

附件 2

“农业生物重要性状形成与环境适应性基础研究”

重点专项 2023 年度项目申报指南

(仅国家科技管理信息系统注册用户登录可见)

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 2023 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。

2023 年度指南按照基础研究类、共性关键技术类两个层面，拟启动 16 个项目方向，拟安排国拨经费概算 3.95 亿元。其中，拟支持青年科学家项目 10 个，拟安排国拨经费概算 2000 万元，每个 200 万元。

如无特殊说明，项目实施周期不超过 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）不要求对指南内容全覆盖，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 1985 年 1 月 1 日以后出生，女性应为 1983 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。

每个指南任务原则上支持 1 项（有特殊说明的除外）。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，可考虑支持 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。

1. 主要农业微生物优异性状形成与演化机制（基础研究类）

研究内容：以白肉灵芝、芬娜金针菇、灰树花、丛枝菌根真菌、黏细菌、乳杆菌、噬菌体等重要农业微生物类群为研究对象，系统研究重要种质提高免疫力和降血糖高活性多糖等活性物质合成，共生丛枝形成，智慧捕食、定向清除和靶向绞杀高毒力耐药滞留食源性致病微生物等优异性状形成与演化规律，挖掘优异性状形成的关键调控基因，阐明微生物菌群功能基因协同演化驱动优异性状形成的分子网络调控机制，解析优异性状的遗传基础在菌种进化过程中的传递及维持机制，实现优异性状基因自主可控，加速推进农业微生物种业创新发展。

考核指标：挖掘和鉴定农业微生物种质资源形成和演化相关的重要新基因 15~20 个，其中提高免疫力和降血糖等功能的多糖合成新基因 4~5 个，调控共生丛枝形成的关键新基因 2~3 个，创制捕食、清除及绞杀高毒力耐药滞留食源性致病微生物功能的新

基因资源 4~5 个，解析优良性状分子调控网络 4~5 个；授权国家发明专利 6~8 项，发表高水平论文 15~20 篇。

关键词：食用菌，共生丛枝，致病微生物，微生物菌群

2. 主粮作物优异种质资源形成与演化机制（基础研究类）

研究内容：针对我国水稻、小麦、玉米、马铃薯等主粮作物种质资源多样性与演化规律不清的科学问题，以高质量的基因组序列和泛基因组为参考，揭示微核心种质和重大品种系谱材料的全景多维组学特征，系统研究重要单倍型、结构变异、表观变异在驯化和重大品种培育过程中的演变路径，揭示重要基因在驯化和重大品种培育中的传递规律，解析其参与的调控网络，分析网络上的关键基因的协同演化规律，从基因组学、基因和基因网络等多个层面揭示重大品种、骨干亲本的形成规律，比较不同物种驯化和改良演化规律，阐明主粮作物平行驯化的遗传基础，并创制出优异新基因资源，助力绿色发展。

考核指标：挖掘与水稻、小麦、玉米、马铃薯等主粮作物种质资源演化相关的关键遗传调控位点 8~10 个，克隆在驯化和改良过程中优异性状形成的重要调控新基因 6~8 个，其中有重大影响新基因 2~3 个，解析相关分子调控网络 2~3 个，创制对优异性状提升有重大应用价值的优异新基因资源 2~3 个；授权国家发明专利 2~3 项，申请国外主产区专利 1~2 项，发表高水平论文 15~20 篇。

关键词：主粮作物，驯化，改良

3. 水稻高产优质高抗协同改良机制（基础研究类）

研究内容：针对我国水稻生产中重要农艺性状协同改良所面临的关键限制因素，挖掘协同控制高产、优质、高抗性状的节点基因，解析产量与品质、产量与病虫害、产量与非生物胁迫抗性的协同改良机制，明晰在不同性状形成过程中的耦合效应，阐明高产优质高抗协同改良的分子调控网络，创制对综合性状提升有显著效应的优异新基因资源，实现绿色发展。

考核指标：挖掘协同控制水稻高产、优质、高抗等不同性状的节点新基因 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，创制对综合性状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 6~8 项，申请国外主产区发明专利 1~2 项，发表高水平论文 15~20 篇。

