

一、 研究水平与贡献

2013年，实验室共承担各类科研项目224项，项目总经费2.57亿元，实到经费9087万元；获得省部级奖励5项，其中一等奖2项、二等奖2项；发表论文204篇，包括SCI收录论文135篇，其中1区论文（该期刊的影响因子排名位于其所在学科排名的前5%）23篇，占发表总论文数的11.3%；授权国家发明专利37项，申请国家发明专利25项；获批软件著作权8项；申请植物新品种权8项；审定/认定、推广农作物新品种12个，成果和技术转让1项。设立6项高层次引进人才自主研究课题，所有在研课题均按照计划顺利实施。

1. 承担任务

本年度，实验室在研项目255项，项目总经费2.57亿元，实到经费1.02亿元。新增项目63项，其中973计划项目1项、国家转基因重大专项项目3项、国家自然科学基金项目33项（重点项目5项、重大国际（地区）合作研究项目1项）。

表1 实验室2013年新增的5项重要科研任务

序号	课题名称	项目（课题）编号	负责人及单位	起止时间	总经费（万元）	本年度经费（万元）	经费来源	类别	类型	研究方向
1	棉花纤维素生物合成的基因调控与高强纤维形成的分子遗传基础	31330058	张天真 南京农业大学	2014-2018	307	122.8	国家基金委	重要负责	国家自然科学基金	育种目标性状的基因与基因组分析
2	水稻土砷形态转化的生物学机理与调控措施	41330853	赵方杰 南京农业大学	2014-2018	308	123.2	国家基金委	重要负责	国家自然科学基金	育种目标性状的基因与基因组分析
3	不结球白菜耐寒关键基因的鉴定、分析及功能研究	31330067	侯喜林 南京农业大学	2014-2018	288	115.2	国家基金委	重要负责	国家自然科学基金	育种目标性状的基因与基因组分析
4	优质与功能性转基因水稻新品种培育	2014ZX010-01-006	江玲 南京农业大学	2014-2015	3497	1568	农业部	重要负责	国家科技重大专项	作物育种新方法和新品种选育

序号	课题名称	项目(课题)编号	负责人及单位	起止时间	总经费(万元)	本年度经费(万元)	经费来源	类别	类型	研究方向
5	优质功能型大豆新品种培育	2014ZX08004-003	喻德跃 南京农业大学	2014-2015	1226	641.47	农业部	重要负责	国家科技重大专项	作物育种新方法和新品种选育

2. 研究工作水平

实验室坚持定位“应用基础研究”，科学研究“顶天立地”。在基础研究领域取得重大突破。本年度共发表论文 211 篇，其中 SCI 收录论文 141 篇，总影响因子 $IF > 500$ ，(2012 年总 $IF > 350$)，最高影响因子(2013 年 $IF > 41$ 2012 年 $IF > 25$)和篇均影响因子(2013 年 $IF 4.1$ ，2012 年 $IF 3.7$)均显著提升，实验室在发表 JCR 1 区高水平论文 7 篇。水稻团队在控制分蘖的新激素信号转导研究中取得重大突破，研究成果在国际顶级杂志《Nature》以 Article Research 形式发表。主编、参编专著 7 部。

5 项科研成果获得省部级奖励。“梨高光效树形及花果管理技术研发与应用”获高等学校科学研究优秀成果奖(科学技术)技术发明奖一等奖；“棉纤维发育的基因组学与分子育种研究团队”获得 2012-2013 年度中华农业科技奖优秀创新团队成果奖一等奖；“南京农业大学梨生殖生理与分子生物学研究团队”荣获“华耐园艺科技奖”；“棉花抗黄萎病中植棉 2 号等系列品种的选育及应用”获 2012-2013 年度中华农业科技奖一等奖；“大豆抗灾与节本增效关键技术研究示范”获 2013 年度黑龙江省科学技术奖科技进步二等奖。“中国大豆花叶病毒株系鉴定体系、抗性基因与抗性育种研究”和“水稻籼粳杂种优势利用相关基因挖掘与新品种培育”已分别申报国家科技进步和国家技术发明奖。

获授权国家发明专利 37 项，申请发明专利 25 项，获批软件著作权 8 项；申请植物新品种权 8 项；审定/认定、推广农作物新品种 12 个，成果和技术转让 1 项。这些新品种和新成果的推广将为保障我国粮食安全、农民增收和农业可持续发展做出重要贡献。

