

高校发展改革动态

2024 年第 1 期

发展改革处、“双一流”建设办公室

2024 年 1 月 16 日

【发展评价】2024 年 1 月 ESI 学科发展简报

一、我校 ESI 学科情况

1 月 11 日，ESI 更新了本年度第 1 期排名（统计时间范围 2013.01.01—2023.10.30）。数据显示，我校“农业科学”排名较上期又进一位，超越了加州大学系统，居全球机构第 9 位、高校第 3 位；除材料科学外，其余 12 个学科较上期分别前进了 1 到 24 位不等；学校总体排名居全球第 519 位。

“十四五”以来，我校陆续新增“计算机科学”“临床医学”“社会科学总论”“材料科学”等 4 个 ESI 前 1% 学科，“环境科学与生态学”晋升为全球前 1%，“农业科学”晋升为全球前 0.1%，提前实现了“十四五”规划目标。学校总体排名前进了 255 位，距离全球前 500 还差 19 个位次，预计将在年底前实现突破。

表1 我校ESI排名情况(2024.01)

学科领域	排名	较上期变化	较上年变化	论文数	被引频次	篇均被引	高被引论文	前1%机构数
农业科学	9	↑1	↑4	7212	122780	17.02	123	1221
植物学与动物学	37	↑1	↑18	6359	97779	15.38	134	1759
环境科学与生态学	120	↑7	↑54	3945	82635	20.95	63	1847
生物学与生物化学	337	↑5	↑36	1952	43240	22.15	28	1501
化学	588	—	↑54	2355	40527	17.21	9	1891
分子生物学与遗传学	553	↑2	↑63	1783	35809	20.08	6	1090
工程学	399	↑4	↑76	1655	35608	21.52	50	2390
地球科学	630	↑9	↑87	663	14369	21.67	15	1053
微生物学	349	↑9	↑49	962	13236	13.76	4	710
材料科学	1225	↓4	/	544	9959	18.31	2	1370
药理学与毒理学	674	↑2	↓4	459	8393	18.29	2	1264
计算机科学	493	↑5	↑87	415	8389	20.21	5	765
临床医学	5755	↑14	↓216	272	4772	17.54	3	6196
社会科学总论	1336	↑24	↑315	282	3943	13.98	17	2182
学校总体	519	↑2	↑63	29859	534804	17.91	468	9055

目前，“农业科学”共有12所机构进入全球前0.1%，其中高校6所，分别为：瓦赫宁根大学、中国农业大学、西北农林科技大学、加州大学系统、江南大学和法国研究型大学联盟。

表2 “农业科学”前0.1%机构情况(2024.01)

机构名称	单位类型	国际排名	论文数	被引频次	篇均被引	高被引论文数
中国科学院	科研机构	1	13379	258009	19.28	209
美国农业部	科研机构	2	13297	220072	16.55	116
中国农业农村部	科研机构	3	12261	192233	15.68	182
法国农业食品环境研究院	科研机构	4	9251	177552	19.19	135
西班牙最高科研理事会	科研机构	5	7808	167704	21.48	100
中国农业科学院	科研机构	6	10157	159003	15.65	142
瓦赫宁根大学	高校	7	6608	153771	23.27	165

机构名称	单位类型	国际排名	论文数	被引频次	篇均被引	高被引论文数
中国农业大学	高校	8	8449	151434	17.92	138
西北农林科技大学	高校	9	7212	122780	17.02	123
加州大学系统	高校	10	6112	122497	20.04	122
江南大学	高校	11	6378	120055	18.82	133
法国研究型大学联盟	高校	12	5294	112493	21.25	105

二、国内高校 0.1‰ 学科分布

目前，国内共有 16 所高校的 28 个学科进入全球前 0.1‰（中国地质大学不区分两地办学情况）。其中，中国科学院大学拥有 6 个，清华大学 4 个，浙江大学 3 个，上海交通大学与中国科技大学各 2 个，我校与华中科技大学等 10 所高校 1 个。

表 3 国内 0.1‰ 学科高校分布（2024.01）

序号	高校名称	0.1‰ 学科数	学科领域
1	中国科学院大学	6	化学、工程学、 环境科学与生态学 、地球科学、材料科学、 植物学与动物学
2	清华大学	4	化学、计算机科学、工程学、材料科学
3	浙江大学	3	化学、工程学、材料科学
4	上海交通大学	2	工程学、材料科学
5	中国科技大学	2	工程学、材料科学
6	华中科技大学	1	工程学
7	西安交通大学	1	工程学
8	哈尔滨工业大学	1	工程学
9	天津大学	1	工程学
10	同济大学	1	工程学
11	东南大学	1	工程学
12	中国地质大学	1	地球科学
13	中国农业大学	1	农业科学
14	西北农林科技大学	1	农业科学
15	南京农业大学	1	植物学与动物学
16	江南大学	1	农业科学