关键词：水稻，高产，优质，高抗

4. 气候变化下小麦多性状协同改良机制（基础研究类）

研究内容：针对小麦高产、优质、高抗等多性状协同调控和协同改良的分子机制研究不足的瓶颈问题，挖掘协同控制高产、优质性状的关键节点基因，阐明其调控网络；挖掘协同控制高产、抗逆性状的关键节点基因，阐明其调控网络；挖掘协同控制高产、抗病性状的关键节点基因，阐明其调控网络；解析关键节点基因在不同性状形成过程中的耦合效应，以应对气候变化；开发有效的分子标记，创制目标性状突出、综合性状优良的优异新基因资源。

考核指标：挖掘协同控制小麦高产、优质、高抗不同性状的节点新基因 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，发表高水平论文 15~20 篇。

关键词：小麦，高产，优质，高抗

5. 油菜高产优质高抗宜机收性状形成的分子调控网络(基础研究类)

研究内容：针对我国油菜生产上高产、优质、高抗、宜机收性状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，研究产量性状（株型、根型、生育期/早熟、角果数、角粒数和种子大小等）、品质性状（含油量、蛋白含量、油酸含量及不饱和脂肪酸组成比例、功能性营养成分等）、抗性性状（菌核病、根肿病、蚜虫、干旱、低温/冻害、涝渍等）、宜机收性状（抗裂荚、抗倒伏等）形成的分子基础，挖掘重要性状形成的关键基因并解析其功能，阐明其在油菜产量、品质、抗性、宜机收性状形成过程中的遗传效应，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，发掘对产量、品质、抗性和宜机收等综合性状提升有显著效应的优异新基因资源。

考核指标：挖掘控制油菜高产、优质、高抗、宜机收性状形成的重要新基因 10~12 个，其中有重大应用价值的新基因 3~4 个；解析分子调控网络 3~4 个，创制对产量、品质、抗性提升有显著

效应的优异新基因资源 3~4 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 10~12 篇。

关键词：油菜，高产，优质，高抗，宜机收

6. 主要食用菌重要育种性状形成的分子调控网络（基础研究类）

研究内容：针对金针菇、香菇和灵芝等大宗食用菌面临的抗病性和品质提升的关键限制因素，建立野生种质资源库为基础的多组学大数据库和核心菌株重要育种性状的组学信息表征体系，综合利用多组学和生物信息学关联分析等技术手段，系统解析金针菇高抗单增李斯特菌污染及高产水溶性膳食纤维、香菇高蛋白及活性多糖、灵芝抗黄脚病及功能成分（多糖、三萜）等性状形成的遗传基础及关键基因，构建关键性状的多模块调控网络，阐明食用菌表型多样性、环境适应性和生长发育可塑性等分子遗传调控机制，为构建以分子模块为基础的高效设计育种技术体系奠定基础。

考核指标：构建金针菇、香菇和灵芝等总库容量大于 1000 株的种质资源库，分析 3~5 株核心菌株的组学信息特征，挖掘控制金针菇、香菇和灵芝品质、抗单增李斯特菌污染及抗黄脚病等重要育种性状形成的新基因 10~12 个，其中抗病性等具有重大应用价值的新基因 3~4 个，解析其调控网络 3~4 个；授权国家发明专利 6~8 项，发表高水平论文 10~12 篇。

关键词：食用菌，品质，抗污染，抗病

7. 猪、牛、羊抗病性状形成的分子调控网络（基础研究类）

研究内容：针对我国猪、牛、羊等在生产过程中面临的重要疾病问题，综合利用表型组学、免疫组学、基因组学、表观组学等技术手段，建立抗病性状表型精准测定方法体系，揭示抗病性状形成的细胞和免疫学分子调控机制，解析抗病性状形成的遗传基础，挖掘和鉴定抗病性状的主效基因、因果突变位点和关键调控元件并阐明其作用机理，探明其对抗病性状提高的遗传效应，揭示环境和基因互作影响抗病性状形成的机制及其分子互作网络，创制抗病性状提升的优异新基因资源。由于猪、牛、羊各物种所受疾病威胁与抗病性状形成原因各不相同，建议子项目研究内容以物种划分。

考核指标：建立猪、牛、羊抗病性状表型精准测定技术体系各 1~2 项，挖掘影响猪、牛、羊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 4~6 个，解析与抗病性状形成相关的调控网络 4~6 个，创制对抗病能力提升有重大应用价值的优异新基因资源 4~6 个；授权国家发明专利 6~9 项，申请国外主产区专利 2~4 项，发表高水平论文 15~20 篇。

