and 4, clones selected in the top 10 of the standard design were, on average, not chosen as part of the final top 10 in the accelerated design. Instead, these clones were ranked around 15th on average in the accelerated design, where 40 clones were available for the final top 10 selection. Conversely, clones selected in the final top 10 of the accelerated design that were also present among the 15 clones in the standard design had an average rank of 5th. This observation demonstrates that the final top 10 clones selected in the standard design—considered the best over two years by the selectors—did not appear within the top 10 in the accelerated design. This suggests that the clones chosen as final selections in the standard design were not necessarily the best possible, as they were generally not ranked within the top 10 in the accelerated design.

2.2.6. Conclusion

Our findings align with previous research highlighting inaccuracies in standard potato breeding programs that base selection primarily on phenotypic traits, such as appearance, during the early years (Bradshaw et al., 2017). While large-scale breeders have the flexibility to discard clones that may have potential or were inaccurately eliminated early on in a program, this is not feasible for small-scale breeding programs, where breeders face pressure to succeed with their initial selections. The usage of MAS as a pre-selection method to specifically target disease resistance, combined with increased replication in the field, has yielded positive results after two years of field trials and selection. Selectors were able to improve their accuracy in identifying desirable control cultivars as well as the best statistical clones within the proposed accelerated design. Our results demonstrated a beneficial effect of transitioning to a four-plant-per-plot selection method from the first year in the field, along with the addition of plot replication. We believe that this accelerated design could positively impact the organic breeding industry by enabling more accurate breeding programs, potentially leading to the earlier availability of marketable varieties compared to standard programs, due to the inclusion of more plants in the field from the first year.

2.3 Acknowledgements

This study was supported by a MITACS grant awarded to D.B., and by funding from the Molson Fund awarded to the Université de Sherbrooke., as well as SeedChange and the CRPTQ. We are grateful to Kristine Naess, for guidance in the design of the study, as well as training and technical assistance throughout the experimentation and data collection. We are also grateful to Hugo Martorell (SeedChange) for technical and organizational support throughout the project. In addition, we would like to thank the following four selectors; Hugo Martorell from SeedChange, Dr. Amina Abed from the CRPTQ, Antoine Bédard from Patate Lac Saint-Jean, and Dr. Benoit Bizimungu from Agriculture Canada. We would also like to thank the staff at Bishop's experimental farm and at the CRPTQ for all their hard work. Finally, we would like to thank Helen Jensen for her initial contribution and getting the adequate funding for the project. Finally, we are also grateful to Isabelle Laforest-Lapointe for assistance and advice on statistical analysis.

2.4 Author contributions

G.R. and D.B. conceived the study with assistance from CRPTQ. G.R. conducted all experiments and data collection with support from CRPTQ. G.R. performed all statistical analysis. G.R. wrote the manuscript with support from P.M. and D.B. All authors reviewed and approved the content of the manuscript.

2.5 Competing interest

The authors declare no competing interests.

2.6 References

- Birch, P. R. J., & Cooke, D. E. L. (2013). The early days of late blight. *eLife*, 2, e00954. <https://doi.org/10.7554/eLife.00954>
- Bradshaw, J. E. (2009). Potato Breeding at the Scottish Plant Breeding Station and the Scottish Crop Research Institute: 1920–2008. *Potato Research*, 52(2), 141-172. <https://doi.org/10.1007/s11540-009-9126-5>
- Bradshaw, J. E. (2021). *Potato Breeding: Theory and Practice*. Springer International Publishing. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-64414-7>
- Bradshaw, J. E. (2022). A Brief History of the Impact of Potato Genetics on the Breeding of Tetraploid Potato Cultivars for Tuber Propagation. *Potato Research*, 65(3), 461-501. <https://doi.org/10.1007/s11540-021-09517-w>
- Cooke, R. J., Schepers, H. T. a. M., Hermansen, A., Bain, R., Bradshaw, N., Ritchie, F., Shaw, D. S., Evenhuis, A., Kessel, G. J. T., Wander, J. G. N., Andersson, B., Hansen, J. G., Hannukkala, A., Naerstad, R., & Nielsen, B. (2011). Epidemiology and integrated control of Potato Late Blight in Europe. *Potato Research*, 54(2), 183-222. <https://doi.org/10.1007/s11540-011-9187-0>
- Dempewolf, H., Eastwood, R. J., Guarino, L., Khourey, C. K., Müller, J. V., & Toll, J. (2014). Adapting Agriculture to Climate Change: A Global Initiative to Collect, Conserve, and Use Crop Wild Relatives. *Agroecology and Sustainable Food Systems*, 38(4), 369-377. <https://doi.org/10.1080/21683565.2013.870629>
- Devaux, A., Goffart, J.-P., Kromann, P., Andrade-Piedra, J., Polar, V., & Hareau, G. (2021). The Potato of the Future: Opportunities and Challenges in Sustainable Agri-food Systems. *Potato Research*, 64(4), 681-720. <https://doi.org/10.1007/s11540-021-09501-4>
- Fry, W. E. (2016). *Phytophthora infestans*: New Tools (and Old Ones) Lead to New Understanding and Precision Management. *Annual Review of Phytopathology*, 54(Volume 54, 2016), 529-547. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-080615-095951>
- Gebhardt, C. (2013). Bridging the gap between genome analysis and precision breeding in potato. *Trends in Genetics*, 29(4), 248-256. <https://doi.org/10.1016/j.tig.2012.11.006>
- Ghorbani, R., Wilcockson, S. J., Giotis, C., & Leifert, C. (2004). Potato late blight management in organic agriculture. *Outlooks on Pest Management*, 15(4), 176-180. <https://doi.org/10.1564/15aug12>
- Haverkort, A. J., Boonekamp, P. M., Hutten, R., Jacobsen, E., Lotz, L. A. P., Kessel, G. J. T., Vossen, J. H., & Visser, R. G. F. (2016). Durable Late Blight Resistance in Potato Through

