

附件 1

农业生物育种重大项目 2023 年度公开竞争类 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)

为贯彻党中央、国务院的重大决策部署，根据农业生物育种重大项目实施方案及 2022—2025 年实施计划，现发布 2023 年度公开竞争类项目申报指南。

农业生物育种重大项目的总体目标是：围绕保障国家粮食安全、生态安全和国民营养健康等重大需求，聚焦主要农作物（水稻、小麦、玉米、大豆、油菜、棉花）、畜禽水产（猪、牛、羊、鸡、鱼）、林草（杨树、松树、苜蓿）等战略性物种，挖掘和创制优异基因资源，突破前沿关键技术，提升农业生物育种技术创新能力，培育满足国家重大需求和国际竞争需要的重大突破性品种；打造具有国际竞争力的种业企业，健全现代种业技术创新和支撑体系，掌控生物种业发展主动权。到 2030 年，我国农业生物育种研发能力和整体水平跃居世界前列，主要农作物、畜禽水产和林草良种对增产贡献率达到国际先进水平，民族种业企业进入全球产业前列，初步建成生物种业科技强国。

项目统一按照子任务的研究方向申报。2023 年度公开竞争类项目实施年限为 2023 年至 2025 年，2023 年度中央财政

经费总计不超过 1 亿元，项目配套经费与中央财政经费比例不低于 1:1。申报项目的研究内容必须涵盖对应指南所列的全部研究内容和考核指标。

任务一：基因挖掘

任务需求：为满足新时期农业生物品种培育对育种基因的重大需求，针对我国主要农业生物产量性状调控基因缺乏的关键限制因素，重点挖掘产量性状关键基因，明确其育种价值、创制高产优异新基因资源；针对提升我国农业生物品质性状调控基因缺乏的关键限制因素，重点挖掘优质性状关键基因，明确其育种价值，创制品质新基因资源；针对我国农业生物主要病虫害抗性调控基因缺乏的关键限制因素，重点挖掘重要抗病虫基因，明确其育种价值，创制抗病虫新基因资源；针对提升我国生物育种中盐碱、极端温度、旱、涝等抗逆性状调控基因缺乏的关键限制因素，重点挖掘耐非生物胁迫的关键基因，明确其育种价值，创制抗逆优异新基因资源；针对我国农业生物育种面临的养分利用效率低、光合效率低、饲料报酬率低等问题，重点挖掘资源高效利用关键基因，明确其育种价值，创制资源高效利用优异新基因资源。

研究目标：围绕农业生物品种培育对育种基因的重大需求，以农业生物高产、优质、高效和高抗育种性状为导向，基于多样性遗传资源，运用多学科技术手段，解析产量、品质、抗生物与非生物胁迫、资源高效利用等重要农艺（经济）性状形成

与演变的遗传基础，挖掘育种应用基因，解析其调控模块。评价基因对目标性状改良的潜力，获得调控重要育种性状新基因，支撑优异多性状协同改良，为重大新品种培育提供新基因资源。

研究内容：基于多样性遗传资源，综合运用遗传学、生物化学、分子生物学、多组学、系统生物学和计算生物学等手段，解析农业生物高产、优质、抗生物胁迫（病、虫）、耐非生物胁迫（盐碱、旱涝、极端温度等）、资源（养分、光能、饲料等）高效利用等重要农艺（经济）性状形成的遗传基础，鉴定调控高产、优质、抗逆、资源高效利用等重要性状关键基因，系统解析其调控模块。在主要农作物（水稻、小麦、玉米、大豆、油菜、棉花）、畜禽水产（猪、牛、羊、鸡、鱼）、林草（杨树、松树、苜蓿）中评价基因对目标性状改良潜力，获得具有重大育种价值新基因，为精准设计未来战略品种提供源头支撑。

组织实施方式：充分发挥科技创新新型举国体制优势，凝聚和集成国内优势科研院校和领军企业，采用科研院校或企业牵头实施，面向农业生物育种重大需求，建立问题导向、目标导向和产业导向的一体化新基因挖掘与育种价值评价协同研发机制。通过举办新基因推介会和交流会等方式，为科研院校和企业提供新基因资源，有力支撑农作物、畜禽水产和林草等战略物种重大新品种培育。实施节点任务定向评估，任务实施过程中的基因、资源等，在横向支撑平台体系开展基因型鉴定、表型测试测定以及验证评价，实现标准化数据汇集。鉴定、测