(1). 代表性研究工作进展

表 2 2013 年度代表性研究工作进展

序号	成果名称	完成人	刊物、出版社或 授权单位名称	年、卷、期、 页 或专利号	类型	类别	研究方向
1	A role for a dioxygenase in auxin metabolism and reproductive development in rice	Zhigang Zhao, Yunhui Zhang, Jianmin Wan etc	Developmental Cell	2013, 27(1):113-122	论文	第一完成人(非独立完成)	种质资源的遗传基础与创新
2	Association of functional nucleotide polymorphisms at DTH2 with the northward expansion of rice cultivation in Asia	Wu WX, Zheng XM, Wan JM. etc	Proc Natl Acad Sci U S A,	2013, 110(8): 2775-2780	论文	第一完成人(非独立完成)	种质资源的遗传基础与创新
3	D14 - SCFD3-dependent degradation of D53 regulates strigolactone signaling	Feng Zhou, Qibing Lin, Jianmin Wan, etc	Nature	2013, 504:406-410	论文	第一完成人(非独立完成)	育种目标性状的基因与基因组分析
4	The genome of the pear (Pyrus bretschneideri Rehd.)	Wu J; Wang ZW; Zhang SL, etc	Genome Research	2013, 23:396-408	论文	第一完成人(非独立完成)	育种目标性状的基因与基因组分析
5	Establishment of genome-wide QTL-Allele Matrix of Germplasm population and its application to breeding by design in soybean	盖钧镒	3rd International Symposium Genomics of Plant Genetics Resources	2013-04-16	特邀报告	独立完成	作物育种新方法和新品种选育
6	宁粳 4 号	万建民	农业部 2013 年超级稻品种	农办科 [2013]12 号 2013-02-20	品种	独立完成	作物育种新方法和新品种选育

“A Role for a Dioxygenase in Auxin Metabolism and Reproductive Development in Rice”, 该论文发表于生物发育学国际顶尖期刊《Developmental Cell》(2013, 27(1):113-122), 为JCR 1区SCI论文。水稻是典型的自花授粉作物, 在开花过程受到植物激素生长素的精确调控。然而, 生长素是如何调控这个过程的分子机制尚无报道。该课题组在前期研究中筛选到一个突变体材料, 在营养生长期与野生型没有明显的差异, 但在开花期, 突变体材料颖壳不能正常张开、花药不能正常开裂, 最终导致突变体植株单性结实。利用构建的分离群体, 精细定位和图位克隆了该基因, 发现它编码一个2-OG-Fe (II) dioxygenase酶, 涉及生长素的降解, 命名为DAO (*Dioxygenase for Auxin Oxidation*)。通过外源激素处理和促进内源激素含量增加均能使野生型植株表现出突变体的表型, 体外酶活试验和体内激素含量的测定都证实DAO蛋白能够氧化生长素IAA为OXIAA, 从而维持体内IAA的动态平衡。该结果首次报道DAO通过调控植物激素IAA的代谢来严格控制水稻的生殖发育过程, 也将为进一步开展水稻籼粳杂种育性研究, 奠定了坚实的技术和材料基础, 也彰显了我实验室在水稻育性研究领域的国际领先地位。

“Association of functional nucleotide polymorphisms at DTH2 with the northward expansion of rice cultivation in Asia”, 该论文发表于 Proc Natl Acad Sci U S A (2013, 110 (8): 2775-2780)。该研究利用染色体片段置换系构建的次级分离群体, 精细定位和图位克隆了一个在长日照条件下促进抽穗(7天左右)的微效数量性状位点 DTH2, 其编码一个 CONSTANS-like 蛋白, 它独立于已知的开花集成子 Hd1 和 Ehd1, 通过诱导成花素基因 Hd3a 和 RFT1 促进抽穗。进一步分析发现 DTH2 中存在两个功能核苷酸多态性位点 (FNP), 这两个 FNP 与在亚洲北部自然长日照条件下的提早抽穗和增加适应性相关, 是水稻在驯化或改良过程中适应长日照而受到人工选择的一个靶基因, 体现了微效 QTLs 在作物适应和育种中起重要作用。该研究成果为进一步开展水稻籼粳杂种优势利用, 培育适宜抽穗期的水稻新品种奠定了坚实的技术、基因和材料基础, 特别是抽穗期微效 QTL 的克隆和功能解析为水稻抽穗期分子设计育种提供了很好的条件, 展示了我实验室在水稻功能基因组及籼粳交杂种优势利用基础研究方面的实力和水平。