Dynamic Varieties Obtained by Cisgenesis : Scientific and Societal Advances in the DuRPh Project. *Potato Research*, 59(1), 35-66. <https://doi.org/10.1007/s11540-015-9312-6>

Jo, K.-R., Kim, C.-J., Kim, S.-J., Kim, T.-Y., Bergervoet, M., Jongsma, M. A., Visser, R. G., Jacobsen, E., & Vossen, J. H. (2014). Development of late blight resistant potatoes by cisgene stacking. *BMC Biotechnology*, 14(1), 50. <https://doi.org/10.1186/1472-6750-14-50>

Möller, K., Habermeyer, J., Zinkernagel, V., & Reents, H.-J. (2006). Impact and Interaction of Nitrogen and Phytophthora infestans as Yield-limiting and Yield-reducing Factors in Organic Potato (*Solanum tuberosum* L.) Crops. *Potato Research*, 49(4), 281-301. <https://doi.org/10.1007/s11540-007-9024-7>

Nuijten, E., & Almekinders, C. (2025). The potato sector in The Netherlands : Players, current challenges and opportunities with particular reference to the differences between conventional and organic potato. <https://doi.org/10.18174/693509>

Rhouma, A., Hajji-Hedfi, L., & Atallaoui, K. (2024). Potato late blight : The pathogen, the menace, the sustainable control. *DYSONA - Life Science*, 5(1), 37-51. <https://doi.org/10.30493/dls.2024.445326>

Slater, A. T., Cogan, N. O. I., & Forster, J. W. (2013). Cost analysis of the application of marker-assisted selection in potato breeding. *Molecular Breeding*, 32(2), 299-310. <https://doi.org/10.1007/s11032-013-9871-7>

Slater, A. T., Cogan, N. O. I., Hayes, B. J., Schultz, L., Dale, M. F. B., Bryan, G. J., & Forster, J. W. (2014). Improving breeding efficiency in potato using molecular and quantitative genetics. *TAG. Theoretical and Applied Genetics. Theoretische Und Angewandte Genetik*, 127(11), 2279-2292. <https://doi.org/10.1007/s00122-014-2386-8>

Song, J., Bradeen, J. M., Naess, S. K., Raasch, J. A., Wielgus, S. M., Haberlach, G. T., Liu, J., Kuang, H., Austin-Phillips, S., Buell, C. R., Helgeson, J. P., & Jiang, J. (2003). Gene RB cloned from *Solanum bulbocastanum* confers broad spectrum resistance to potato late blight. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 100(16), 9128-9133. <https://doi.org/10.1073/pnas.1533501100>

Tai, G. C., & Young, D. A. (1984). Early generation selection for important agronomic characteristics in a potato breeding population. *American Potato Journal*, 61(7), 419-434. <https://doi.org/10.1007/BF02852811>

Winter, E., Grovermann, C., Aurbacher, J., Orsini, S., Schäfer, F., Lazzaro, M., Solfanelli, F., & Messmer, M. M. (2021). Sow what you sell : Strategies for integrating organic breeding and seed production into value chain partnerships. *Agroecology and Sustainable Food Systems*, 45(10), 1500-1527. <https://doi.org/10.1080/21683565.2021.1931628>

CHAPITRE 3 DISCUSSION ET CONCLUSION

3.1 Constats, limites et recommandations

3.1.1. Avantages observés

Un premier constat majeur est que le schéma accéléré a permis une sélection plus cohérente et représentative des meilleurs clones au niveau statistique que le schéma standard. En offrant aux sélectionneurs un plus grand nombre de clones de qualité lors de l'étape finale, le schéma accéléré contribue à renforcer la fiabilité de la sélection lors des premières années, un stade souvent identifié comme un point faible des programmes d'amélioration génétique du Québec. Cet apport méthodologique constitue un avantage, en particulier pour les petits programmes de sélection qui ne peuvent se permettre de perdre des clones potentiellement intéressants dès les premières étapes. L'addition de répétitions et d'un passage à quatre plantes par parcelle dès la première année permet aussi aux programmes de sauvegarder beaucoup plus de tubercules, permettant l'utilisation d'essais multisites beaucoup plus tôt.

L'intégration d'une démarche participative représente également un point fort. Elle a permis de diversifier les perspectives en impliquant des sélectionneurs d'expériences variées et de rapprocher la recherche scientifique des besoins des producteurs. Dans un contexte où la culture de pomme de terre souffre d'un manque d'options de lutte contre le mildiou, cette approche s'avère particulièrement pertinente pour orienter la sélection vers des critères pratiques et adaptés.

3.1.2. Limites identifiées

Malgré les difficultés rencontrées au cours de l'étude, tel qu'une réduction du nombre de famille utilisée de 20 à 4 ainsi que l'incapacité de pouvoir utiliser les données offertes par des

producteurs de pomme de terre participant, celle-ci a mis en évidence certaines limites importantes. L'évaluation des clones porteurs du gène *Rb* s'est révélée positive, sauf pour la famille 2. Celle-ci a montré des effets de traînage génétique avec une baisse significative de rendement pour certains clones *Rb*+. Cependant, les sélectionneurs ont eu de la difficulté à identifier et sélectionner les clones témoins de cette famille. Ceci pourrait indiquer que, malgré la présence de traînage génétique, certains clones se sont avérés supérieurs aux variétés contrôles selon les sélectionneurs. Cela signifie que les clones de la famille 2 sélectionnés lors de l'exercice de sélection finale pourraient avoir un potentiel supérieur à celui des variétés commerciales utilisées pour cette famille lors de l'étude. À propos de *Rb*, ce résultat souligne que l'intégration de ce gène ne garantit pas systématiquement des performances agronomiques adéquates pour la vente et la consommation et que son effet dépend fortement du contexte génétique.