试、验证评价结果作为考核验收依据。发挥任务执行专家组的组织管理作用，推动基因、资源等共享，实现整体目标任务。任务采用公开竞争方式，中央财政经费采用前补助方式支持。

子任务：高产新基因挖掘与育种价值评价

研究目标：利用多样性生物资源，阐明主要农作物（水稻、小麦、玉米、大豆、油菜、棉花）、畜禽水产（猪、牛、羊、鸡、鱼）和林草（杨树、松树、苜蓿）产量性状形成的分子基础，获得具有重要育种价值新基因，支撑优异新种质创制和新品种培育。

研究内容：综合运用遗传学、生物化学、多组学、系统生物学和计算生物学等手段，鉴定理想株型、分蘖、穗型、粒型、生育期、杂种优势、生物量、适宜密植、高产、高繁等控制产量性状关键基因和调控模块，在目标农作物、畜禽水产和林草中评价其生物学效应和育种价值，为目标生物产量性状设计改良提供支撑。

考核指标：获得高产新基因 490 个，具有重大育种价值的高产基因 7 个，并被优势企业或优势科研单位转化应用 22 个次以上。发表高水平论文 22 篇。申请或获得发明专利 480 件以上，其中国际专利 7 件。

子任务：优质新基因挖掘与育种价值评价

研究目标：针对主要农作物（水稻、小麦、玉米、大豆、油菜、棉花）、畜禽水产（猪、牛、羊、鸡、鱼）和林草（杨树、松树、苜蓿）育种面临的品质提升问题，获得控制优质性

状关键基因和调控模块，并应用于优质性状的设计改良。

研究内容：围绕农作物籽粒淀粉品质、蛋白品质、油脂品质、储藏品质、外观品质、加工品质、林草木质素及纤维素、畜禽高营养肉质等性状，综合运用遗传学、生物化学、分子生物学、多组学、系统生物学和计算生物学等手段，解析控制品质性状的遗传基础，鉴定具有重大育种价值新基因及优异等位变异，在目标农作物、畜禽水产和林草中评估其生物学效应和育种价值，为农业生物优质性状设计改良提供支撑。

考核指标：获得优质新基因 320 个，具有重大育种价值基因 4 个，并被优势企业或优势科研单位转化应用 13 个次以上。发表高水平论文 14 篇。申请或获得发明专利 340 件以上，其中国际专利 5 件。

子任务：抗病虫害新基因挖掘与育种价值评价

研究目标：针对主要农作物（水稻、小麦、玉米、大豆、油菜、棉花）、畜禽水产（猪、牛、羊、鸡、鱼）和林草（杨树、松树、苜蓿）的主要生物胁迫瓶颈问题，获得主要病虫害抗性关键基因和调控模块，明确其育种利用价值，为目标生物抗性改良提供基因资源。

研究内容：针对水稻稻瘟病和黑条矮缩病、小麦锈病和赤霉病、棉花黄萎病、玉米茎腐病、穗粒腐病、大豆胞囊线虫、油菜根肿病、菌核病、非洲猪瘟、禽流感、牛羊病毒性及细菌性疾病，以及稻飞虱、螟虫、松材线虫和松毛虫等农作物、畜禽水产和林草共性或特异性主要病虫害，鉴定参与抗病虫害的关

键基因和调控模块，在目标农作物、畜禽水产和林草中评估其生物学效应和育种价值，为农业生物抗病虫害性状设计改良提供支撑。

考核指标：获得抗病虫害新基因 480 个，具有重大育种价值基因 7 个，并被优势企业或优势科研单位转化应用 23 个次以上。发表高水平论文 22 篇。申请或获得发明专利 470 件以上，其中国际专利 6 件。

