动物科学技术学院申请博士、硕士学位研究生
通过学位答辩资格审查公示
（2026 年冬季）

以下申请博士、硕士学位研究生，通过学位申请资格审核、专家评阅、答辩资格审核。拟进入学位答辩环节（博士学位成果的创新内容及评阅意见、答辩资格审查表见附件），名单公告如下：

序号	学科专业	研究生姓名	学生类型	年级	学位论文/实践成果题目
1.	畜牧学	易思宇	学术博士	2022 级	四种玉米替代原料的组合配比对生长育肥猪饲喂效果的研究
2.	畜牧学	吴思雯	学术博士	2022 级	杜洛克公猪不同发育阶段睾丸时空多组学图谱构建及精子发生分子与细胞架构解析
3.	兽医学	乔成鹏	学术博士	2021 级	水牛匈爱病毒入侵牛肾上皮细胞的分子机制研究
4.	兽医学	王新东	学术博士	2022 级	PRRSV 重组特征分析、转录调控机制研究及抗重组疫苗候选株的设计与构建
5.	兽医学	贺兆源	学术博士	2022 级	酰胺醇类抗生素及其代谢物核酸适配体筛选与识别机制研究
6.	兽医	潘贤辉	专业博士	2022 级	梨形环棱螺多糖的结构表征及其对高脂饮食罗非鱼的保护作用研究
7.	兽医	张民秀	专业博士	2022 级	广西 H9N2 亚型 AIV 的遗传进化及其铁蛋白纳米颗粒疫苗的研制
8.	兽医	张宗尧	专业博士	2022 级	种鸡场沙门菌分子流行病学调查及特异性噬菌体分离、筛选与初步应用研究
9.	畜牧学	刘梦宽	学术硕士	2023 级	约氏乳杆菌来源溶血磷脂酸对脂肪细胞成脂分化的作用研究
10.	兽医学	戴靖瑶	学术硕士	2023 级	枯草芽孢杆菌 PB6 通过促进杯状细胞自噬抗牛源 ETEC 肠道感染的机制研究
11.	水产	崔智昊	学术硕士	2023 级	吉富罗非鱼 RNF5、RNF114 和 RNF115 基因鉴定和表达分析
12.	畜牧	刘资文	专业硕士(全日制)	2023 级	南宁吴圩国际机场鸟类风险评估与鸟击防范措施效果分析
13.	渔业发展	孔秀东	专业硕士(全日制)	2023 级	大口黑鲈源肺炎克雷伯菌分离鉴定及 OmpK17 DNA 疫苗联合 IL-12 佐剂的免疫保护作用
14.	兽医	梁俊泽	专业硕士(全日制)	2022 级	家蚕微孢子虫和球孢白僵菌荧光 RAA 检测方法的建立及初步应用
15.	兽医	张福鑫	专业硕士(全日制)	2022 级	N-乙酰氨基葡萄糖对肠炎沙门氏菌感染小鼠和雏鸡的保护作用研究
16.	兽医	梁家欣	专业硕士(全日制)	2023 级	猪瘟病毒 E1、NS4A 和 NS4B 多克隆抗体的制备及其 SERS 免疫层析检测技术的初探

17.	兽医	陈章	专业硕士(非全日制)	2023 级	犬冠状病毒及犬腺病毒I型双重 RAA 荧光方法的建立及分子流行特征调查
18.	兽医	李垒伸	专业硕士(非全日制)	2023 级	钙离子对水牛精液冷冻保存效果的影响
19.	兽医	李泽	专业硕士(非全日制)	2023 级	广西奶水牛病原性腹泻流行病学调查及致泻性大肠杆菌的病原学研究