Par ailleurs, les analyses ont montré que les sélectionneurs ne choisissaient pas toujours les variétés contrôles, pourtant reconnues pour leur performance tel que démontré par le sélectionneur 2 qui a rarement choisi certaines variétés contrôles tel que l'Ile-Michon. Ce constat met en évidence les limites de la sélection visuelle seule, fortement influencée par la subjectivité et l'expérience individuelle. Enfin, l'impact marqué de l'environnement et du site de culture (sols différents, conditions climatiques variables) rappelle que les résultats obtenus dans un lieu donné ne peuvent être généralisés.

3.1.3. Recommandations pour la suite

À la lumière de ces constats, plusieurs recommandations émergent. Premièrement, l'adoption du schéma accéléré devrait être considérée comme une stratégie à privilégier dans les premières étapes de sélection, notamment lorsqu'il s'agit de programmes limités en ressources. Deuxièmement, l'utilisation du gène *Rb* doit être poursuivie, mais en combinaison avec d'autres sources de résistance, tels que d'autres gènes *R*, afin de réduire les effets indésirables et d'assurer une durabilité face à l'évolution du pathogène.

De plus, la sélection participative pourrait être renforcée par l'intégration d'outils complémentaires, tels que des données de rendement issues de plusieurs environnements, des analyses moléculaires ou encore des outils de phénotypage numérique, afin de réduire la part de subjectivité des choix. Enfin, les résultats suggèrent l'importance de poursuivre l'évaluation multisites et multi-années afin d'identifier les clones les plus stables, capables de maintenir de bonnes performances dans des environnements contrastés.

Cette étude d'évaluation participative des programmes de sélection de la pomme de terre s'inscrit directement dans le cadre global présenté en introduction de la thèse, où la pomme de terre est décrite comme une culture d'importance mondiale pour la sécurité alimentaire, mais aussi particulièrement vulnérable aux maladies et aux changements climatiques. Le recours à des approches participatives dans l'évaluation des clones résistants au mildiou répond ainsi à un double défi : maintenir des rendements stables et réduire la dépendance aux intrants chimiques, enjeu particulièrement crucial en agriculture biologique.

L'étude montre que l'implication des producteurs, des sélectionneurs et des consommateurs dans le processus de sélection permet d'augmenter la pertinence et l'applicabilité des résultats. Dans un contexte où la résistance au mildiou demeure l'un des obstacles majeurs de la culture de la pomme de terre à l'échelle mondiale, l'expérimentation de nouveaux schémas de sélection, tels que le schéma accéléré, apporte une réponse concrète aux limites des méthodes classiques. Comme le soulignent Bradshaw et d'autres chercheurs, la sélection phénotypique réalisée tôt dans un programme, bien que peu précise, reste une étape essentielle dans l'élimination des clones indésirables (Bradshaw & al., 2022). Le schéma accéléré proposé démontre qu'il est possible d'améliorer cette étape, ce qui rejoint les objectifs globaux de modernisation des programmes de sélection présentés dans la thèse.

Enfin, les résultats relatifs à la présence du gène Rb et aux possibles effets d'hérédité de traits indésirables apportent une dimension critique au débat sur l'utilisation de gènes de résistance issus d'espèces sauvages. Si ce gène reste un pilier de la résistance au mildiou, son intégration

peut parfois affecter négativement le rendement, ce qui rejoint les limites évoquées dans l'introduction concernant les barrières biologiques et les effets défavorables liés à certains gènes de résistance. Cela souligne la nécessité de stratégies d'amélioration combinant une bonne utilisation des outils génomiques modernes et diversification des sources de résistance pour limiter les compromis entre rendement et résistance.

3.2 Validation des hypothèses et des buts de recherche

Les hypothèses et les buts formulés au départ de ce projet portaient à la fois sur l'efficacité du schéma accéléré et sur les conséquences possibles de l'adoption du gène Rb dans le matériel génétique évalué. La première hypothèse stipulait que l'utilisation du schéma accéléré permettrait d'augmenter la précision de la sélection dès les premières étapes du programme, sans réduire l'efficacité globale du processus. Les résultats obtenus confirment cette hypothèse de manière générale. En effet, l'approche accélérée a montré une augmentation de précision chez les sélectionneurs pour la sélection de clones supérieurs, statistiquement. Bien que des différences statistiques significatives n'aient été observées que dans la catégorie de l'apparence, la tendance générale suggère que ce schéma de sélection offre une amélioration tangible par rapport au schéma standard et constitue une option méthodologique intéressante pour augmenter la fiabilité des sélections faites tôt lors d'un programme d'amélioration variétale.

Un des buts de l'étude concernait la présence du gène Rb et l'impact de son intégration, pouvant entraîner un effet d'hérédité de traits indésirables susceptibles d'affecter le rendement et la qualité des clones. Les résultats valident cette hypothèse de manière partielle. En effet, une diminution significative du rendement a été observée pour les clones de la famille 2 porteurs du gène Rb, tandis que les autres familles n'ont pas montré de différences notables entre clones Rb⁺ et Rb⁻. Ces observations suggèrent que l'impact du traînage génétique n'est pas systématique, mais dépend fortement du contexte génétique dans lequel le gène est intégré. Cette variabilité rejoint les constats de la littérature, qui souligne la complexité de l'utilisation de

gènes de résistance issus de variétés sauvages et les risques associés à des effets indésirables liés à la structure génomique.

Dans l'ensemble, les hypothèses de recherche trouvent donc une confirmation partielle et nuancée. L'étude démontre que le schéma accéléré constitue une amélioration méthodologique pertinente pour renforcer la précision de la sélection, tandis que l'utilisation du gène Rb, bien qu'indispensable pour conférer une résistance efficace au mildiou, doit être envisagée avec prudence et accompagnée d'une diversification des sources de résistance afin de limiter les compromis entre rendement et durabilité agronomique.