三、兄弟高校 ESI 学科情况

(一) 农林高校

数据显示，中国农业大学有 15 个学科进入 ESI 前 1%（2023 年 11 月新增“材料科学”），其中 3 个学科进入前 1‰、1 个学科进入前 0.1‰，总体排名居全球第 416 位；南京农业大学有 10 个学科进入 ESI 前 1%，其中 2 个学科进入前 1‰、1 个学科进入前 0.1‰（2023 年 11 月“植物学与动物学”晋升全球前 0.1‰），总体排名居全球第 553 位；华南农业大学有 13 个学科进入 ESI 前 1%，其中 2 个学科进入前 1‰，总体排名居全球第 817 位；华中农业大学有 12 个学科进入 ESI 前 1%，其中 2 个学科进入前 1‰，总体排名居第 601 位。

我校 ESI 前 1‰和 0.1‰学科数并列全国农林高校首位，前 1%学科数与学校总体排名居第二位。

表 4 “双一流”农林高校 ESI 学科情况（2024.01）

学校名称	前 1%学科数	前 1‰学科数	前 0.1‰学科数	总体排名
中国农业大学	15	3	1	416
西北农林科技大学	14	3	1	519
南京农业大学	10	2	1	553
华南农业大学	13	2		817
华中农业大学	12	2		601
北京林业大学	9	1		1040
四川农业大学	9	1		1310
东北农业大学	8	1		1366
南京林业大学	7			937
东北林业大学	7			1535

（二）陕西高校

数据显示，西安交通大学“药理学与毒理学”晋升ESI前1‰，目前有19个ESI前1%学科、5个前1‰学科、1个前0.1‰学科，总体排名居全球第153位；西北工业大学有10个ESI前1%学科、3个前1‰学科，总体排名居全球第361位；空军军医大学有9个ESI前1%学科、1个前1‰学科，总体排名居全球第827位；西北大学新增“计算机科学”进入ESI前1%，使其前1%学科达到12个，总体排名居全球898位；陕西师范大学新增“物理学”进入ESI前1%，使其前1%学科达到12个，总体排名居943位。

我校ESI前0.1‰学科数并列陕西高校首位，前1%和前1‰学科数居第二位，学校总体排名居第三位。

表5 陕西省“双一流”高校ESI学科情况（2024.01）

学校名称	前1%学科数	前1‰学科数	前0.1‰学科数	总体排名
西安交通大学	19	5	1	153
西北农林科技大学	14	3	1	519
西北工业大学	10	3		361
西安电子科技大学	8	2		756
空军军医大学	9	1		827
西北大学	12			898
陕西师范大学	12			943
长安大学	7			1337

【院校动态】2023年11-12月

1. 11月，教育部下发《关于公布2023年度国际合作联合实验室立项建设结果的通知》，我校“旱区作物抗逆改良国际合作联合

实验室”获批立项建设。兄弟高校中还有东北农业大学“寒地黑土生境健康国际合作联合实验室”、河北农业大学“蔬菜分子育种技术国际合作联合实验室”、南京林业大学“林木遗传与种质创新国际合作联合实验室”获批立项建设。

2. 11月28日，南京农业大学牵头成立全国大豆生物育种产教融合创新联盟。联盟由21所涉农高校、34家科研院所和20家企业组成，将紧扣国家“大豆振兴”战略，打通大豆创新链、人才链、产业链，围绕大豆品种选育与栽培、病虫害防治、精深加工利用、专用机械装备制造、新农科人才培养等开展系列工作，助力大豆生物育种高水平科学研究、高层次人才培养和产业发展。据了解，2022年底，国家发改委、教育部联合批复，依托南京农业大学建设国家大豆生物育种产教融合创新平台。

3. 12月19日，何梁何利基金公布了2023年度获奖名单，授予“科学与技术成就奖”获奖人1名、“科学与技术进步奖”获奖人32名、“科学技术创新奖”获奖人23名。农学领域共有4人获奖，分别为：中国农业大学植物保护学院王琦教授获“科学技术创新奖”（产业创新奖），中国农业科学院兰州兽医研究所郑海学获“科学技术创新奖”（青年创新奖），浙江大学动物科学学院周继勇、中南林业科技大学党委书记吴义强均获“科学与技术进步奖”（农学奖）。