公示期为三个工作日：2026 年 11 月 16 日至 18 日。

如对上述拟进入学位答辩名单有异议，请署真实姓名，在公示期内向学院学位评定分委员会、学院研究生办公室反映。群众如实反映意见受法律保护。

学院学位评定分委员会主席：陆阳清 电话：3274214 Email: luyangqing@126.com

学院学位评定分委员会副主席：韦祖樟 电话：3231466 Email：zuzhangwei@163.com

学院研究生办公室 电话：3236913 Email：dkyyjs@163.com

动物科学技术学院

2026 年 11 月 13 日

廣西大學

博士答辩资格简况表

学　院	动物科学技术学院		**学科专业（研究方向）**	畜牧学（动物营养与饲料科学）	
研究生姓名	易思宇	**入学日期**	2022 年 9 月	指导教师	孔祥峰
学位成果类型	☑学位论文　□实践成果（成果形式：　　）				
学位成果题目	四种玉米替代原料的组合配比对生长育肥猪饲喂效果的研究				
答辩地点	环境楼 716		**答辩时间**	2026 年 11 月 25 日	

主要研究内容及重要结论（≤300 字）：

主要研究内容：本研究通过测定 5 种能量饲料原料的理化和体外特性，以玉米为对照，共配比了 3 种能量饲料原料的组合日粮，即高粱和木薯以 8.5：1.5 的比例替代玉米（SC）、小麦、稻谷和木薯以 6：1.5：2.5 的比例替代玉米（WPC）以及小麦、高粱和木薯以 4：4：2 的比例替代玉米（WSC），系统研究了这 3 种多元化组合日粮对生长育肥猪生长性能、屠宰性能、胴体性状以及养分消化代谢的影响。

重要结论：WPC 组是 3 种组合配比方案中唯一能全面等效替代玉米的配方。WPC 组的能量和氨基酸代谢路径未发生转移，而 SC 组和 WSC 组的能量和氨基酸代谢途径可能由瘦肉合成向脂肪沉积发生了转移。SC 和 WSC 组空肠免疫激活导致了能量和氨基酸的持续消耗，这可能导致了能量和氨基酸代谢途径的转移，WSC 组回肠视黄醇代谢下调加速了这一进程。

创新点内容：

（1）提出了以能量饲料原料的理化特性和体外消化特征相结合的组合配比方式，区别于传统的单一原料等量替换思路，为玉米的减量替代和多元化日粮的应用提供了可量化的方法学路径。