“D14 - SCFD3-dependent degradation of D53 regulates strigolactone signaling”，该论文以 Article Research 的形式发表于《Nature》(2013, 504:406-410)，为 JCR 1 区 SCI 论文。该研究首次在遗传和生化层面上证实了 D53 蛋白作为独脚金内酯信号途径的抑制子参与调控植物分枝(蘖)的生长发育。利用一个部分显性水稻矮化多分蘖突变体(该突变体由日本九州大学惠赠)，命名为 dwarf 53 (d53)，进行外源激素处理和内源激素测定表明，d53 是一个独脚金内酯不敏感突变体。通过精细定位和图位克隆，获得了位于水稻第 11 号染色体短臂末端的 *D53* 基因，该基因编码一个新的在结构上与 I 类 Clp ATPase 类似的核蛋白。后续功能分析发现，在独脚金内酯存在的条件下 D53 蛋白可与两个已知的独脚金内酯信号分子 D14、D3 互作，形成 D53 - D14 - SCFD3 蛋白复合物，D53 蛋白被泛素化，进而特异地被蛋白酶体系统降解，从而诱导下游目标基因的表达以及独脚金内酯信号的响应。这是继 2012 年在《Nature Communications》上报道 TE 蛋白调控水稻分蘖形成机理后，在阐述植物分枝(蘖)形成机制领域的又一重大进展，不仅为水稻株型改良提供了重要的理论基础，而且为水稻籼粳交杂种优势利用提供了有用的基因和材料。

“The genome of the pear (*Pyrus bretschneideri* Rehd.)”，该论文发表于《Genome Research》(2013, 23:396-408)，为 JCR 1 区 SCI 论文。由本实验室牵头，联合中、美、日等国 7 家科研单位组成国际梨基因组合作组织，率先完成世界首个梨精细基因组图谱绘制工作。该研究成果全面解析了梨的遗传密码，建立了基因组指导下的分子育种平台，奠定了我国在国际梨基因组学研究的前沿地位。这一重大科研突破受到了国内外学者和新闻媒体的广泛关注，被国内外 100 多家媒体宣传报道和转载，并被美国杂志《The Scientist》作为 2013 年 6 月最值得关注的基因组学研究推荐。

“Establishment of genome-wide QTL-Allele Matrix of Germplasm population and its application to breeding by design in soybean”，2013 年 4 月 16-19 日，盖钧镒院士应邀赴韩国参加“3rd International Symposium Genomics of Plant Genetics Resources”，并做特邀报告。大豆团队利用收集的丰富的基因资源，通过评估 933 份大豆种质资源(196 份育成品种、393 地方品种和 344 份一年生野生豆)的遗传多样性，发现育成品种是最有潜力的亲本资

源,在 90 多年的育种过程中,它们当中出现并积累了大量新的等位变异(45.9%)。QTL 定位时,不清楚遗传模型情况下,建议首先用 QTLNetwork2.0 检测完整遗传模型,再用其他方法进行验证。总结了 81 个农艺性状的 110 个 QTL 数据的分布规律,结合定位的 QTL 位点和全基因组关联分析所得的优异等位变异,建立了 QTL-allele 矩阵,用于育种亲本的组合优化。本次报告对育成品种资源的潜质提出了新的见解,提出从整体入手再多方验证的 QTL 定位策略,首次提出建立 QTL-allele 矩阵用于设计育种。应《Breeding Science》主编约稿,撰写“Genome-wide genetic dissection of germplasm resources and implications for breeding by design in soybean”综述。

“宁粳 4 号”,中熟中粳新品种。2009 年通过国家农作物品种审定委员会审定,具有产量高、品质优、综合抗性强,穗多穗大,耐旱耐涝,好种易管,种植风险小等特点。适宜在河南沿黄、山东南部、江苏淮北、安徽沿淮及淮北地区种植。为 2012-2013 年江苏省农业委员会确定的水稻主推品种,2013 年被评为江苏“好品种”,2013 年通过农业部超级稻品种确认。这是继“宁粳 1 号”、“宁粳 3 号”之后我实验室选育成功的第三个超级粳稻新品种。在江苏、安徽、山东、河南、湖北、陕西、四川进行了单季稻试验示范种植,在湖南、江西进行了双季晚粳稻示范种植,各地试验示范和大面积种植均有良好表现,目前正在这些适宜地区推广种植,2011-2013 年已累计推广 1377 万亩。