4. 12月28日，中国地质大学（武汉）成立卓越工程师学院。学院将依托资源与环境、机械、电子信息、材料与化工、土木水利等专业学位点，聚焦智慧能源、人工智能、先进制造、先进试验与测试、核科学与技术、新材料、关键软件、网络安全、新一代信息通讯技术等关键领域，通过“项目制”开展工程硕博士的高质量联

合培养，实行校企“双阶段”培养模式，致力于攻克工程领域的“卡脖子”技术，培养行业领军人才。

5. 12月17日，南京大学未来技术创新研究院在常州正式启用。研究院将形成从学科导向转向未来产业需求导向、从专业分割转向跨界交叉融合的“产业新区”，提高科技成果转移转化能力，提升与产业发展重大需求对接水平，提促与行业龙头企业协同创新力度，充分支撑南大科研成果服务国家重大战略和江苏经济社会高质量发展。

6. 12月4日，长安大学未来交通华为实验班正式揭牌。实验班依托长安大学交通运输工程国家一流学科、国家一流专业矩阵，深度融合华为公司全球领先技术和雄厚研发实力，联合培养具有全球视野、家国情怀、跨学科思维和融合创新能力的行业领军人才和拔尖创新人才，共同打造“未来交通黄埔军校”。

【学术动态】2023年大豆领域国内外学术前沿

近年来，我国大豆需求量与日俱增，2022年消费量达到11124.36万吨，但其中超过80%依靠进口，且进口来源高度集中，存在被“卡脖子”的风险。党中央高度重视大豆产能提升，出台了一揽子支持政策，以求破解大豆发展难题。为此，我们对大豆领域2023年国内外重要学术成果进行了整理，主要集中在大豆新品种选育、功能基因挖掘与创新利用、大豆疫病成灾机制与防控、豆科植物与根瘤菌共生固氮分子机制解析等4个方面。

一、大豆新品种选育

1. 4月28日，农业农村部发布《2023年农业用基因编辑生物安

全证书（生产应用）批准清单》，下发了全国首个植物基因编辑安全证书——舜丰生物的高油酸大豆。舜丰生物采用基因编辑技术调控大豆的脂肪酸合成通路，创制出高油酸大豆，榨出的大豆油油酸含量能达到 80% 以上、最高 85%，是普通大豆油油酸含量的 4 倍。舜丰生物科技有限公司由朱健康院士团队领衔创建，是国内开展植物基因编辑产业化运作的重要企业。

2. 10 月 8 日，中国科学院遗传与发育生物学研究所组织专家对耐盐大豆品系“科豆 35”进行盐碱地大面积田间实收测产。结果显示，该品种大面积实收稳定亩产达 277.39 公斤，最高亩产达 306.52 公斤，而当年全国平均亩产为 132.7 公斤。“科豆 35”是遗传发育所田志喜团队自主培育的大豆新品系，属夏大豆中熟类型，具有耐盐性强、抗倒性强、抗病性好、高产稳产等特点，目前正在进行新品种审定。

二、大豆功能基因挖掘与创新利用

3. 11 月 22 日，中国科学院分子植物卓越创新中心晁代印研究组联合中国科学院遗传发育所田志喜研究组合作在 *Current Biology* 在线发表题为“Natural variants of molybdate transporters contribute to yield traits of soybean by affecting auxin synthesis”的研究论文。该研究通过全基因组关联分析，成功地克隆了两个调控大豆籽粒钼含量自然变异的关键基因 GmMOT1.1 与 GmMOT1.2。研究表明，这两个基因通过促进大豆叶片钼依赖的生长素合成，增大叶片光合面积，进而提高大豆产量。研究还发现，这两个基因具有 5 种单倍型，其地理分布与土壤酸碱度具有密切关系，从而可为适应不同土壤类型的大豆定制性育种提供指导性的分子标记。

4. 11 月 6 日，东北农业大学智慧农场技术与系统全国重点实验

室、大豆生物学教育部重点实验室陈庆山教授团队与广西大学王海峰教授团队合作在 *Molecular Plant* 在线发表题为 “The T2T genome assembly of soybean cultivar ZH13 and its epigenetic landscapes” 的研究论文，成功发布了中国大豆品种 “中黄 13” (ZH13) 的完整基因组 “ZH13-T2T”，并首次绘制了该大豆品种的表现遗传修饰图谱。

5. 10 月 9 日, 广州大学生命学院方超副教授团队和华中农业大学信息学院杨庆勇教授团队联合在 *Nucleic Acids Research* 发表题为 “SoyMD: a platform combining multi-omics data with various tools for soybean research and breeding” 的研究论文。该研究通过搜集和整合大豆基因组、转录组、变异组、表现遗传学和表型组等 6 个组学的数据库，构建出目前最为系统和全面的大豆多组学数据库 SoyMD，为大豆遗传育种研究提供了重要的数据资源和分析平台。