关键词：猪，牛，羊，抗病

8. 农业动物杂种优势形成的生物学基础（基础研究类）

研究内容：研究猪、牛、家禽和羊等主要农业动物的产量、品质、抗病、繁殖、饲料转化率等重要性状杂种优势形成的生物学基础，挖掘鉴定亲本和杂种间等位基因特异表达的功能基因和

调控元件，解析基因互作与杂种优势的关系及分子调控机制，阐明农业动物重要性状杂种优势形成的遗传和分子机理，提出杂种优势预测的新理论和新方法，实现杂种优势组合个体的选种选配。

考核指标：挖掘调控农业动物杂种优势性状形成的关键遗传调控位点和新基因 8~10 个，其中有重大应用价值的新基因 3~4 个，解析相关调控网络 3~4 个，创制对杂种优势利用有重大应用价值的优异新基因资源 3~4 个，提出杂种优势预测模型 1 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 10~15 篇。

关键词：猪，牛，家禽，羊，杂种优势

9. 农业生物重要性状的优异基因资源设计（基础研究类）

研究内容：针对我国动植物重要农艺性状遗传机理解析多局限于单个基因、复杂性状形成的共性调控元件研究与利用不足的问题，挖掘主要农业生物高产、优质、抗病、抗逆等性状形成的共性调控元件，并阐明共性元件的作用机理。在获得重要农艺性状共性调控元件的基础上，揭示相关信号调控或代谢合成通路的协同调控分子网络，深入解析复杂性状形成的共性分子基础。对共性调控元件进行分子设计，并验证不同设计的育种价值和应用策略，创制有重大应用价值的优异新基因资源，满足现代育种技术对优异基因资源的重大需求。

考核指标：挖掘主要农业生物高产、优质、抗病、抗逆等性状的共性调控元件 30~40 个，其中有重大应用价值的新元件 3~4

个；重构信号调控网络或代谢合成通路 3~4 个；创制有重大应用价值的优异新基因资源 50 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。

关键词：高产，优质，抗病，抗逆，调控元件

10. 粮食作物环境感受受体的鉴定及其响应机制（基础研究类）

研究内容：针对粮食作物环境信号感受受体的鉴定及其响应所面临的瓶颈问题，综合利用遗传学、基因组学、分子生物学等技术手段，鉴定主要农作物感受环境信号（重力、低温、高温、干旱、盐碱、重大病害病原物）的受体及其重要调控元件，阐明它们在环境信号感受和应答中的作用机制，建立环境信号在农作物体内传递的分子链条和调控网络，创制耐受低温、高温、干旱、盐碱、重大病害等逆境的农作物优异新基因资源。

考核指标：挖掘主要粮食作物环境感受和应答的重要新基因 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。

关键词：粮食作物，环境信号感受，环境信号应答

11. 粮食作物生长发育与环境响应之间平衡调控机制（基础研究类）

研究内容：针对主要粮食作物生长发育与环境响应平衡调控所面临的瓶颈，综合利用遗传学、基因组学、分子生物学等技术

手段，研究生长发育与高温、低温、干旱、盐碱、耐重金属离子等胁迫响应的平衡调控机制，挖掘在生长发育和胁迫响应过程中同时起作用的关键基因，阐明生长—胁迫响应交叉会话的激素调控机制，揭示生长发育与胁迫反应相互作用的基因网络，建立高产耐逆品种创制或改良的分子理论模型。

考核指标：挖掘重要新基因 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。

关键词：粮食作物，生长发育，环境响应

12. 农作物重要农艺性状形成的表观调控因子及其作用机制（基础研究类）

研究内容：针对农作物重要农艺性状形成的表观调控因子及其作用机制不清的科学问题，以主要农作物为研究对象，挖掘控制产量性状形成及环境适应性（温度响应、干旱、盐碱、酸铝胁迫及抗病反应）的表观调控因子，揭示其分子作用机制，描绘相关表观基因组调控网络。建立利用表观调控因子指导高产育种、耐热、抗寒、抗旱、耐盐碱、抗病育种的理论体系。

