

附件 1

“农业生物重要性状形成与环境适应性基础研究” 重点专项 2022 年度项目申报指南

为落实“十四五”期间国家科技创新有关部署安排，国家重点研发计划启动实施“农业生物重要性状形成与环境适应性基础研究”重点专项。根据本专项实施方案的部署，现发布 2022 年度项目申报指南。

本专项总体目标是：聚焦加快破解农业生物遗传基础科学问题，提升设计育种能力，从源头上保障国家粮食安全。

2022 年度指南部署认真贯彻落实习近平总书记重要指示精神和党中央、国务院决策部署，拟启动 16 个项目方向，拟安排国拨经费概算 3.9 亿元。其中，拟支持青年科学家项目 15 个、科技型中小企业项目 5 个，拟安排国拨经费概算 4000 万元，每个 200 万元。

如无特殊说明，每个项目方向拟支持数为 1~2 项，实施周期不超过 5 年。申报项目的研究内容必须涵盖指南所列的全部研究内容和考核指标。项目下设课题数不超过 4 个，项目参与单位总数不超过 6 家。项目设 1 名负责人，每个课题设 1 名负责人。

青年科学家项目（项目名称后有标注）不再下设课题，项目参与单位总数不超过 3 家。项目设 1 名项目负责人，青年科学家

项目负责人年龄要求，男性应为 1984 年 1 月 1 日以后出生，女性应为 1982 年 1 月 1 日以后出生。原则上团队其他参与人员年龄要求同上。常规项目下设青年科学家课题的，青年科学家课题负责人及参与人员年龄要求，与青年科学家项目一致。

科技型中小企业项目（项目名称后有标注）要求由科研能力强的科技型中小企业牵头申报。项目下不设课题，项目参加单位（含牵头单位）原则上不超过 2 家，配套经费与国拨经费比例不低于 1:1，原则上不再组织预算评估，在验收时将对技术指标完成和成果应用情况进行同步考核。科技型中小企业标准参照科技部、财政部、国家税务总局印发的《科技型中小企业评价办法》（国科发政〔2017〕115 号）。

指南中“拟支持数为 1~2 项”是指：在同一研究方向下，当出现申报项目评审结果前两位评价相近、技术路线明显不同的情况时，可同时支持这 2 个项目。2 个项目将采取分两个阶段支持的方式。第一阶段完成后将对 2 个项目执行情况进行评估，根据评估结果确定后续支持方式。

本专项鼓励积极开展国际科技合作，有聘请外国专家需求的单位可登录科技部政务服务平台（<https://fuwu.most.gov.cn>）通过“外国专家项目管理”系统申报国家外国专家项目，申报截止日期为：2022 年 6 月 20 日 16:00，相关申报说明、支持条件及项目管理办法等详见“外国专家项目管理”系统首页通知公告，科技部将择优遴选支持。联系人及电话：张英哲，010-58884364。

1. 主要农业动物优异种质资源形成与演化机制

研究内容：以奶牛、羊、鸡、猪等主要农业动物为研究对象，应用多重组学、泛组学、人工智能和系统生物学等技术方法，构建重要农业动物微核心种质全景组学特征，揭示农业动物从野生种到地方品种再到现代品种发展过程中重要性状的形成与演化规律，挖掘优异性状形成的关键调控基因，阐明关键基因等位变异和单倍型的分布和遗传效应，针对不同农业动物研发基因组预测和选择方法，开展地方品种等种质资源的育种价值评估，为拓宽种源遗传基础和突破性新品种培育提供技术和基因资源支撑。

考核指标：挖掘与主要农业动物种质资源驯化与改良相关的关键遗传调控位点 25~30 个，克隆其中有重大应用价值的新基因 15~20 个，其中有重大影响的新基因 4~5 个，解析相关调控网络 4~5 个，授权国家发明专利 8~10 项，发表高水平学术论文 15~20 篇。

2. 水稻和小麦超高产性状形成的分子基础

研究内容：针对我国水稻、小麦超高产创制中重要性状形成的关键限制因素，综合利用遗传学、基因组学、分子生物学等技术手段，挖掘水稻、小麦重要产量性状（株型、有效穗数、穗型、穗粒数、粒重、生育期等）形成的关键调控基因，阐明其对产量增加的遗传效应，解析其分子调控网络，创制对产量提升有显著效应的优异新基因资源。