3.3 Conclusion

L'évaluation de deux méthodes de sélection d'un programme d'amélioration variétale de la pomme de terre présentée dans cette étude permet de tirer plusieurs enseignements qui résonnent directement avec les enjeux exposés dans l'introduction de la thèse. D'une part, les résultats montrent que le recours à un schéma expérimental accéléré offre une amélioration méthodologique en augmentant la précision et la cohérence des choix réalisés dès les premières étapes du programme de sélection. En rendant disponible un plus grand nombre de clones de qualité lors des phases ultérieures, ce dispositif contribue à rendre le processus plus robuste et plus précis, ce qui constitue un atout majeur dans un contexte où les programmes de sélection demeurent longs et coûteux. D'autre part, l'approche participative intégrée à cette recherche illustre l'importance de mobiliser les producteurs et les sélectionneurs dans le processus d'évaluation. Cette implication favorise non seulement une meilleure adoption des innovations, mais elle permet également de rapprocher les objectifs de recherche des réalités du terrain, en particulier dans le cas de l'agriculture biologique où les options de lutte contre le mildiou sont limitées.

Par ailleurs, l'analyse des clones porteurs du gène Rb a confirmé à la fois les avantages et les limites de son utilisation. Si ce gène demeure une ressource essentielle pour développer des

variétés résistantes au mildiou, les résultats suggèrent qu'il peut, dans certains contextes génétiques, entraîner des effets indésirables sur le rendement, illustrant ainsi la complexité des compromis entre résistance et productivité. Ce constat rejoint les difficultés évoquées dans l'introduction, où la polyploïdie, la diversité réduite des cultivars commerciaux et les risques de traînage génétique sont identifiés comme des freins structurels à l'amélioration variétale. L'étude souligne donc la nécessité de stratégies combinant l'utilisation de gènes de résistance issus de variétés sauvages, le recours aux outils génomiques modernes et l'évaluation participative, afin de développer des cultivars à la fois résistants, productifs et adaptés aux besoins des producteurs.

Enfin, ces résultats doivent être replacés dans le cadre global de la sécurité alimentaire et de la durabilité de la production agricole. Comme le rappelle l'introduction, la pomme de terre joue un rôle vital dans l'approvisionnement alimentaire mondial tout en demeurant fortement menacée par les maladies et les changements climatiques. Les approches méthodologiques contribuent à renforcer la résilience des systèmes de production, à réduire la dépendance aux intrants chimiques et aux importations de semences, et à offrir des solutions durables pour sécuriser les rendements. En ce sens, l'étude confirme que l'avenir de l'amélioration génétique de la pomme de terre repose sur une articulation étroite entre innovations scientifiques et actualisation des outils traditionnels, tels que la sélection phénotypique, afin de répondre aux défis croissants de sécurité alimentaire et de durabilité agricole.

BIBLIOGRAPHIE

- Adekanmbi, T., Wang, X., Basheer, S., Nawaz, R. A., Pang, T., Hu, Y., & Liu, S. (2023). Assessing Future Climate Change Impacts on Potato Yields—A Case Study for Prince Edward Island, Canada. *Foods*, 12(6), 1176. <https://doi.org/10.3390/foods12061176>
- Adekanmbi, T., Wang, X. (Xander), Basheer, S., Liu, S., Yang, A., & Cheng, H. (2023). Climate change impacts on global potato yields: A review. *Environmental Research: Climate*, 3. <https://doi.org/10.1088/2752-5295/ad0e13>
- Agarwal, S., & Fulgoni, V. L. (2021). Intake of Potatoes Is Associated with Higher Diet Quality, and Improved Nutrient Intake and Adequacy among US Adolescents: NHANES 2001-2018 Analysis. *Nutrients*, 13(8), 2614. <https://doi.org/10.3390/nu13082614>
- Ahmad, D., Zhang, Z., Rasheed, H., Xu, X., & Bao, J. (2022). Recent Advances in Molecular Improvement for Potato Tuber Traits. *International Journal of Molecular Sciences*, 23(17), 9982. <https://doi.org/10.3390/ijms23179982>
- Ahmed, S., Hussain, A., Tariq, M., Riaz, U., Fareed, A., Farooqi, Z. U. R., Ikram, N., Khan, Z., Ahmad, M., & Imam, J. (2023). Effect of Irrigation Regimes and Nitrogen Levels on Growth and Yield of Cotton Genotypes Under Climate of Multan. *Plant Bulletin*, 2, 69-81. <https://doi.org/10.55627/pbulletin.002.02.0365>
- Ahrari, A., Ghag, K., Mustafa, S., Panchanathan, A., Gemitzi, A., Oussalah, M., Kløve, B., & Torabi Haghighi, A. (2023). Assess the Impact of Climate Variability on Crop Yield Using Remote Sensing Data (SSRN Scholarly Paper No. 4646859). *Social Science Research Network*. <https://doi.org/10.2139/ssrn.4646859>
- An, Y., & Zhang, M. (2024). Advances in understanding the plant-Ralstonia solanacearum interactions: Unraveling the dynamics, mechanisms, and implications for crop disease resistance. *New Crops*, 1, 100014. <https://doi.org/10.1016/j.ncrops.2024.100014>
- Angmo, D., Sharma, S. P., & Kalia, A. (2023). Breeding strategies for late blight resistance in potato crop: Recent developments. *Molecular Biology Reports*, 50(9), 7879-7891. <https://doi.org/10.1007/s11033-023-08577-0>
- Armstrong, M. R., Vossen, J., Lim, T. Y., Hutten, R. C. B., Xu, J., Strachan, S. M., Harrower, B., Champouret, N., Gilroy, E. M., & Hein, I. (2019). Tracking disease resistance deployment in potato breeding by enrichment sequencing. *Plant Biotechnology Journal*, 17(2), 540-549. <https://doi.org/10.1111/pbi.12997>

