

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。

“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“揭榜挂帅”榜单

为深入贯彻落实国家科技创新有关部署安排，切实加强创新链和产业链对接，“农业生物重要性状形成与环境适应性基础研究”重点专项聚焦国家高质量发展亟需、应用导向鲜明、最终用户明确的重大攻关需求，凝练形成 2023 年度“揭榜挂帅”榜单，现将榜单任务及有关要求予以发布。

一、申报说明

本批榜单围绕智能育种重大应用场景，拟解决基因组大数据辅助设计育种技术不足、自主知识产权的新一代基因组编辑技术缺乏等关键实际问题，拟安排国拨经费不超过 5000 万元。除特殊说明外，每个榜单任务拟支持项目数为 1 项。项目下设课题数不超过 5 个，项目参与单位总数不超过 10 家。项目设 1 名负责人，每个课题设 1 名负责人。企业牵头申报的项目，配套经费与国拨经费比例不低于 1:1。

榜单申报“不设门槛”，项目牵头申报和参与单位无注册时间要求，项目（课题）负责人无年龄、学历和职称要求。申报团队数量不多于拟支持项目数量的榜单任务方向，仍按程序进行项目评审立项。明确榜单任务资助额度，简化预算编制，经费管理探索实行“负面清单”。

二、攻关和考核要求

揭榜立项后，揭榜团队须签署“军令状”，对“里程碑”考核要求、经费拨付方式、奖惩措施和成果归属等进行具体约定，并将榜单任务目标摆在突出位置，集中优势资源，全力开展限时攻关。项目（课题）负责人在揭榜攻关期间，原则上不得调离或辞去工作职位。

项目实施过程中，将最终用户意见作为重要考量，通过实地勘察、仿真评测、应用环境检测等方式开展“里程碑”考核，并视考核情况分阶段拨付经费，实施不力的将及时叫停。

项目验收将通过现场验收、用户和第三方测评等方式，在真实应用场景下开展，并充分发挥最终用户作用，以成败论英雄。由于主观不努力等因素导致攻关失败的，将按照有关规定严肃追责，并依规纳入诚信记录。

三、榜单任务

1. 农作物重要农艺性状基因组大数据辅助设计育种（揭榜挂帅，共性关键技术类）

需求目标：以水稻、玉米、小麦等大田作物和大豆、番茄、西瓜、黄瓜、甜瓜、南瓜、辣椒等经济作物为研究对象，针对重要农艺性状基因组大数据辅助设计育种面临的关键瓶颈和基础科学问题，通过基因型、表型、环境数据的多组学大数据信息化、自动化、精准化的多向筛选与整合，精准预测重要农艺性状表型，快速选育新品种，发掘重要基因；采用机器学习等数据科学技术，

发展根据基因型和环境预测表型的新模型、新方法，指导精准基因编辑、合成生物学实践，精准鉴定目标性状突出、综合性状优良的基因资源，开展作物基因组大数据辅助设计育种理论、方法与实践的原创性研究。具体需求目标如下：

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 6~8 项，发表高水平论文 15~20 篇。

关键词：农作物，大数据辅助设计育种，多组学，机器学习

时间节点：研发时限为 5 年，立项 24 个月后开展“里程碑”考核。

榜单金额：不超过 2500 万元。

2. 基于 CRISPR 的基因编辑衍生技术研发与应用（揭榜挂帅，共性关键技术类）

需求目标：针对自主知识产权的新一代基因组编辑技术的核心问题，集中优势团队，开展多学科交叉联合攻关，利用全球生物资源信息，特别是微生物宏基因组数据，挖掘具有靶向功能的新颖基因编辑系统，取得基因编辑底盘技术原创性突破；开发具有我国自主知识产权的基因编辑技术系统（包括基因敲除、碱基编辑，基因片段插入、基因片段替换等）；围绕关键农业动植物开展突破性基因编辑种质创新和利用，在农作物基因编辑核心技术研究领域抢占国际制高点，保障我国基因编辑产业安全。具体需

求目标如下:

建立具有自主知识产权的新型基因编辑工具 1~2 个, 通过扩展现有基因编辑工具获得具有自主知识产权的靶向修饰、编辑特异性提高的基因编辑工具 3~4 个, 利用以上工具在农业动植物、微生物中创制基因编辑新种质资源 20 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: 基因编辑工具, 编辑特异性, 种质创新