（2）构建了“养分消化-血浆代谢-肠道菌群-代谢物-基因表达”多层次机制解析路径，揭示了玉米替代原料的组合配比影响猪胴体组成的能量和氨基酸代谢转移的潜在机制。

（3）发现了生长育肥猪在脂肪沉积增加过程中出现的由回肠 FGF19 介导的胆汁酸分泌抑制的负反馈调节机制，为生长育肥猪的脂肪沉积调控提供了新思路。

注：本页不足可增页，增页后存档时应双面打印

廣西大學

博士答辩资格简况表

<table>
<tr><td>学　院</td><td colspan="2">动物科学技术学院</td><td>学科专业
（研究方向）</td><td colspan="2">畜牧学
（动物遗传育种与繁殖）</td></tr>
<tr><td>研究生姓名</td><td>吴思雯</td><td>入学日期</td><td>2022 年 9 月</td><td>指导教师</td><td>刘庆友、赵云翔</td></tr>
<tr><td>学位成果类型</td><td colspan="5">☑学位论文　□实践成果（成果形式：　　）</td></tr>
<tr><td>学位成果题目</td><td colspan="5">杜洛克公猪不同发育阶段睾丸时空多组学图谱构建及精子发生分子与细胞架构解析</td></tr>
<tr><td>答辩地点</td><td colspan="2">亚热带农业生物资源保护与利用国家重点实验室北 107 室</td><td>答辩时间</td><td colspan="2">2026 年 11 月 25 日</td></tr>
<tr><td colspan="6">主要研究内容及重要结论（≤300 字）：
本研究以纯种杜洛克种公猪为研究对象，整合睾丸的单细胞转录组、空间转录组、非靶向代谢组、空间代谢组、组织学数据，以及血清非靶向代谢组与猪遗传关联数据，系统解析了不同发育阶段睾丸发育和精子发生的动态变化，并进一步比较了生殖衰老和 ERC 异常状态下睾丸稳态失衡特征。这不仅为解析猪精子发生调控机制、阐明生殖性状形成的细胞与分子基础提供了新的理论见解，为优化种公猪选育策略提供了理论依据，并为探索哺乳动物睾丸生理与繁殖性状改良提供了不可或缺的参考资源。</td></tr>
<tr><td colspan="6">创新点内容：
1. 构建了迄今覆盖时间点最多的杜洛克公猪睾丸组织单细胞和空间转录组图谱。整合了从胎儿期到生殖衰老期 10 个发育阶段（共 13 个关键时间点）的 172,844 个高质量单细胞 scRNA-seq 数据和 6,642,678 个具有空间分辨信息的 Stereo-seq 数据，构建了较为完整的时空转录组图谱。提供了可公开访问的时空转录组数据集。该资源为生殖生物学界提供了基础参考，并为雄性生育力的机制研究提供了新的视角。
2. 揭示了精子发生相关结构微环境随睾丸发育的动态重塑特征。基于细胞通讯、空间转录组及实验验证，发现 COLLAGEN、LAMININ 和 CLDN 等细胞外基质、基底膜及细胞连接相关信号通路具有明显的细胞和发育阶段特异性，并与生殖细胞组成和精子发生状态协同变化，从细胞互作和空间结构层面阐明了睾丸由发育重塑向成熟稳态转变的微环境特征。
3. 通过多组学整合解析了精子发生相关代谢与内分泌微环境的协同特征。联合血清非靶向代谢组、睾丸非靶向代谢组、空间代谢组及时空转录组，发现 Leydig–Sertoli 细胞类固醇相关功能、血管内皮相关物质交换以及晚期生殖细胞谷胱甘肽氧化还原代谢随精子发生协同变化，并建立 *GSTM3*/*GSTO2* 等转录程序与局部代谢变化的联系，构建了精子发生相关“代谢—内分泌”微环境模型。
4. 比较并解析了生殖衰老与 ERC 病理性精子发生障碍的共同和特异性变化。通过统一的时空多组学框架比较生理性生殖衰老与 ERC 异常状态，发现二者均伴随生精结构、细胞通讯及代谢稳态重塑，但具有不同的分子特征；进一步筛选出 N-乙酰尸胺和 CLUL1 等潜在标志物，为区分不同精子发生障碍及开展繁殖健康评价提供了候选依据。
5. 解析了精液品质性状的细胞和发育遗传基础。通过整合睾丸单细胞图谱与猪复杂性状 GWAS 数据，发现精子活力和精液量相关遗传信号在出生后早期精原细胞（SPG）表达程序中显著富集，部分精液品质及免疫性状信号同时富集于 T、B 细胞，并筛选出 *SOX9* 和 *DNAJA1* 等候选基因。上述研究结果提示成年公猪精液品质的遗传基础可能具有早期生殖细胞发育及睾丸免疫微环境来源，而非仅在性成熟后才发挥作用，从细胞和发育层面拓展了对精液品质遗传机制的认识。</td></tr>
</table>

注：本页不足可增页，增页后存档时应双面打印。

博士答辩资格简况表

学　院	动物科学技术学院		**学科专业（研究方向）**	兽医学（动物疫病防控与检疫）	
研究生姓名	乔成鹏	**入学日期**	2021 年 09 月	指导教师	黄伟坚　教授
学位成果类型	☑学位论文　□实践成果　（成果形式：　　）				
学位成果题目	水牛匈爱病毒入侵牛肾上皮细胞的分子机制研究				
答辩地点	动科楼 302 会议室		**答辩时间**	2026 年 11 月 18 日	

主要研究内容及重要结论（≤300 字）：

为明确 BufHuV 侵染宿主细胞的分子基础，本研究以牛肾上皮细胞（MDBK）为感染模型，综合采用药物抑制剂阻断、CCK-8 细胞活性检测，胞吞通路阳性标志物摄取试验，Western blot，RT-qPCR，siRNA 基因沉默试验，胆固醇回补试验及多药物联合干预等多种实验手段，系统阐明 Hunnivirus 入侵 MDBK 细胞的分子机制。