- Asano, K., Kobayashi, A., Tsuda, S., Nishinaka, M., & Tamiya, S. (2012). DNA marker-assisted evaluation of potato genotypes for potential resistance to potato cyst nematode pathotypes not yet invading into Japan. *Breeding Science*, 62(2), 142-150. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.62.142>
- Beals, K. A. (2019). Potatoes, Nutrition and Health. *American Journal of Potato Research*, 96(2), 102-110. <https://doi.org/10.1007/s12230-018-09705-4>
- Berindean, I. V., Taoutaou, A., Rida, S., Ona, A. D., Stefan, M. F., Costin, A., Racz, I., & Muntean, L. (2024). Modern Breeding Strategies and Tools for Durable Late Blight Resistance in Potato. *Plants*, 13(12), 1711. <https://doi.org/10.3390/plants13121711>
- Bethke, P. C., Halterman, D. A., & Jansky, S. H. (2019). Potato Germplasm Enhancement Enters the Genomics Era. *Agronomy*, 9(10), 575. <https://doi.org/10.3390/agronomy9100575>
- Bettoni, R. (2023). The Contribution of Potatoes to Global Food Security, Nutrition and Healthy Diets. *American Journal of Potato Research*. <https://doi.org/10.1007/S12230-018-09697-1>
- Birch, P. R. J., & Cooke, D. E. L. (2013). The early days of late blight. *eLife*, 2, e00954. <https://doi.org/10.7554/eLife.00954>
- Bodensten, E. (2021). A societal history of potato knowledge in Sweden c. 1650–1800. *Scandinavian Journal of History*, 46(1), 42-62. <https://doi.org/10.1080/03468755.2020.1752301>
- Bohra, A., Kilian, B., Sivasankar, S., Caccamo, M., Mba, C., McCouch, S. R., & Varshney, R. K. (2022). Reap the crop wild relatives for breeding future crops. *Trends in Biotechnology*, 40(4), 412-431. <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2021.08.009>
- Bowles, T. M., Mooshammer, M., Socolar, Y., Calderón, F., Cavigelli, M. A., Culman, S. W., Deen, W., Drury, C. F., Garcia y Garcia, A., Gaudin, A. C. M., Harkcom, W. S., Lehman, R. M., Osborne, S. L., Robertson, G. P., Salerno, J., Schmer, M. R., Strock, J., & Grandy, A. S. (2020). Long-Term Evidence Shows that Crop-Rotation Diversification Increases Agricultural Resilience to Adverse Growing Conditions in North America. *One Earth*, 2(3), 284-293. <https://doi.org/10.1016/j.oneear.2020.02.007>
- Bradshaw, J. E., Dale, M. F. B., & Mackay, G. R. (1998). Inheritance of dormancy and tuber sprout elongation in a tetraploid × diploid potato cross. *Annals of Applied Biology*, 132(2), 281–292. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.1998.tb05199.x>
- Bradshaw, J. E. (2022). A Brief History of the Impact of Potato Genetics on the Breeding of Tetraploid Potato Cultivars for Tuber Propagation. *Potato Research*, 65(3), 461-501. <https://doi.org/10.1007/s11540-021-09517-w>
- Brown, J., Caligari, P. D. S., Dale, M. F. B., Swan, G. E. L., & Mackay, G. R. (1988). The use of cross prediction methods in a practical potato breeding programme. *Theoretical and Applied Genetics*, 76(1), 33-38. <https://doi.org/10.1007/BF00288828>

Burgos, G., Zum Felde, T., Andre, C., & Kubow, S. (2020). The Potato and Its Contribution to the Human Diet and Health. In H. Campos & O. Ortiz (Éds.), *The Potato Crop : Its Agricultural, Nutritional and Social Contribution to Humankind* (p. 37-74). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-030-28683-5_2

Côté, C. (2025, 21 mai). *Faits saillants de l'Enquête sur la pomme de terre au Québec – Écoulement de la récolte 2023*. Institut de la statistique du Québec. <https://statistique.quebec.ca/fr/produit/publication/faits-saillants-enquete-pomme-terre-quebec-ecoulement-recolte-2023>

Cooke, R. J., Schepers, H. T. a. M., Hermansen, A., Bain, R., Bradshaw, N., Ritchie, F., Shaw, D. S., Evenhuis, A., Kessel, G. J. T., Wander, J. G. N., Andersson, B., Hansen, J. G., Hannukkala, A., Naerstad, R., & Nielsen, B. (2011). Epidemiology and integrated control of Potato Late Blight in Europe. *Potato Research*, 54(2), 183-222. <https://doi.org/10.1007/s11540-011-9187-0>

de Haan, S., & Rodriguez, F. (2016). Chapter 1—Potato Origin and Production. In J. Singh & L. Kaur (Éds.), *Advances in Potato Chemistry and Technology* (Second Edition) (p. 1-32). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-800002-1.00001-7>

Devaux, A., Goffart, J.-P., Kromann, P., Andrade-Piedra, J., Polar, V., & Hareau, G. (2021). The Potato of the Future : Opportunities and Challenges in Sustainable Agri-food Systems. *Potato Research*, 64(4), 681-720. <https://doi.org/10.1007/s11540-021-09501-4>

Devaux, A., Kromann, P., & Ortiz, O. (2014). Potatoes for Sustainable Global Food Security. *Potato Research*, 57(3), 185-199. <https://doi.org/10.1007/s11540-014-9265-1>

Dupuis, B., Nkuriyingoma, P., & Ballmer, T. (2024). Economic Impact of Potato Virus Y (PVY) in Europe. *Potato Research*, 67(1), 55-72. <https://doi.org/10.1007/s11540-023-09623-x>