考核指标：挖掘重要新基因 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。

关键词：农作物，表观调控，产量性状，环境适应

13. 主要饲草绿色增产固碳的生物学基础（基础研究类）

研究内容：针对我国紫花苜蓿、饲用燕麦、甜高粱、黑麦草等主要饲草在叶片产量、品质和抗病性提升等农业生产中面临的绿色增产固碳关键瓶颈问题，综合运用基因组学、计算生物学、分子遗传学与基因编辑等技术手段，挖掘控制叶片大小、蛋白含量、单宁含量、高营养品质、耐水分与温度胁迫、抗病虫害等性状的关键基因模块，阐明其对目标性状提高的遗传效应及调控网络，发掘优异等位变异，创制对主栽饲草品种绿色增产固碳有显著提升的新基因资源。

考核指标：挖掘主要饲草绿色增产固碳重要调控新基因模块 10~12 个，其中有重大应用价值的新基因模块 3~4 个，解析相关调控网络 3~4 个，创制对饲草绿色增产固碳有显著提升的优异新基因资源 4~5 个；授权国家发明专利 6~8 项，发表高水平论文 10~12 篇。

关键词：主要饲草，产量，品质，抗病性

14. 植物工厂环境下主要作物（小麦、玉米、大豆、苜蓿等）育种加速器（共性关键技术类）

研究内容：针对我国小麦、玉米、大豆、苜蓿等主要作物育种周期长所面临的关键限制因素，研发基于作物发育特征的高光效低能耗适配光谱以及养分原料循环高效利用的技术体系，研制光照、温度、二氧化碳等环境智能控制的培养装备；开发基于活

体成像、高光谱等高通量表型组获取技术系统，实现观察、监测和分析作物表型变异与环境响应之间的联系，构建多源环境信息耦合与作物生长发育及生产力动态预测技术；解析作物在加速器环境里的生长发育规律和环境响应与适应机制，挖掘加速作物育种的关键调控因子，创制作物高效快速育种的优异新基因资源；实现分子设计育种技术和育种加速器的有机结合，显著缩短作物育种周期，加速培育高产优质耐逆作物新种质。

考核指标：研发小麦、玉米、大豆、苜蓿等主要作物育种加速器 1~2 个，研发光谱配方和营养液配方 4~6 种，挖掘调控作物生长发育周期和环境适应的重大应用价值新基因 2~3 个，创制适于加速器育种的作物新种质 2~3 份；授权国家发明专利 6~8 项，发表高水平论文 10~12 篇。

关键词：植物工厂，主要作物，育种加速器

15. 农业动植物基因编辑验证评价技术（共性关键技术类）

研究内容：利用高通量测序、多组学等现代生物技术与生物大数据、生物信息学、质谱色谱联用技术相结合，全面分析基因编辑诱导的核酸序列和染色体空间结构变异，以及由此引起的目标基因和相关基因转录、翻译表达差异，代谢途径的变化和新代谢物的积累等；研究建立安全评价分子、细胞或生物新模型，解析基因编辑产生新蛋白（多肽）、新代谢物的功能效应，阐释基因编辑动植物性状改良机理的同时，揭示潜在风险因子的形成机理；构建适于农业动植物基因编辑验证评价的技术体系，明确验证评

价关键参数、指标，提出基因编辑安全评价指南。

考核指标：建立农业动植物基因编辑验证评价新技术 10~20 项；研制验证评价技术标准、规范，提出标准、规范草案 3~5 项；授权国家发明专利 5~10 项；发表高水平论文 5~10 篇；通过集成应用形成农业动植物基因编辑验证评价技术体系 1 套，与转基因生物安全评价相互衔接、补充；明确农业动植物基因编辑验证评价关键参数、指标，提出基因编辑验证评价指南 1 份。

关键词：基因编辑，安全评价，风险因子

16. 农业生物设计育种原始创新（青年科学家，基础研究类）

研究内容：面向绿色发展、减排固氮的目标，研究种质资源多样性与演化规律，农业植物、动物和微生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，特别是实现种子与耕地相互适应、农业生态系统协同发展以应对气候变化。开展农业生物重要性状形成的前沿探索，要求研究思路和技术指标超前，具有明显创新性。

考核指标：选取并聚焦研究内容中的任一方向，支持青年科学家在方法、路径、技术等方面进行探索性研究，取得原创性研究成果。

关键词：农业生物，设计育种，原始创新

拟支持项目数：10 项。