考核指标：挖掘控制水稻、小麦产量性状形成的重要新基因 15~20 个，其中有重大应用价值的新基因 4~5 个，解析分子调控

网络 4~5 个，创制对产量提升有重大应用价值的优异新基因资源 4~5 个，授权国家发明专利 8~10 项，发表高水平论文 15~20 篇。

3. 棉花高产优质高抗性状形成的分子调控网络

研究内容：针对我国棉花生产上高产、优质、高抗病虫害性状提升所面临的关键限制因素，研究产量性状（株型、开花期、铃数和大小等）、品质性状（纤维长度、强度等）、抗病虫害性状（棉花黄萎病、叶螨、伏蚜等）形成的分子基础，挖掘性状形成的关键控制基因，解析其在棉花产量、品质、抗病虫害性状形成过程中的遗传效应，阐明其分子调控网络，创制对产量、品质和抗性提升有显著效应的优异新基因资源。

考核指标：挖掘控制棉花高产、优质、高抗性状形成的重要新基因 15~20 个，其中有重大应用价值的新基因 4~5 个，解析分子调控网络 4~5 个，创制对产量、品质和抗性提升有显著效应的优异新基因资源 4~5 个，授权国家发明专利 8~10 项，发表高水平论文 15~20 篇。

4. 番茄、白菜等主要蔬菜高产优质性状形成的分子调控网络

研究内容：针对我国番茄、白菜、花椰菜等主要蔬菜生产上产量和品质提升面临的关键限制因素，综合利用遗传学、基因组学、分子生物学等技术手段，挖掘产量性状（叶球和果实等产品器官的形成与发育、株型、单倍体诱导、雄性不育、产量杂种优势、适合机采等）、品质性状（风味、色泽、质地及健康营养物质含量和组成等）和耐逆性状（耐高温、病虫害等）形成的关键调

控基因，阐明对产量和品质提高的遗传效应，解析其调控网络，挖掘对产量和品质提升有显著效应的优异新基因资源。

考核指标：挖掘控制番茄、白菜、花椰菜等主要蔬菜产量、品质和耐逆性状形成有关的重要新基因 20~25 个，其中有重大应用价值的新基因 5~6 个，解析与高产优质性状形成相关的调控网络 5~6 个，克隆对产量品质提升有重大应用价值的优异新基因 5~6 个，授权国家发明专利 10~12 项，发表高水平论文 20~25 篇。

5. 果茶花卉优异性状形成的分子基础

研究内容：针对我国柑橘、苹果、桃、葡萄或梨等主要果树、菊花、月季等花卉和茶树优异性状提升面临的关键问题，综合利用遗传学、基因组学、分子生物学和代谢组学等技术手段，研究无性生殖、果实发育、果实品质（风味、色泽等）、茶叶滋味品质（风味、色泽等）、香气、花期和抗性等重要性状形成的遗传基础和调控机理，精细定位关键遗传位点，克隆关键调控因子和结构基因并鉴定生物学功能，阐明其对目标性状提高的遗传效应，解析其分子调控网络，挖掘对重要育种性状提升有显著效应的优异新基因资源。

考核指标：克隆与主要果树、花卉和茶树优异性状形成有关的重要新基因 10~12 个，其中有重大应用价值的新基因 3~4 个，解析与重要育种性状形成相关的调控网络 3~4 个，创制对育种目标性状提升有重大应用价值的优异新基因资源 3~4 个，授权国家发明专利 6~8 项，发表高水平论文 10~12 篇。

6. 鸡高产优质高抗性状形成的分子调控网络

研究内容：针对我国不同区域肉鸡、蛋鸡在生产上产量、品质和抗病性状提升面临的关键限制因素，综合利用遗传学、基因组学、分子生物学等技术手段，挖掘日增重、产蛋量、优质肉、禽流感等产量、品质、抗病性状形成的遗传基础及关键基因，阐明其对产量、品质和抗病提高的遗传效应，揭示环境和基因互作影响高产优质性状形成的机制及其分子互作网络，明确高产和优质性状间遗传互作机制，创制对产量、品质和抗病提升有明显效应的优异新基因资源。

考核指标：挖掘控制肉鸡、蛋鸡高产优质抗病性状形成的重要新基因 15~20 个，其中有重大应用价值的新基因 4~5 个，解析与高产优质抗病性状形成相关的调控网络 4~5 个，创制对产量、品质和抗病提升有重大应用价值的优异新基因资源 4~5 个，授权国家发明专利 8~10 项，发表高水平论文 15~20 篇。

7. 鱼、虾高产和抗病性状形成的分子调控网络

研究内容：针对我国不同区域鱼、虾等主要水产动物在生产上产量、品质和抗病提升所面临的关键限制因素，综合利用遗传学、基因组学、分子生物学等技术手段，挖掘控制产量性状（生长内分泌、生长与性腺发育互作、两性生长异形、营养高效利用等）和抗病性状（应对病毒、细菌等主要病原感染免疫应答）形成的遗传基础及关键基因，鉴定关键调控元件和优异等位变异，阐明其对产量和抗病提高的遗传效应，解析其分子调控网络，解