EPPO. (2017). PM 7/40 (4) *Globodera rostochiensis* and *Globodera pallida*. EPPO Bulletin, 47(2), 174-197. <https://doi.org/10.1111/epp.12391>

Eriksson, D., Carlson-Nilsson, U., Ortiz, R., & Andreasson, E. (2016). Overview and Breeding Strategies of Table Potato Production in Sweden and the Fennoscandian Region. *Potato Research*, 59(3), 279-294. <https://doi.org/10.1007/s11540-016-9328-6>

Evans, K., Franco, J., & Descurrah, M. M. (1975). Distribution of species of potato cyst nematodes in south-america. *Nematologica*, 21(3), 365-369. <https://doi.org/10.1163/187529275x00103>

Fulgoni, K., & Fulgoni, V. L. (2022). Certain dietary patterns including potatoes are associated with higher and lower diet quality and physiological measures in children and adults, NHANES 2001-2018. *Frontiers in Nutrition*, 9, 987861. <https://doi.org/10.3389/fnut.2022.987861>

Fuller, K. B., Adhikari, K., Crants, J., Frost, K., Gudmestad, N., Maas, A., McIntosh, C., Miller, J., Moore, A., Rosen, C., Thornton, M., Pasche, J., & Stasko, A. (2025). The economic performance of soil health practices in potato production systems. *Renewable Agriculture and Food Systems*, 40, e7. <https://doi.org/10.1017/S1742170525000055>

Galstyan, M., Sayadyan, H., Meliqyan, A., Sahakyan, A., Sahakyan, N., Martirosyan, H., Aleqsanyan, V., & Hakobjanyan, I. (2024). Economic-ecological assessment of multi-crop small-scale model farms in the Republic of Armenia (piloting results from Gegharqunik region). *Functional Food Science - Online* ISSN: 2767-3146, 4(11), 401-412. <https://doi.org/10.31989/ffs.v4i11.1506>

Gopal, J., Gaur, P. C., & Rana, M. S. (1992). Early generation selection for agronomic characters in a potato breeding programme. *TAG. Theoretical and Applied Genetics. Theoretische Und Angewandte Genetik*, 84(5-6), 709-713. <https://doi.org/10.1007/BF00224173>

Gouvernement du Québec. (2022). *Culture de la pomme de terre*. <https://www.quebec.ca/agriculture-environnement-et-ressources-naturelles/agriculture/industrie-agricole-au-quebec/productions-agricoles/culture-pomme-terre>

Haggard, J. E., Johnson, E. B., & St. Clair, D. A. (2013). Linkage Relationships Among Multiple QTL for Horticultural Traits and Late Blight (*P. infestans*) Resistance on Chromosome 5 Introgressed from Wild Tomato *Solanum habrochaites*. *G3: Genes|Genomes|Genetics*, 3(12), 2131-2146. <https://doi.org/10.1534/g3.113.007195>

Halterman, D. A., & Middleton, G. (2012). Presence of the Potato Late Blight Resistance Gene RB Does Not Promote Adaptive Parasitism of *Phytophthora infestans*. *American Journal of Plant Sciences*, 3(3), 360-367. <https://doi.org/10.4236/ajps.2012.33043>

Handayani, T., Gilani, S. A., & Watanabe, K. N. (2019). Climatic changes and potatoes : How can we cope with the abiotic stresses? *Breeding Science*, 69(4), 545-563. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.19070>

Hojsgaard, D., Nagel, M., Feingold, S. E., Massa, G. A., & Bradshaw, J. E. (2024). New Frontiers in Potato Breeding : Tinkering with Reproductive Genes and Apomixis. *Biomolecules*, 14(6), 614. <https://doi.org/10.3390/biom14060614>

Institut de la statistique du Québec. (2024, 7 mai). *Highlights from the Québec Survey on Potatoes – Disposition of the 2022 Harvest*. <https://statistique.quebec.ca/en/produit/publication/faits-saillants-enquete-pomme-terre-quebec-ecoulement-recolte-2022>

Islam, S., Li, J., Rahman, M. A., Xie, F., Song, B., & Nie, B. (2024). Resistance to biotic and abiotic stress in potato : The origin of the genes and corresponding molecular markers. *Phytopathology Research*, 6(1), 4. <https://doi.org/10.1186/s42483-023-00222-9>

- Jansky, S. (2000). Breeding for disease resistance in potato. *Plant Breed Rev*, 19, 69-155.
- Jansky, S., & Spooner, D. (2018). The Evolution of Potato Breeding. In *Plant Breeding Reviews* (p. 169-214). <https://doi.org/10.1002/9781119414735.ch4>
- Jiang, Y., Stetson, T., Phillips, J., & Kostic, A. (2024). Reducing Yearly Variation In Potato Tuber Yield Using Supplemental Irrigation. *Potato Research*, 67(4), 1625-1651. <https://doi.org/10.1007/s11540-024-09711-6>
- Karasev, A. V., & Gray, S. M. (2013). Continuous and emerging challenges of Potato virus Y in potato. *Annual Review of Phytopathology*, 51, 571-586. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-082712-102332>
- Kaufmann, J. & Schering, A. (2014). Analysis of Variance ANOVA[‡]. In *Wiley StatsRef: Statistics Reference Online* (eds N. Balakrishnan, T. Colton, B. Everitt, W. Piegorisch, F. Ruggeri and J.L. Teugels). <https://doi.org/10.1002/9781118445112.stat06938>
- King, J. C., & Slavin, J. L. (2013). White potatoes, human health, and dietary guidance. *Advances in Nutrition* (Bethesda, Md.), 4(3), 393S-401S. <https://doi.org/10.3945/an.112.003525>
- Lepcha, N., Mankeb, P., & Suwanmaneepong, S. (2021). Productivity and profitability of organic and conventional potato (*Solanum tuberosum* L.) production in West-Central Bhutan. *Open Agriculture*, 6(1), 640-654. <https://doi.org/10.1515/opag-2021-0044>
- Li, L., Zhu, T., Wen, L., Zhang, T., & Ren, M. (2024). Biofortification of potato nutrition. *Journal of Advanced Research*. <https://doi.org/10.1016/j.jare.2024.10.033>
- Louwaars, N. P. (2023). Potato in the Netherlands – a remarkable story. In *Impact of hybrid potato* (p. 45-58). Wageningen Academic. https://doi.org/10.3920/978-90-8686-946-6_4
- Love, S. L., Werner, B. K., & Pavsek, J. J. (1997). Selection for individual traits in the early generations of a potato breeding program dedicated to producing cultivars for processing. *American Journal of Potato Research*, 74(3), 199–207. <https://doi.org/10.1007/BF02851596>
- Machida-Hirano, R. (2015). Diversity of potato genetic resources. *Breeding Science*, 65(1), 26-40. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.65.26>
- Mbugua, J., Shimelis, H., Melis, R., & Kabira, J. (2012). Reproductive biology and early generations' selection in conventional potato breeding. *Australian Journal of Crop Science*, 6, 488-497.
- Minnis, S. T., Haydock, P. P. J., Ibrahim, S. K., Grove, I. G., Evans, K., & Russell, M. D. (2002). Potato cyst nematodes in England and Wales—Occurrence and distribution. *Annals of Applied Biology*, 140(2), 187-195. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.2002.tb00172.x>