6. 6 月 27 日，中国科学院遗传发育所高彩霞研究员课题组在 *Cell* 在线发表题为 “Discovery of deaminase functions by structure-based protein clustering” 的研究论文。该研究率先使用人工智能 (AI) 辅助的方法，通过结构预测和分类发现具有独特功能的新型脱氨酶蛋白。课题组根据结构相似性对脱氨酶进行了聚类和分析，在 DNA 碱基编辑器的背景下鉴定了五种新的具有胞苷脱氨活性的脱氨酶集群，并从集群中发现了专门用于大豆植物的高效脱氨酶，可望解决大豆中长期存在碱基编辑效率低下的问题。

7. 6 月 19 日，福建农林大学廖红/钟永嘉课题组在 *Current Biology* 在线发表题为 “Natural variation of GmRj2/Rfg1 determines symbiont differentiation in soybean” 的研究论文。该研究结合 GWAS 分析和 QTL 精细定位，克隆了调控大豆与不同根瘤菌共生结瘤的主效基因 GmRj2/Rfg1，并在遗传上证明了该基因的调控作用，指出该

基因的优异自然变异 GmRj2/Rfg1SC 能够促进大豆与慢生根瘤菌的互作，影响大豆对不同土壤类型适应性的遗传机制。

8. 4月4日，中国农业科学院作物科学研究所刘斌团队和广州大学孔凡江团队合作在 *PNAS* 发表题为 “GmEID1 modulates light signaling through the Evening Complex to control flowering time and yield in soybean” 的研究论文。该研究揭示了大豆 GmEID1 蛋白作为连接光信号和生物钟夜间复合物（EC）的桥梁，参与调控大豆开花抑制因子 E1 基因表达。GmEID1 功能缺失后可以增强大豆在不同纬度下的适应性并显著提高产量，为改良大豆纬度适应性的研究提供了新思路。

9. 3月22日，中国农业大学孙连军团队在 *PNAS* 发表题为 “A retrotransposon insertion in the Mao1 promoter results in erect pubescence and higher yield in soybean”。该研究通过解析大豆表皮毛形态调控分子机理，探索了大豆驯化过程中非典型选择性状在大豆产量形成中的价值，为我国大豆品种选育以及主栽大豆的靶向改良提供了理论依据和基因资源。

10. 1月19日，中国科学院遗传发育所田志喜研究员团队在 *Genome Biology* 发表题为 “Pan-3D genome analysis reveals structural and functional differentiation of soybean genomes” 的研究论文，首次构建了大豆的泛三维基因组，揭示了大豆基因组、三维基因组和基因表达的内在联系，为作物分子设计育种提供了宝贵的资源。

三、大豆疫病成灾机制与防控

11. 9月13日，南京农业大学生命学院崔中利教授团队在在 *Nature Communications* 发表题为 “Myxobacteria restrain Phytophthora invasion by scavenging thiamine in soybean rhizosphere via outer

membrane vesicles-secreted thiaminase I” 的研究论文。该研究揭示黏细菌全新的调控根际公共硫胺素控制疫霉菌侵染大豆的机制，为理解黏细菌与植物病原卵菌互作关系提供全新的视角，也为卵菌病害的生物防控提供一种新的思路和策略。

12. 8月8日，上海师范大学生命学院乔永利课题组在 *Nature microbiology* 在线发表题为 “Phytophthora sojae boosts host trehalose accumulation to acquire carbon and initiate infection” 的研究论文。该研究综合运用遗传学、生物化学、转录组学等手段，发现了大豆疫霉菌效应子促进宿主海藻糖的合成，进而作为一种必须的碳源营养物质使其生长和致病的新机制，揭示了大豆疫霉菌利用效应子介导的营养争夺致病策略，为作物抗病育种和生物防控提供了新的思路。

13. 7月31日，南京农业大学植物保护学院窦道龙团队在 *Nature Communications* 发表题为 “A Phytophthora receptor-like kinase regulates oospore development and can activate pattern-triggered plant immunity” 的研究论文。该研究报告了一种来自大豆根腐病和茎腐病的病原体 PsRLK6，可以激活宿主大豆、非宿主番茄和烟草植株中典型的模式触发免疫。