析多基因协同作用机理，揭示环境和基因互作对产量和抗病性状形成的机制，创制对高产、抗病性状提升有显著效用的优异基因资源。

考核指标：挖掘鱼、虾等主要水产动物高产抗病性状形成的重要基因 15~20 个，其中有重大应用价值的基因 4~5 个，解析与高产优质性状形成相关的调控网络 4~5 个，创制对产量和品质提升有重大应用价值的优异基因资源 4~5 个，授权国家发明专利 8~10 项，发表高水平论文 15~20 篇。

8. 主要牧草优异性状形成的分子基础

研究内容：针对我国紫花苜蓿、饲用燕麦、黑麦草、羊草、饲用甜高粱等主要牧草在生产上优异性状提升所面临的关键瓶颈问题，综合利用遗传学、基因组学、分子生物学等技术手段，克隆重要农艺性状关键调控基因并解析其生物学功能，阐明其对目标性状提高的遗传效应，明确基因与基因、基因与环境互作机制，明确多性状遗传互作机制，构建重要性状形成的分子调控网络，创制对重要育种性状提升有显著效应的优异新基因资源。

考核指标：挖掘控制主要牧草优异性状形成有关的重要调控新基因 10~12 个，其中有重大应用价值的新基因 3~4 个，解析与重要育种性状形成相关的调控网络 3~4 个，创制对育种目标性状提升有重大应用价值的优异新基因资源 3~4 个，授权国家发明专利 6~8 项，发表高水平论文 10~12 篇。

9. 主要粮食作物抗病虫害的遗传机制

研究内容：针对我国大豆、水稻、小麦、玉米等主要粮食作物在生产上抗生物胁迫能力提升所面临的关键瓶颈问题，研究大豆（症青、胞囊线虫病、根腐病、大豆锈病及蛱类害虫等）、水稻（稻瘟病、稻曲病、白叶枯病、褐飞虱等）、小麦（赤霉病、茎基腐病、锈病等）、玉米（穗粒腐病、茎腐病、玉米螟等）等重要病虫害胁迫的应答机制，挖掘作物抗病虫害的关键基因，解析寄主—病原生物互作的分子调控网络，阐明作物病原信号识别、传导、免疫响应的分子生物学基础，揭示作物协调生长和防御的平衡机制，创制对病虫害胁迫有显著抗性的优异新基因资源，提出抗病虫害的新理论。

考核指标：挖掘控制主要粮食作物抗病虫害重要新基因 20~30 个，其中有重大应用价值的新基因 4~5 个，解析抗病虫害分子调控网络 4~5 个，创制对抗病虫害有重大应用价值的优异新基因资源 4~5 个，授权国家发明专利 8~10 项，申请国外主产区专利 1~2 项，发表高水平学术论文 15~20 篇。

10. 主要粮食作物耐盐碱等环境胁迫的遗传机制

研究内容：针对我国大豆、水稻、小麦、玉米等主要粮食作物在生产中遇到的盐碱等环境胁迫关键限制因素，研究作物对盐碱、干旱、涝渍、低高温、重金属离子、铝毒、低光（耐荫）等逆境信号的感知、应答和适应的分子基础，挖掘作物响应环境胁迫的关键调控基因，阐明其对环境胁迫性状提高的遗传效应，揭示逆境环境

下作物生长发育的可塑性机制,构建作物响应环境胁迫的分子调控网络,创制对环境胁迫有显著抗性的优异新基因资源。

考核指标:挖掘主要粮食作物耐盐碱等环境胁迫应答性状相关的重要新基因 15~20 个,其中有重大应用价值的新基因 4~5 个,解析分子调控网络 4~5 个,创制对非生物胁迫有重大应用价值的优异新基因资源 4~5 个,授权国家发明专利 10~12 项,申请国外主产区专利 1~2 项,发表高水平学术论文 15~20 篇。

11. 主要农作物高产高光效分子调控机制

研究内容:针对我国大豆、小麦、玉米、水稻等主要农作物通过提高光合效率增加产量所面临的关键限制因素和重大前沿科学问题,研究提高农作物光能利用效率及 CO₂ 同化效率的分子机理。揭示光合膜色素和蛋白生成的调控机制,解析色素蛋白超分子复合体的结构与光能高效转化机理;阐明高光低温等逆境下作物光保护的分子机理;解析 C4 作物高效碳同化的分子遗传机制,构建 C4 模型并创建 C4 原型;解析光呼吸分子调控及光能高效利用的遗传基础及信号调控网络,创建具有高光效特征的光呼吸支路,挖掘有重大应用价值的优异高光合基因资源,创建作物高光效的关键分子模块和分子育种技术体系。