- Muhinyuza, J. B., Shimelis, H., Melis, R., Sibiya, J., & Nzaramba, M. (2016). Breeding potato for high yields: A review. *Australian Journal of Crop Science*, 10, 771-775. <https://doi.org/10.21475/ajcs.2016.10.06.p6775>
- Naba, M. (2024). Management Strategies for Early Blight : Integrated Approaches to Disease Control. *Journal of Plant Physiology & Pathology*, 2024. https://www.scitechnol.com/peer-review/management-strategies-for-early-blight-integrated-approaches-to-disease-control-VcN5.php?article_id=26436
- Nasir, M., & Toth, Z. (2022). Effect of Drought Stress on Potato Production : A Review. *Agronomy*, 12, 635. <https://doi.org/10.3390/agronomy12030635>
- Nuijten, E., & Almekinders, C. (2025). The potato sector in The Netherlands : Players, current challenges and opportunities with particular reference to the differences between conventional and organic potato. <https://doi.org/10.18174/693509>
- Nunn, N., & Qian, N. (2011). The Potato's Contribution to Population and Urbanization : Evidence From A Historical Experiment. *The Quarterly Journal of Economics*, 126(2), 593-650. <https://doi.org/10.1093/qje/qjr009>
- Okiro, L. A., Mulwa, R. M., Oyoo, M. E., & Nyalala, S. (2024). The danger of the spread of *Ralstonia solanacearum* on potato crops worldwide and potential mitigation options. *CABI Reviews*, 19(1). <https://doi.org/10.1079/cabireviews.2024.0014>
- Orlando, V., & Boa, E. (2023). Potato cyst nematodes : A persistent and fearsome foe. *Plant Pathology*, 72(9), 1541-1556. <https://doi.org/10.1111/ppa.13779>
- Ortiz, O., & Mares, V. (2017). The Historical, Social, and Economic Importance of the Potato Crop. In S. Kumar Chakrabarti, C. Xie, & J. Kumar Tiwari (Éds.), *The Potato Genome* (p. 1-10). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-319-66135-3_1
- Ortiz, R. (2020). Genomic-Led Potato Breeding for Increasing Genetic Gains : Achievements and Outlook. *Crop Breeding, Genetics and Genomics*, 2(2). <https://doi.org/10.20900/cbgg20200010>
- Paluchowska, P., Śliwka, J., & Yin, Z. (2022). Late blight resistance genes in potato breeding. *Planta*, 255(6), 127. <https://doi.org/10.1007/s00425-022-03910-6>
- Pronk, A. A., Gunadi, N., Hermelink, M. I., Hengsdijk, H., Jindo, K., & Silva, J. V. (2025). Opportunities to Narrow Potato Yield Gaps and Increase Resource Use Efficiency in West Java, Indonesia. *Potato Research*, 68(2), 1137-1158. <https://doi.org/10.1007/s11540-024-09778-1>
- Rhouma, A., Hajji-Hedfi, L., & Atallaoui, K. (2024). Potato late blight : The pathogen, the menace, the sustainable control. *DYSONA - Life Science*, 5(1), 37-51. <https://doi.org/10.30493/dls.2024.445326>