(2). 标志性成果

标志性成果 1: 中国大豆花叶病毒株系鉴定体系创建、抗性基因挖掘和抗病品种选育

实验室参加人员: 智海剑、盖钧镒、李凯、邱家驯、喻德跃

成果简介: 创建了全国株系鉴定体系,承担全国大豆品种区试抗性鉴定。揭示了两类抗性的遗传机制,定位抗侵染基因,发掘两优异抗源。建立了抗性育种新策略,育成的 16 个抗病品种累计推广 3519.3 万亩,直接效益 28 亿元。为大豆区试鉴定品种 4703 个,经抗病鉴定后审定 57 个主栽品种推广 5462.7 万亩,间接效益 36 亿左右。合计效益 64 亿左右。发表论文 38 篇,含 SCI 论文 10 篇,被引 361 次。鉴定的病毒和抗源被多家单位应用,育成 27 个抗病品种,推动了行业科技进步,社会经济效益显著。

该成果已通过教育部申报2014年度国家科学技术进步奖。

标志性成果 2：水稻籼粳杂种优势利用相关基因挖掘与新品种培育

实验室参加人员：万建民，赵志刚，江玲，陈亮明，刘世家

成果简介：创制广亲和恢复系和粳型亲粳不育系，组配的籼粳交组合结实率稳定在 85%以上，解决了籼粳杂种半不育难题。挖掘控制抽穗期的关键基因、明确各稻区主栽品种抽穗期基因型，设计目标基因型，确定最佳育种方案。挖掘水稻显性矮秆及株型控制关键基因，发明分子标记，为解决籼粳杂种超高秆、培育理想株型的水稻品种奠定基础。聚合广亲和、抽穗期及显性矮秆等基因，培育籼粳交新品种。获批植物新品种权 8 项、申请 1 项，国家发明专利授权 6 项、申请 6 项，发表论文 71 篇，其中，在 Nature 等杂志发表 SCI 论文 41 篇。

该成果已获 2012 年度教育部技术发明奖一等奖，并由江苏省科学技术厅推荐申报 2014 年度国家技术发明奖。

二、队伍建设和人才培养

1. 总体情况

实验室有固定人员 88 人，其中有中国工程院院士 2 人，“千人计划”特聘教授 2 人，“长江学者”奖励计划特聘教授 2 人，国家杰出青年基金获得者 3 人，“973”首席科学家 1 人。研究队伍整体素质高，具有博士学位的占 88.6%，具有一年以上海外学习经历的占 36%；年龄结构合理，45 岁以下的中青年成员占 51.2%。

2. 队伍建设、人才培养（包括研究生培养）与引进情况

面向国家战略需求和学科发展前沿，重视高端人才引进和创新团队建设。引进海外高层次人才 5 人，留选优秀博士研究生 5 人。引进人才新组建了“玉米创新团队”，原有团队和今年引进人才相结合新组建了“作物分子遗传基础研究团队”。

以引进人才李艳教授牵头的“大豆生物技术育种研究”团队入选 2013 年教育部“创新团队发展计划”；陈增建教授牵头的“水稻种子大小的表观遗传调控机理研究”入选江苏省创新团队。陈增建、赵方杰等 16 人入选了不同类别的人才计划，吴俊教授荣获第十三届中国青年科技奖。

本年度，毕业博士生 39 人，毕业硕士生 86 人。目前，在站博士后 13 人、在读博士生 283 人、在读硕士生 519 人。获得江苏省优秀博士学位论文 2 篇。

2013 年度引进优秀人才简介

华健：教授、博士生导师。复旦大学生物学学士，中科院上海植物生理研究所植物学硕士，美国加州理工大学生物学博士，麻省理工大学白头研究所博士后，美国康奈尔大学植物生物学系副教授。主要研究方向为植物感知外界环境变化的传导信号通路以及生长发育和防卫反映应答调控机制。主要利用模式植物拟南芥等研究植物与外界重要环境因子的互作关系，在温度调控植物生长发育和防卫反应的分子机理研究上具有突出贡献。

