

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 2021 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。根据本重点专项实施方案的部署，现发布 2021 年度项目申报指南。

本重点专项总体目标是：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。

2021 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，优先安排重大、关键且紧迫，以及具备一定基础的任务。拟启动 9 个项目方向，拟安排国拨经费概算 6.7 亿元。其中，部署 1 个青年科学家项目方向，拟安排国拨经费概算 0.2 亿元，拟支持项目 5 个，每个项目 400 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，基础研究领域青年科学家项目负责人年龄要求，男性应为 1986 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。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。

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 2021 年度项目申报指南如下。

1. 主粮作物优异种质资源形成与演化机制

研究内容：针对我国水稻、小麦、玉米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，揭示主要水稻、小麦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，阐明作物平行驯化的遗传基础，并创制出优异新基因资源。

考核指标：挖掘与水稻、小麦、玉米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。

2. 主要经济作物优异种质资源形成与演化机制

研究内容：针对我国经济作物种质资源多样性与演化规律不清的科学问题，以大豆、棉花、油菜、谷子、甘蔗、番茄、白菜等主要经济作物为研究对象，以高质量的基因组序列和泛基因组为参考，揭示主要农作物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，

阐明作物平行驯化的遗传基础，并创制出优异新基因资源。

考核指标：挖掘与主要经济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。

3. 水稻、小麦营养品质形成的分子调控网络

研究内容：针对我国水稻、小麦生产中营养品质提升所面临的关键限制因素，围绕高营养和高抗性淀粉等功能性水稻、强筋等专用型小麦的重大需求，综合利用遗传学、基因组学、分子生物学等技术手段，研究营养、加工、特殊功能成分、食味等品质性状形成的遗传基础，挖掘特殊营养品质形成的关键基因及其优良单倍型，揭示淀粉、蛋白和脂肪合成和转运的分子调控网络及环境因素对品质影响的分子机制，创制对品质提升有显著效应的优异新基因资源。

考核指标：挖掘控制水稻、小麦营养品质性状形成的重要新基因 15~20 个，其中有重大影响新基因 4~5 个，解析与优质和营养性状形成相关的调控网络 4~5 个，创制对品质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 4~5 项，申请

国外主产区专利 1~2 项，发表高水平论文。

4. 玉米高产优质性状形成的分子调控网络及其协同改良机制

研究内容：针对我国玉米生产上高产、优质性状改良提升所面临的主要问题及其协同改良的关键限制因素，研究产量性状（株型、穗型、种子大小、育性等）和品质性状（籽粒硬度、脱水速率、蛋白含量等）形成的分子基础，挖掘控制单一性状和同时控制多个性状的关键基因，解析其在产量品质性状形成过程中的耦合效应，阐明玉米高产优质协同改良的分子调控网络，创制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：挖掘控制玉米高产优质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，创制对产量和品质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 4~5 项，申请国外主产区专利 1~2 项，发表高水平论文。

5. 水稻、小麦养分高效利用性状形成的分子调控网络

研究内容：针对我国水稻、小麦在生产上养分高效利用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，挖掘氮、磷、钾等养分信号转导，养分活化，吸收、转运和代谢过程等养分高效利用性状形成的关键调控基因，阐明其对养分利用效率提高的遗传效应，解析其调控网络，揭示

根际微生物促进养分利用的遗传基础，解析养分与高产潜力形成的协同关系，创制养分利用效率提升的优异新基因资源。

考核指标：挖掘水稻和小麦氮、磷、钾等主要养分高效吸收利用的重要新基因 8~10 个，其中有重大应用价值的新基因 2~3 个，解析与养分高效利用性状形成相关的调控网络 2~3 个，创制对养分利用效率提升有重大应用价值的优异新基因资源 2~3 个，申请国外主产区专利 1~2 项，授权国家发明专利 2~3 项，发表高水平论文。

6. 玉米、大豆等作物养分高效利用性状形成的分子调控网络

研究内容：针对我国玉米、大豆等主要饲料经济作物在生产上养分高效利用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，挖掘氮、磷、钾等养分信号转导，养分活化，吸收、转运和代谢过程等养分高效利用性状形成的关键调控基因，阐明其对养分利用效率提高的遗传效应，解析其调控网络，揭示根际微生物促进养分利用的遗传基础，解析养分与高产潜力形成的协同关系，创制养分利用效率提升的优异新基因资源。

考核指标：挖掘玉米、大豆等主要饲料经济作物氮、磷、钾等主要养分高效吸收利用的重要新基因 8~10 个，其中有重大应用价值的新基因 2~3 个，解析与养分高效利用性状形成相关的调控网络 2~3 个，创制对养分利用效率提升有重大应用价值的优异新基因资源 2~3 个，申请国外主产区专利 1~2 项，授权国家发明

专利 2~3 项，发表高水平论文。

7. 生猪高产优质高效性状形成的分子调控网络

研究内容：针对我国生猪在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，挖掘高产肉量、高产仔数、优良肉质等性状形成的遗传基础及关键基因，阐明其对产量、产仔和品质提高的遗传效应，揭示环境和基因互作影响家畜高产优质性状形成的机制及其互作网络，创制产量品质优异新基因资源。

考核指标：挖掘控制生猪高产优质性状形成的重要新基因 8~10 个，其中有重大应用价值的新基因 2~3 个，解析与高产优质性状形成相关的调控网络 2~3 个，创制对产量和品质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。

8. 奶牛、羊高产优质高效性状形成的分子调控网络

研究内容：针对我国奶牛、羊在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，挖掘高产肉量、高产仔数、优良肉质等性状形成的遗传基础及关键基因，阐明其对产量、产仔和品质提高的遗传效应，揭示环境和基因互作影响家畜高产优质性状形成的机制及其互作网络，创制产量品质优异新基因资源。

考核指标：挖掘控制奶牛、羊高产优质性状形成的重要新基因 12~15 个，其中有重大应用价值的新基因 3~5 个，解析与高产优质性状形成相关的调控网络 3~5 个，创制对产量和品质提升有重大应用价值的优异新基因资源 3~5 个，授权国家发明专利 3~5 项，申请国外主产区专利 1~2 项，发表高水平论文。

9. 农业生物设计育种原始创新（青年科学家项目）

研究内容：利用系统生物学、大数据、合成生物学、人工智能等技术，研究种质资源多样性与演化规律，农业生物复杂性状形成与互作遗传机理，农业生物代谢调控网络与合成机制，农作物功能性状与群体产量协同进化的生态学机理等。

考核指标：聚焦专项关键核心技术有关方向，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：5 项。