子任务：耐非生物逆境新基因挖掘与育种价值评价

研究目标：针对主要农作物（水稻、小麦、玉米、大豆、油菜、棉花）、畜禽水产（猪、牛、羊、鸡、鱼）和林草（杨树、松树、苜蓿）耐逆育种瓶颈问题，阐明耐逆性形成的分子基础，获得具有重大育种价值新基因，支撑耐非生物胁迫新种质创制和新品种培育。

研究内容：针对耐非生物胁迫育种性状，利用遗传学、生物化学、多组学、系统生物学、计算生物学等手段，挖掘调控耐盐碱、耐极端温度、耐旱、耐涝、耐除草剂、耐高温、耐高海拔等重要基因及优异等位变异，解析其调控模块，在目标农作物、畜禽水产和林草中评估其育种价值，为农业生物耐非生物胁迫性状设计改良提供支撑。

考核指标：获得耐逆新基因 440 个，具有重大育种价值基因 6 个，并被优势企业或优势科研单位转化应用 20 个次以上。发表高水平论文 20 篇。申请或获得发明专利 430 件以上，其中国际专利 6 件。

子任务：资源高效利用新基因挖掘与育种价值评价

研究目标：针对主要农作物（水稻、小麦、玉米、大豆、油菜、棉花）和林草（杨树、松树、苜蓿）养分、光能利用、重金属累积和畜禽水产（猪、牛、羊、鸡、鱼）饲料报酬率低等重大瓶颈问题，获得资源高效利用新基因，并应用于农业生物新品种培育。

研究内容：围绕氮磷钾养分、光能高效利用、重金属阻控、饲料利用率、环境友好型等性状，通过遗传学、生物化学、多组学、系统生物学、计算生物学等手段，挖掘鉴定控制资源高效利用性状重要基因及优异等位变异，鉴定其调控模块，在目标农作物、林草和畜禽中评估其生物学效应和育种价值，为农业生物资源高效利用性状设计改良提供支撑。

考核指标：高效利用新基因 480 个，具有重大育种价值基因 6 个，并被优势企业或优势科研单位转化应用 22 个次以上。发表高水平论文 22 篇。申请或获得发明专利 480 件以上，其中国际专利 6 件。

任务二：前沿关键技术创新

任务需求：为满足新时期农业生物品种培育对前沿育种技术体系的重大需求，针对农业生物复杂性状重要调控基因挖掘方法缺乏等关键问题，重点开展基因高效挖掘新技术与应用研发，高通量挖掘重要育种价值基因。针对农业生物遗传转化基因型依赖、多基因叠加技术缺少等问题，重点开展转基因新技术与应用研发，进一步提高技术广适性和遗传转化效率，实现

靶点基因和遗传网络的精准调控。针对大片段优异等位基因替换和插入效率低、精准性不够、与育种结合不紧密等问题，重点开展基因编辑新技术研发与应用，构建基因编辑高效育种技术体系。针对复杂性状全基因组选择效率低、畜禽干细胞建系和诱导分化不稳定等问题，重点开展全基因组选择和干细胞育种技术创新与应用，实现重要性状的快速改良。针对核心算法缺乏、底层模型精准度不足等问题，重点开展智能设计育种技术创新与应用，推动生物技术（BT）和信息技术（IT）的深度融合，驱动育种技术快速变革迭代。

研究目标：开发高效规模化基因克隆和转基因新技术、适用主要物种的基因编辑育种技术；建立全基因组选择技术体系，创新家畜干细胞培养、诱导分化技术；开发智能设计育种核心算法和应用模型，大幅度提升生物育种效率，为生物育种技术迭代升级提供支撑。

研究内容：研发基于全景组学的规模化基因挖掘新技术和新方法。创新不依赖基因型的高效遗传转化新技术，开发基因叠加、三维调控等基因操作技术。集成创新目的基因插入、移除或替换等基因编辑育种应用技术，实现主要农业生物的精准编辑。研发高效、准确的全基因组选择新技术，开发家畜干细胞培养技术和诱导分化新技术，获得具有生殖系分化能力的家畜干细胞系，建立干细胞育种技术体系。研发基于新型人工神经网络等的智能设计核心算法和应用模型，初步建立生物技术和信息技术交叉融合的高效智能设计体系，创建提高作物育种