吉加兵：教授、博士生导师。年南京农业大学学士，美国 University of Georgia 植物分子生物学博士，美国 Rice 大学、Baylor 医学院、Purdue 大学博士后，Purdue 大学植物学与植物病理学担任 Project Manager。2013 年 4 月作为高层次人才引进到实验室工作。近五年来参加 NSF 等各类科研项目多项，在 Plant Physiology、Theoretical and Applied Genetics 等国际期刊发表论文多篇。

三、开放与合作交流

1. 国内外学术交流与合作

实验室坚持推进高水平、高层次和实质性的国内外学术交流和合作，国际交流频繁，在国际学术界的学术地位和影响力不断提升。

(1) . 交流、讲学

本年度重点实验室邀请国内外专家来室讲学 39 人次，3 名青年学术骨干至美国加州大学、英国 John Inners Center、香港中文大学等国际知名科研院所访问学习。

(2) . 在国际重要学术会议作特邀报告

参加国际会议并做报告 22 人次，其中大会和特邀报告 12 人次。参加国内学术会议 45 人次，其中特邀报告和大会报告 19 人次。实验室人员在国内外知名院校讲学 6 人次。

(3) . 参与国际和组织国内重大科研计划

参与推进南京农业大学-Kyoto 大学作物学与未来农业联合研究中心；与

Sydney 大学合作建设的“中澳粮食安全联合实验室”签约组建；推进南京农业大学-澳大利亚 Newcastle 大学 (UoN) 联合研究中心建设，举办 Australia-China Plant Biology Symposium by UoN and NAU。

与北京大学、华中农业大学联合组建“大豆油菜棉花生物学协同创新中心”；与武汉大学、四川农业大学联合组建“杂交水稻产业提升协同创新中心”。参与江苏省“生物种业协同创新中心”培育并获得认定。与山东圣丰种业科技有限公司开展“振兴民族大豆种业”的战略合作，成立“圣丰院士工作站”，共同打造“育繁推一体化”的大豆商业化育种技术体系。

(4) . 主办或承办重要学术会议

组织召开“2013 年国际棉花基因组测序委员会学术研讨会”，来自美国多名专家、学者就项目的开展与分工合作进行了深入交流；协办“2013 全国植物生物学大会”，来自全国各地科研院所、高校的近 1000 名代表参加了本次会议；协办“第十四届全国植物基因组学大会”，来自 100 多所高校和科研院所的 850 多名专家和学生代表参加了会议；协办“第四届全国小麦基因组及分子育种大会”，来自全国 50 多所高校和科研院所的 350 多位专家学者参加了本次会议。

2. 公众开放

5 月 22 日南京航空航天大学附属中学 90 余名师生来实验室参加 2013 年度实验室公众开放活动，活动主题为“科技创新·美好生活”。通过活动，同学们感受到了科学家在农业科研领域的勤奋努力和巨大成就对生活的改变，加强了他们在农业研究领域的兴趣和好奇心，同时也加深了公众对农业科技工作者、农业院校的了解，为实验室未来汇集和吸纳优秀人才打下了良好的基础。

9 月 14 日作为 2013 年全国科普日活动江苏主会场开放场馆之一，面向南京市市民开放，众多市民前来科技咨询和互动体验。围绕“保护生态环境，建设美丽江苏”的主题，向市民进行科普宣传，反响良好。

3. 大型仪器设备的开放与共享

实验室仪器设备常年对外开放，30 万元以上的大型仪器设备共 30 台套，平均机时率 83.4%，平均共享率 16.3%，其中 9 台仪器共享率超过 30%，充分发挥了实验室作为公共研究平台的支撑和辐射作用。

四、专项经费执行情况与效益分析

1. 自主研究课题的设置及执行

2013 年度没有下拨自主研究课题经费，实验室为保证政策的延续性，经学术委员会及实验室主任会议讨论，将本年度自主研究课题类型均设置为人才培养课题，总启动计费 150 万元。经课题申请、评议决定，本年度共设立 6 项自主研究课题。目前所有课题均按照计划有序启动、开展。

表 3 实验室 2013 年新增自主研究课题

序号	课题类型	课题名称	负责人	总经费 (万元)
1	人才培养课题	水稻耐低氮胁迫生长和籽粒性状相关基因及 miRNA 克隆和功能研究	王春明	80
2	人才培养课题	小麦抵抗赤霉病的关键抗性基因的克隆、功能分析及其抗性信号途径解析	高夕全	80
3	人才培养课题	利用水稻自然变种分析克隆水稻幼苗期耐冷相关基因	华健	80
4	人才培养课题	大豆油脂合成相关候选基因关联分析	李艳	80
5	人才培养课题	玉米单倍体活体诱导率的分子遗传研究	吉加兵	80
6	人才培养课题	水稻籽粒镉、砷低积累的 QTLs 的鉴定	赵方杰	100