本研究初步系统阐明了 BufHuV 入侵 MDBK 细胞的分子机制：BufHuV 入侵过程严格依赖内体酸性环境、Dynamin 蛋白酶活性及细胞膜胆固醇；病毒不利用小窝蛋白介导的内吞途径入侵细胞，主要通过网格蛋白介导内吞与巨胞饮途径完成胞内侵染；其中巨胞饮入侵过程依赖 NHE、PI3K 及 RTKs 信号分子的活化。本研究首次揭示了 BufHuV 的细胞入侵分子机制，丰富了小核糖核酸病毒科病原的侵染机制理论，为阐明 BufHuV 的致病机理、建立新型防控技术及筛选抗病毒靶点提供了重要的理论依据与实验支撑。

创新点内容：

（1）技术方法创新

首次建立适配 Hunnivirus 检测的高灵敏度 RT-qPCR 定量体系及血清学检测方法，填补了当前国内外缺乏 Hunnivirus 标准化双重检测体系的空白，为该病毒流行病学检测与病原诊断提供了可靠的新技术平台。

（2）机制创新

首次系统揭示水牛匈爱病毒可通过双内吞途径（网格蛋白介导的内吞作用和巨胞饮作用）入侵 MDBK 细胞，并阐明内体环境酸化、动力蛋白、胆固醇三大关键调控因素，率先阐明水牛匈爱病毒的早期感染入侵机制，丰富了小核糖核酸病毒科胞吞入侵的机制理论，国内外尚未系统报道水牛匈爱病毒的细胞入侵机制，填补了该新发病毒在宿主细胞进入层面的知识空白。

（3）理论创新

本研究结合小核糖核酸病毒家族转运规律，提出 BufHuV 存在慢速循环内体分选的潜在胞内转运特征，推测病毒内化后可能经历早期内体的主动分选而非被动滞留，初步建立了水牛匈爱病毒属成员的内化-转运机制模型，丰富和拓展了小核糖核酸病毒科的致病机制理论体系。

（4）体系创新：

依托 MDBK 细胞感染模型，建立稳定的病毒入侵机制研究体外模型。综合运用化学抑制剂、siRNA 基因沉默、免疫荧光成像、RT-qPCR 定量及功能性摄取/回补试验，形成相互印证的完整这句网络，增强了结论的可靠性。为后续病毒受体鉴定、靶向抗病毒靶点筛选及新型疫苗研发提供了可靠的实验平台与理论支撑。

（5）抗原创制创新

国内首次完成水牛匈爱病毒三种衣壳蛋白可溶性表达、体外自主组装及高纯度 VLPs 制备，证实 BufHuV VLPs 具有较好免疫原性，并获得特异性抗病毒鼠原多抗，为该病毒新型亚单位疫苗研发、抗原表位解析及免疫防控研究提供全新的抗原材料。

注：本页不足可增页，增页后存档时应双面打印

廣西大學

博士答辩资格简况表

学　院	动物科学技术学院		**学科专业（研究方向）**	兽医学（动物疫病防控与检疫）	
研究生姓名	王新东	**入学日期**	2022 年 9 月	指导教师	韦祖樟
学位成果类型	☑学位论文　□实践成果　（成果形式：　　）				
学位成果题目	PRRSV 重组特征分析、转录调控机制研究及 TRS 网络重布线毒株的构建与体外评价				
答辩地点	动科楼 302 会议室		**答辩时间**	2026 年 11 月 18 日 8：30-17：30	

主要研究内容及重要结论（≤300 字）：

本论文分离、扩增并分析了广西 16 株 PRRSV-2 的全基因组重组特征，大部分毒株检测出多种谱系毒株重组，3 株代表性重组株均以类 NADC30 毒株为主要遗传骨架。其中，两株受试毒株均可引起仔猪间质性肺炎，致病程度不同。通过外源报告体系和天然转录网络研究表明，TRS 核心序列及 Leader–Body 匹配能够影响亚基因组 RNA 转录，人工 TRS 网络适配还与局部序列环境和病毒遗传背景有关。通过构建了 rGXFS34LBC 和 rGXFS35LBC 两株 PRRSV-1 TRS 网络重布线毒株，经传至 P20 后均保留目标突变。体外共感染试验显示，rGXFS35LBC 组可比区段的扩增产物中，重组型序列占比低于亲本对照，检出的重组连接类型更少。