14. 4月1日，美国 2Blades/英国塞恩斯伯里实验室 H. Peter van Esse 团队在 *Nature Communications* 发表题为 “Major proliferation of transposable elements shaped the genome of the soybean rust pathogen *Phakopsora pachyrhizi*” 的研究论文。该研究对三个独立的 *P. pachyrhizi* 基因组进行了测序，发现了一个高达 1.25Gb 的基因组，包括两个单倍型，可转座元件（TE）含量约为 93%。科研人员研究了这些 TEs 在基因组上的侵入和主导影响，并展示了它们对宿主范围适应、胁迫反应和遗传可塑性等各种过程的关键影响，揭示大豆

锈病病原体的广谱适应机制。

四、豆科植物与根瘤菌共生固氮分子机制解析

15. 1月26日，河南大学省部共建作物逆境适应与改良国家重点实验室王学路团队在 *Science* 发表题为“Phosphoenolpyruvate reallocation links nitrogen fixation rates to root nodule energy state”的研究论文。该研究揭示了大豆根瘤中的新型能量感受器 GmNAS1/GmNAP1 通过调控根瘤碳源的重新分配来调整根瘤固氮能力的分子机制。这种机制使豆科植物可以在生长环境改变时，依据其体内碳源的可用性来及时调整根瘤固氮效能，从而维持植株体内的碳氮平衡，适应周围环境的变化。研究结果为设计高效利用碳源而共生固氮提供了重要依据，有助于未来高效固氮作物的分子设计。

16. 8月2日，华中农业大学生命学院和农业微生物资源发掘与利用全国重点实验室生物固氮团队曹扬荣在 *The Plant Cell* 发表题为“GmNAC039 and GmNAC018 activate the expression of cysteine protease genes to promote soybean nodule senescence”的研究论文。该研究揭示了大豆 GmNAC039 和 GmNAC018 直接靶向于多个根瘤衰老关键基因 GmCYPs 促进根瘤衰老的分子机制，为大豆氮素高效吸收和高蛋白大豆培育提供关键基因资源。该文章同时被期刊编辑选为亮点工作进行评论。

17. 6月19日，福建农林大学根系生物学研究中心廖红/钟永嘉课题组在 *Current Biology* 在线发表题为“Natural variation of GmRj2/Rfg1 determines symbiont differentiation in soybean”的研究论文。该研究结合 GWAS 分析和 QTL 精细定位，克隆了调控大豆与不同根瘤菌共生结瘤的主效基因 GmRj2/Rfg1，并在遗传上证明了该基

因的调控作用，指出该基因的优异自然变异 **GmRj2/Rfg1SC** 能够促进大豆与慢生根瘤菌的互作，影响大豆对不同土壤类型适应性的遗传机制。

18. 4月9日，中国农业科学院作物科学研究所邱丽娟课题组阎哲研究员与南方科技大学翟继先课题组合作在 *Nature Plants* 发表题为 “**Integrated single-nucleus and spatial transcriptomics captures transitional states in soybean nodule maturation**” 的研究论文，首次在单细胞水平解析了大豆根瘤成熟过程中基因的表达动态变化，并在未成熟的根瘤感染细胞中成功鉴定到了一组参与根瘤成熟和根瘤固氮的特异细胞亚型。该研究建立的大豆根瘤单细胞基因图谱 (https://zhailab.bio.sustech.edu.cn/single_cell_soybean)，将为后续共生固氮领域的相关研究提供重要的数据支撑。

19. 1月10日，中国农业大学生物学院田长富教授课题组在 *The ISME Journal* 在线发表题为 “**Rhizobial migration toward roots mediated by FadL-ExoFQP modulation of extracellular long-chain AHLs**” 的研究论文。该研究利用 Tn-seq 高通量挖掘了广宿主费氏中华根瘤菌 *S. fredii* 定殖栽培大豆、野生大豆、玉米和水稻根表的功能基因，并围绕根际与根表存活能力、从根际到根表的迁移能力，利用反向遗传学和微生物生理学方法研究了正向和反向调控根瘤菌广谱定殖能力的基因元件与模块。

20. 1月9日，匈牙利生物研究中心 Eva Kondorosi 团队在 *Nature Plants* 在线发表题为 “**Widely conserved AHL transcription factors are essential for NCR gene expression and nodule development in Medicago**” 的研究论文。该研究发现一类调控 NCR 小肽基因的转录因子 AHLs，它们可与 NCR 启动子中富含 AT 的序列结合并诱导其表达；有意思

的是，AHL 也广泛存在于没有 NCR 基因的豆科植物，并可在它们的根瘤细胞中诱导 NCR 的外源性表达，为提高这些豆科植物的固氮效率提供了可能性。

(本期责任编辑：刘颖)