效率的智能育性设计技术体系。

组织实施方式：充分发挥科技创新新型举国体制优势，凝聚国内优势科研院校和领军企业，采用科研院校或企业牵头实施，面向农业生物育种重大需求，建立问题导向、目标导向和产业导向的一体化前沿关键技术创新体系。通过举办技术推介会、培训会、交流会等方式，为科研院校和企业提供新算法、新模型、新工具、新软件等育种技术服务，有力支撑农作物、畜禽水产、林草等战略物种的前沿育种技术体系构建和新品种培育。实施节点任务定向评估，任务实施过程中的资源、材料等，均应在横向支撑平台体系开展基因型鉴定、测试测定以及验证评价，实现标准化数据汇集评价。鉴定、测试、验证评价结果作为考核验收依据。发挥任务执行专家组的组织管理作用，推动技术、资源等共享，实现整体任务目标。任务立项采用公开竞争方式。中央财政经费采用前补助方式支持。

子任务：基因高效挖掘新技术与应用

研究目标：开发基因组分析新算法，大规模鉴定控制复杂性状的基因，鉴定互作基因，研发模块耦合新技术。通过多组学关联分析，开展遗传、表观遗传和环境互作分析，建立基因高效发掘和育种价值评估体系。

研究内容：构建复杂性状多维组学联合分析技术，建立和优化多物种的单细胞、三维空间结构、时空组学前沿技术，快速定位控制重要性状的特定细胞类型基因。规模化发掘重要育种价值基因，鉴定关键基因互作模块。发掘全基因组导航的复

合体模块互作和耦合新技术。通过基因编辑等技术快速验证基因遗传效应，支撑农业生物复杂性状分子设计改良。

考核指标：建立基于多维组学的复杂性状基因挖掘技术 2—3 项，并各在 3 个以上物种中应用。建立农业生物单细胞水平关键基因挖掘技术 3—5 项，被优势企业或科研院校转化应用 2—4 项。研发空间三维基因组、功能基因高效叠加、遗传和表观遗传优良等位基因聚合等关键技术 40—45 项。发表高水平论文 10—15 篇。申请或获得发明专利 45 件以上，其中国际专利 3—5 件。

子任务：转基因新技术与应用

研究目标：创新不受基因型限制或无需组织培养的遗传转化技术，提升转基因农业生物育种的效率和安全水平。建立完善自动化程度高、操作简单的高效多基因组装载体系统，实现主要农业生物的高效多基因转化。开展外源转基因定点插入、染色质修饰调控研究，实现外源转基因的稳定和高效表达与优良性状的稳定遗传。

研究内容：利用多组学及分子生物学等技术手段，鉴定筛选影响细胞去分化、分化及再生的调控因子以及形态建成因子等进行多组合测试，建立对农业生物生长无影响的、广适应性的、无（少）基因型依赖的高效转基因体系。开发基因叠加、三维调控等基因操作技术，研发和优化高效的 DNA 克隆与组装技术，整合促进遗传转化的形态建成因子，实现外源基因定向插入和表达，提升基因表达的精准性和特异性。开发新一代

简单、高效的多基因组转化载体系统，实现重要农业生物的高效多基因遗传转化和优异性状的快速聚合与设计育种。开发多基因修饰介导的表观调控技术，开发基因定点插入技术，提高外源转基因的高表达与优异性状的稳定遗传。探索基于干细胞的基因转化技术体系。

考核指标：突破遗传转化的基因型依赖瓶颈，目标物种转化效率提高 30% 以上，建立高效多基因遗传转化技术。研发无基因型依赖性遗传转化、高效多基因组装与转化、基因定点整合等关键技术 25 项以上，被优势企业或科研院校转化应用 11—12 项。发表高水平研究论文 10—12 篇。申请或获得发明专利 55 件以上，其中国际专利 2—3 件。

子任务：基因编辑新技术与应用

研究目标：聚焦基因编辑育种技术创新，提升基因编辑的效率性、精准性、安全性和普适性，建立基因编辑关键育种技术和策略。构建基于基因编辑的高效育种技术体系，提高育种效率，实现基因编辑技术在生物育种中的创新性应用。