2. 开放课题的设置及执行情况

继续加大开放基金课题的支持力度，通过自由申请和评审，遴选来自中科院合肥物质科学院、山东省水稻所、江苏省农科院、安徽省农科院等 9 个单位的 11 项课题，总资助经费 110 万元，单项平均经费 10 万元。达到了实验室开放、合作研究的目的。

表 4 实验室 2013 年获批开放基金项目

序号	课题名称	总经费 (万元)	负责人	单位
1	圣稻 15 垩白性状的基因位点分析及遗传改良	10	郭涛	山东省水稻所
2	氯化血红素提高水稻耐铵能力的分子机理研究	10	谢彦杰	南京农业大学

序号	课题名称	总经费 (万元)	负责人	单 位
3	小麦闭花授粉突变体遗传分析与育种利用研究	10	李明浩	中科院合肥物质科学院
4	棉花小 GhmiRn140 调控纤维发育的分子机制研究	10	迟吉娜	河北省农林院
5	棉花四个热激蛋白基因克隆及功能分析	10	陈全战	南京晓庄学院
6	耐低磷转基因大豆新材料创制	10	朱月林	南京农业大学
7	大豆磷酸转运蛋白基因 GmPT1 的功能研究和 eQTL 定位分析	10	宋海娜	河南平顶山学院
8	大豆新型钾离子转运蛋白基因 GmHKT6;2 的克隆与功能分析	10	陈华涛	江苏省农科院
9	大豆抗 SMV 相关基因 GmRSC4 的克隆与功能分析	10	王大刚	安徽省农科院
10	菜用大豆优异种质资源的挖掘与利用	10	张玉梅	福建农科院作物所
11	不同品种小白菜镉积累差异的生理与分子机制研究	10	唐 仲	南京农业大学

山东省农业科学院刘炜主持的“水稻种胚中特异表达的启动子的分离及功能验证”(ZW2009001) 开放课题结题, 相关研究成果“Protein Kinase *LTPK1* Influences Cold Adaptation and Microtubule Stability in Rice” 2013 年发表在《J Plant Growth Regul》(2013, 32:483-490)。华南农业大学刘桂富主持的“水稻种胚中特异表达的启动子的分离及功能验证”(ZW2010001) 开放课题结题, 相关研究成果“Detection of QTL on panicle number in rice (*Oryza sativa* L.) under different densities with single segment substitution lines” 2013 年在线发表在《Euphytica》(DOI 10.1007/s10681-013-0998-8)。

五、依托单位的支持

1. 依托单位在人、财、物条件方面的保障和支持

类别	2012 年度	2013 年度	增长数	增长比率
专职管理人员 (个)	1	2	1	100%
专职技术人员 (个)	6	7	1	16.7%
硕士研究生招生 (个)	109	118	9	8%
博士研究生招生 (个)	66	72	6	9%
单位配套运行费 (万元)	85	91	6	7.1%

类别	2012 年度	2013 年度	增长数	增长比率
单位配套设备费（万元）	226.1	461.4	235.3	104%
实验室总面积（平米）	11327	11917	590	5.2%
实验室总资产（万元）	12166.7	13359	1192.3	9.8%

2. 依托单位给予的其他支持

依托单位南京农业大学对实验室的建设情况高度重视，对实验室做到各项政策的倾斜。如在人才引进上，优先考虑实验室的人才引进，先后从美国引进 6 位高端人才，及时配备助手，招收硕博研究生，并利用中央基本科研业务费和江苏省优势学科经费支持他们科研启动。在资源配置上，优先支持实验室硬件建设，划拨 600 多平米用于建设实验室公用的人工气候室和种子储藏室。一期 300 平米已建好使用，二期已规划待建。由于实验室整改阶段经费紧张的，先后拨付 500 多万元用于支持实验室运行和新购置大型仪器设备，保障了特殊时期实验室的高效运行。

集全校之力，统一领导和部署，集合校科研院、人事处、基建处、计财处等相关职能部门，以及农学院、园艺学院、资源与环境学院和生命科学学院等有关学院积极配合，全力支持实验室的整改建设工作，保障了实验室顺利通过整改评估。