- Ruiz de Arcaute, R., Carrasco, A., Ortega, F., Rodriguez-Quijano, M., & Carrillo, J. M. (2022). Evaluation of Genetic Resources in a Potato Breeding Program for Chip Quality. *Agronomy*, 12(5), 1142. <https://doi.org/10.3390/agronomy12051142>
- Schramm, S., Frost, K., Charkowski, A., Gray, S., Crockford, A., & Groves, R. L. (s. d.). Management of Potato Virus Y (PVY) in Wisconsin Seed Potato Production (A3951).
- Selga, C., Reslow, F., Pérez-Rodríguez, P., & Ortiz, R. (2021). The power of genomic estimated breeding values for selection when using a finite population size in genetic improvement of tetraploid potato. *G3-Genes Genomes Genetics*, 12. <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkab362>
- Shandil, R. K., Chakrabarti, S. K., Singh, B. P., Sharma, S., Sundaresha, S., Kaushik, S. K., Bhatt, A. K., & Sharma, N. N. (2017). Genotypic background of the recipient plant is crucial for conferring RB gene mediated late blight resistance in potato. *BMC Genetics*, 18(1), 22. <https://doi.org/10.1186/s12863-017-0490-x>
- Siano, A. B., Roskrige, N., Kerckhoffs, H., & Sofkova-Bobcheva, S. (2024). Effects of Abiotic Stress Associated with Climate Change on Potato Yield and Tuber Quality Under a Multi-environment Trial in New Zealand. *Potato Research*, 67(4), 1603-1624. <https://doi.org/10.1007/s11540-024-09695-3>
- Singh, B., Goutam, U., Kukreja, S., Sharma, J., Sood, S., & Bhardwaj, V. (2021). Potato biofortification : An effective way to fight global hidden hunger. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 27(10), 2297-2313. <https://doi.org/10.1007/s12298-021-01081-4>
- Sleper, J. A., Tai, G. C. C., & Young, D. A. (1984). Stability analysis of potato clones in western Canada. *American Potato Journal*, 61(11), 617–631. <https://doi.org/10.1007/BF02853963>
- Sneh, B., Jabaji-Hare, S., Neate, S., & Dijst, G. (1996). *Rhizoctonia species : Taxonomy, molecular biology, ecology, pathology and disease control*. Kluwer Academic Publishers. <https://research.wur.nl/en/publications/rhizoctonia-species-taxonomy-molecular-biology-ecology-pathology->
- Song, J., Bradeen, J. M., Naess, S. K., Raasch, J. A., Wielgus, S. M., Haberlach, G. T., Liu, J., Kuang, H., Austin-Phillips, S., Buell, C. R., Helgeson, J. P., & Jiang, J. (2003). Gene RB cloned from *Solanum bulbocastanum* confers broad spectrum resistance to potato late blight. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 100(16), 9128-9133. <https://doi.org/10.1073/pnas.1533501100>
- Sonnevald, S., van Harselaar, J., Ott, K., Lorenz, J., & Sonnewald, U. (2015). How Potato Plants Take the Heat? *Procedia Environmental Sciences*, 29, 97. <https://doi.org/10.1016/j.proenv.2015.07.178>
- Spychalla, P., & De Jong, W. (2024). Breeding for potato cyst nematode resistance in *Solanum tuberosum*. *Crop Science*, 64, 1167-1182. <https://doi.org/10.1002/csc2.21244>

- Szymanski, M. (2023, février 28). National Potato Council Releases Groundbreaking Report on U.S. Potato Industry's Contribution to America's Economy. National Potato Council. <https://www.nationalpotatocouncil.org/economic-impact-report/>
- Tuttle, H. K., Del Rio, A. H., Bamberg, J. B., & Shannon, L. M. (2024). Potato soup : Analysis of cultivated potato gene bank populations reveals high diversity and little structure. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1429279. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1429279>
- Uhrig, H., Gebhardt, C., Tacke, E., Rohde, W., & Salamini, F. (1992). Recent advances in breeding potatoes for disease resistance. *Netherlands Journal of Plant Pathology*, 98(2), 193-210. <https://doi.org/10.1007/BF01974486>
- University of Idaho. (2025, juin 27). Breeding for Broad Resistance to PVY. Potato Country. <https://potatocountry.com/2025/06/27/breeding-for-broad-resistance-to-pvy/>
- Valkonen, J. P. T. (2015). Elucidation of virus-host interactions to enhance resistance breeding for control of virus diseases in potato. *Breeding Science*, 65(1), 69-76. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.65.69>
- Van, der W. J. E., Korsten, L., & Aveling, T. a. S. (2001). A review of early blight of potato. *African Plant Protection*, 7(2), 91-102. <https://doi.org/10.10520/EJC87837>
- van Loon, J. P., Lammerts van Bueren, E. T., van Cruyningen, P. J., & Wiskerke, J. S. C. (2024). The History of Dutch Potato Breeding 1888–2018 : From Hobby to Industry. *Potato Research*, 67(3), 861-899. <https://doi.org/10.1007/s11540-023-09661-5>
- von Gehren, P., Bomers, S., Tripolt, T., Söllinger, J., Prat, N., Redondo, B., Vorss, R., Teige, M., Kamptner, A., & Ribarits, A. (2023). Farmers Feel the Climate Change : Variety Choice as an Adaptation Strategy of European Potato Farmers. *Climate*, 11(9), 189. <https://doi.org/10.3390/cli11090189>
- Wei, J., Zhang, N., Deng, Y., Liu, S., Yang, L., Wang, X., Wen, R., & Si, H. (2025). Functional analysis of the StERF79 gene in response to drought stress in potato (*Solanum tuberosum* L.). *BMC Plant Biology*, 25(1), 387. <https://doi.org/10.1186/s12870-025-06417-w>
- Zhang, S., Wang, X., Kinay, P., & Dau, Q. (2024). Climate Change Impacts on Potato Storage. *Foods*, 13(7), 1119. <https://doi.org/10.3390/foods13071119>
- Zhang, T., Li, C., Wang, S., Cheng, Z., Li, Z., Xu, T., Zhou, X., Chen, W., & Hong, J. (2024). Promoting sustainable potato production—Insights from an integrated life cycle environmental–economic assessment. *Agricultural Systems*, 219, 104029. <https://doi.org/10.1016/j.agry.2024.104029>

Zhu, S., Li, Y., Vossen, J. H., Visser, R. G. F., & Jacobsen, E. (2012). Functional stacking of three resistance genes against *Phytophthora infestans* in potato. *Transgenic Research*, 21(1), 89-99. <https://doi.org/10.1007/s11248-011-9510-1>

Zhu, X., Li, W., Zhang, N., Jin, H., Duan, H., Chen, Z., Chen, S., Wang, Q., Tang, J., Zhou, J., Zhang, Y., & Si, H. (2024). StMAPKK5 responds to heat stress by regulating potato growth, photosynthesis, and antioxidant defenses. *Frontiers in Plant Science*, 15. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1392425>