研究内容：开展基因编辑前沿技术研发，创新目的基因大片段等位替换、移除或插入等精准基因编辑技术，建立碱基编辑、引导编辑、基因精细调控、定向进化等可高效创制丰富优异等位变异和优异性状高效聚合的基因编辑育种新技术，开发基因编辑靶点设计与分析平台。通过与常规技术和其它前沿技术融合，集成创新基因编辑育种技术体系，提高育种效率，并创制具有重要育种利用价值的新型基因资源和新材料。

考核指标：开发全新多类型核苷酸编辑、DNA 大片段操控、定向进化等关键技术 40—45 项，其中高效精准基因编辑新技术 4—8 项，效率提高 2—5 倍，被优势企业或科研院所转化应用 3—5 项。发表高水平论文 10—16 篇。申请或获得发明专利 65 件以上，其中国际专利 4—6 件。

子任务：全基因组选择和干细胞育种技术创新与应用

研究目标：构建农业生物高效全基因组选择新技术，实现复杂性状的多组学信息与育种大数据融合的全基因组育种决策，大幅度提高育种效率。构建高效、安全的家畜体外胚胎生产技术体系，建立家畜干细胞向功能性配子的高效定向诱导分化技术，获得稳定的具有生殖系分化能力的家畜干细胞系。

研究内容：研发全基因组范围的优异等位变异鉴定新算法，研制面向全基因组选择的设计育种软件；开发基于农业生物大数据、关键算法和高性能计算的全基因组选择决策系统，并实现在主要农业生物中的应用示范。模拟体内发育条件，优化家畜卵子体外成熟、体外受精、胚胎体外发育技术，建立高效的农业生物体外胚胎生产技术体系。利用小分子/细胞因子筛选等技术，建立稳定的具有生殖系分化能力的畜禽干细胞系。优化配子分化体系，实现家畜干细胞向功能性配子的体外诱导分化，优化家畜胚胎低损取样及单细胞全基因组扩增等技术。

考核指标：研发全基因组精准预测、定向设计等关键技术 12 项以上，建立高效全基因组选择育种系统应用示范 1—2 例。获得稳定的牛、羊、鸡干细胞系 3—5 种，并诱导形成配子。

被优势企业或科研院校转化应用 2—4 种。研发干细胞建系、干细胞向生殖细胞诱导分化等关键技术 10—15 项。发表高水平研究论文 15—25 篇。申请或获得发明专利 65 件以上，其中国际专利 5—8 件。

子任务：智能设计育种技术创新与应用

研究目标：建立标准的农业生物大数据创制、收集、整理、挖掘与可视化等方法，大幅度提升基于农业生物大数据的挖掘与应用能力。开发选择算法，在全基因组层面上建立多组学智能算法和模型，预测和设计关键基因和位点，构建大幅度提高育种效率的智能设计与创制体系。

研究内容：构建面向智能育种的表型、基因型、环境型数据库和知识库，开发人工智能与生物技术融合的新算法、新方法和新工具，强化基于关键算法和预测模型实用性的标准化大数据建设，研究基因型到表型的环境调控网络模型。构建表型组、基因组、转录组、表观组、单细胞组等生物大数据与农业生物复杂育种性状间的智能预测模型，挖掘、设计及优化育种元件，重构与合成调控回路。研发提高育种和制种效率的智能育性设计制种技术。开发面向基因编辑、转基因、合成生物等育种设计应用模型，建立从技术—数据—算法—决策的一体化智能育种系统。

考核指标：研发智能设计育种关键算法和模型 3—6 个，被优势企业转化应用 2—4 个；开发设计育种与常规育种融合的智能育种软件 and 知识服务系统各 1 个，建立生物技术和信息

技术交叉融合的高效智能育种系统应用示范 1—2 例；研发表型精准预测、育种元件设计、定向合成、智能联合育种软件和设备等关键技术 30 项以上。发表高水平论文 10—15 篇。申请或获得发明专利 60 件，其中国际专利 5—6 件。

香港中文大学深圳研究院 cuhkshz