时间节点: 研发时限为 5 年, 立项 24 个月后开展“里程碑”考核。

榜单金额: 不超过 2500 万元。

“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 年度项目申报指南和榜单形式审查条件要求

申报项目须符合以下形式审查条件要求。

1. 推荐程序和填写要求

(1) 由指南规定的推荐单位在规定时间内出具推荐函。

(2) 申报单位同一项目须通过单个推荐单位申报，不得多头申报和重复申报。

(3) 项目申报书（包括预申报书和正式申报书，下同）内容与申报的指南方向相符。

(4) 项目申报书及附件按格式要求填写完整。

2. 申报人应具备的资格条件

(1) 项目（课题）负责人应为 1963 年 1 月 1 日以后出生，具有高级职称或博士学位。

(2) 青年科学家项目负责人应具有高级职称或博士学位，男性应为 38 周岁以下（1985 年 1 月 1 日以后出生），女性应为 40 周岁以下（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。

(3) 受聘于内地单位的外籍科学家及港澳台地区科学家可作为项目（课题）负责人，全职受聘人员须由内地聘用单位提供

全职聘用的有效材料，非全职受聘人员须由双方单位同时提供聘用的有效材料，并作为项目预申报材料一并提交。

(4) 参与重点专项实施方案或本年度项目指南编制的专家，原则上不能申报该重点专项项目（课题）。

(5) 诚信状况良好，无在惩戒执行期内的科研严重失信行为记录和相关社会领域信用“黑名单”记录。

(6) 中央和地方各级国家机关的公务人员（包括行使科技计划管理职能的其他人员）不得申报项目（课题）。

(7) 项目申报人员满足申报查重要求。

3. 申报单位应具备的资格条件

(1) 在中国大陆境内登记注册的科研院所、高等学校和企业等法人单位。国家机关不得作为申报单位进行申报。

(2) 注册时间在 2022 年 6 月 30 日前。

(3) 诚信状况良好，无在惩戒执行期内的科研严重失信行为记录和相关社会领域信用“黑名单”记录。

4. 本重点专项指南规定的其他形式审查条件要求

(1) “揭榜挂帅”项目（课题）负责人无年龄、学历和职称要求，项目牵头申报和参与单位无注册时间要求。

(2) 青年科学家项目不再下设课题，项目参与单位总数不超过 3 家。

本专项形式审查责任人：郑筱光、葛毅强

附件 1

项目申报查重要求

1. 项目（课题）负责人限申报 1 个项目（课题）；国家重点研发计划、科技创新 2030—重大项目的在研项目负责人不得牵头或参与申报项目（课题），课题负责人可参与申报项目（课题）。

项目（课题）负责人、项目骨干的申报项目（课题）和国家重点研发计划、科技创新 2030—重大项目在研项目（课题）总数不得超过 2 个。国家重点研发计划、科技创新 2030—重大项目的在研项目（课题）负责人和项目骨干不得因申报新项目而退出在研项目；退出项目研发团队后，在原项目执行期内原则上不得牵头或参与申报新的国家重点研发计划项目。

2. 涉及与“政府间国际科技创新合作”“战略性科技创新合作” 2 个重点专项项目查重时，对于中央财政专项资金预算不超过 400 万元的“政府间国际科技创新合作”重点专项项目、中央财政专项资金预算不超过 400 万元的“战略性科技创新合作”重点专项港澳台项目，与国家重点研发计划其他重点专项项目（课题）互不限项，但其他重点专项项目的在研项目负责人不得参与申报此类不限项项目。

3. 与国家自然科学基金部分项目实施联合查重。对于国家重点研发计划项目的项目（课题）负责人，需与国家自然科学基金

重大项目（限项目负责人和课题负责人）、基础科学中心项目（限学术带头人和骨干成员）、国家重大科研仪器研制项目（限部门推荐项目的项目负责人和具有高级职称的主要参与者）实施联合限项，科研人员同期申报和在研的项目（课题）数原则上不得超过2项，但国家重点研发计划中的青年科学家项目、科技型中小企业项目、国际合作类项目3类项目不在与国家自然科学基金联合限项范围内。

对于国家重点研发计划“基础科研条件与重大科学仪器设备开发”重点专项（科学仪器方向），还需与国家重大科研仪器研制项目（含国家重大科研仪器设备研制专项项目）、国家重点研发计划“重大科学仪器设备开发”重点专项进行联合查重，科研人员同期申报和在研上述三类项目原则上不得超过1项。

4. 项目任务书执行期（包括延期后执行期）到2023年12月31日之前的在研项目（含任务或课题）不在限项范围内。