考核指标:挖掘主要农作物中有应用潜力的光能高效利用和碳同化耦合的关键遗传调控位点和新基因 15~20 个,其中有重大应用价值的新基因 4~5 个,解析耦合机制的调控网络 4~5 个,创制对提高光合效率和产量有重大应用价值的优异新基因资源 4~5

个，授权国家发明专利 6~8 项，申请国外主产区专利 1~2 项，发表高水平论文 15~20 篇。

12. 非病原微生物与农作物良性互作机理

研究内容：针对非病原微生物与我国主要农作物协同互作的限制因素，利用微生物高通量分离培养和功能研究体系，研究根际微生物群落在主要农作物生长、抗逆、养分高效等过程中的功能和作用机理；研究作物与根际微生物群落之间的协同调控和平衡维系机制；设计和构建与农作物基因型匹配的适生抗逆合成菌群，创建根际微生物与作物的精准跨界协同改良体系。

考核指标：挖掘非病原微生物促进作物生长和逆境适应的功能微生物菌群 8~10 个，关键基因 10~12 个，其中有重大应用价值的新基因 3~4 个，解析作物调控微生物群落及平衡维系的基因 3~4 个，构建增强植物适生抗逆能力的高效工程菌株和合成菌群 4~6 个，授权国家发明专利 3~4 项，申请国外主产区专利 1~2 项，发表高水平论文 10~12 篇。

13. 农作物杂种优势形成的生物学基础

研究内容：研究水稻、玉米、小麦、油菜、大豆等主要农作物强优势组合的多组学特征，开发系统量化评价数量性状遗传位点遗传效应的数学模型，鉴定控制杂种优势性状形成的关键位点，克隆杂种优势关键基因，实现精准预测不同遗传个体杂交组合的杂种优势效应，探究多倍体作物不同倍性材料的性状变异规律，揭示多倍体优势性状形成的生物学基础，阐明重要性状杂种优势

形成的遗传和表观调控网络，提出杂种优势预测的新理论和新方法，开发适用于杂种优势利用的多性状全基因组自交系优化设计技术。

考核指标：挖掘杂交种和多倍体优势重要农艺性状形成的关键遗传调控位点和新基因 10~15 个，其中有重大应用价值的新基因 3~4 个，解析与杂种优势形成相关的调控网络 3~4 个，提出杂种优势预测模型 1~2 个，创制对杂种优势预测与利用有重大应用价值的优异新基因资源 3~4 个，创建新一代作物杂种优势固定技术模式 1~2 个，开发适用于杂种优势利用的自交系多性状全基因组优化设计软件 1 个，授权国家发明专利 6~8 项，发表高水平论文 10~15 篇。

14. 农业植物和农业动物从头驯化机制与种质定向创制

研究内容：挖掘有驯化潜力的优异野生种质资源，建立从头驯化的农业植物和农业动物研究模式，解析驯化的基因组特征和分子遗传规律，克隆关键驯化基因，阐明驯化机制，耦合形成核心驯化基因模块；提出种质从头驯化与定向创制的基因组设计方案，创建从头驯化技术体系，驯化获得符合国家战略需求、应对环境气候变化的全新农业种质。

考核指标：建立农业植物和农业动物从头驯化模式 3~5 个，挖掘有重大应用价值关键驯化基因 3~4 个，解析相关调控网络 3~4 个，创制对耦合驯化有重大应用价值的优异新基因资源 10 个，驯化获得新种质 3~5 个，授权国家发明专利 6~8 项，发表高水平

论文 10~12 篇。

15. 农业植物设计育种原始创新（青年科学家项目、科技型中小企业项目）

研究内容：种质资源多样性与演化规律，农业植物复杂性状形成与互作遗传机理，农业植物代谢调控网络与合成机制。

考核指标：聚焦专项关键科学问题和核心技术有关方向，支持青年科学家、科技型中小企业在方法、路径、技术等方面取得原创性研究成果。

拟支持项目数：青年科学家项目 5 项、科技型中小企业项目 5 项。

16. 农业动物和微生物设计育种原始创新（青年科学家项目）

研究内容：种质资源多样性与演化规律，农业动物和微生物复杂性状形成与互作遗传机理，农业动物和微生物代谢调控网络与合成机制。

考核指标：聚焦专项关键科学问题和核心技术有关方向，支持青年科学家在方法、路径、技术等方面取得原创性研究成果。

拟支持项目数：10 项。