创新点内容：

（1）鉴定了广西地区 PRRSV 多亲本复杂重组变异株，首次揭示了类 NADC30、类 NADC34 及 HP-PRRSV 毒株之间的复杂重组特征及不同重组株的致病性差异，为 PRRSV 遗传演化与流行风险评估提供了实验依据。

（2）建立了 PRRSV TRS 核心序列功能筛选及天然转录布线网络重布线研究体系，明确了 Leader-Body 协同识别的功能约束。系统解析了 PRRSV-2 天然 TRS 网络重布线的功能适配特征，发现 TRS2 是 G3T6 型回路的关键限制节点，其中第 6 位核苷酸具有强功能约束，并揭示了 TRS 网络适配受核心序列、局部顺式环境和病毒遗传背景共同影响的规律。

（3）将 TRS 网络重布线策略从 PRRSV-2 拓展至 PRRSV-1，首次成功构建了 G3G4 和 G3G5 型 PRRSV-1 完整 TRS 回路重组病毒，证明其能够在连续传代中保持目标突变稳定，并表现出降低与其他毒株重组的潜力，为跨基因型抗重组疫苗设计提供了直接实验依据。

注：本页不足可增页，增页后存档时应双面打印

廣西大學

博士答辩资格简况表

学　院	动物科学技术学院		**学科专业（研究方向）**	兽医学（基础兽医学）	
研究生姓名	贺兆源	**入学日期**	2022 年 9 月	指导教师	陈海兰
学位成果类型	☑学位论文　□实践成果（成果形式：　　）				
学位成果题目	酰胺醇类抗生素及其代谢物核酸适配体筛选与识别机制研究				
答辩地点	动科院 302 会议室		**答辩时间**	2026 年 11 月 18 日	

主要研究内容及重要结论（≤300 字）：

1．采用固定文库磁珠-SELEX 筛选体系，以氯霉素（CAP）和甲砜霉素（TAP）为靶标获得两条候选序列。经硫黄素 T（ThT）荧光法和等温滴定量热法（ITC）验证，二者均未表现出特异性结合。表明高通量测序获得的富集序列不一定具有真实结合能力，需采用多种独立方法进行验证。

2．采用 Capture-SELEX 筛得氟苯尼考（FFC）适配体 FFC-2 和 FFC-18。两者均可识别 FFC、TAP 和 CAP，并具有较好的结合性能；构建的无标记荧光传感器实现了 FFC 检测，结合 FFC-18 和一条 CAP 适配体进一步构建阵列，实现了相关酰胺醇类抗生素的区分。

3．优化 Capture-SELEX 体系获得氟苯尼考胺（FFA）适配体 FFA-1 和 FFA-2。两者仅识别 FFA；结构分析表明 FFA-1 呈反平行 G-四链体结构。基于 FFA-1 构建的无标记荧光传感器实现了 FFA 在缓冲液和湖水样品中的检测。

4．结合靶标结构、人工智能（AI）结构预测、界面分析和分子对接，获得 5 条适配体的 13 个候选关键位点。通过圆二色谱（CD）和定点突变验证，12 个位点突变后结合相关荧光响应明显降低，验证了计算预测结果；FFA-1-G27T 的特殊响应进一步表明，碱基突变可通过调控适配体构象影响其识别功能。

创新点内容：

1．揭示了磁珠-SELEX 在酰胺醇类小分子适配体筛选中的假富集现象，并建立了基于 Capture-SELEX 的筛选与验证策略。研究发现，磁珠-SELEX 虽可使文库出现明显序列富集，但所得候选序列经硫黄素 T（ThT）荧光法和等温滴定量热法（ITC）验证均无真实靶标结合能力，提示磁珠界面非特异性吸附可导致假阳性富集。在此基础上，采用 Capture-SELEX 成功获得氟苯尼考（FFC）与氟苯尼考胺（FFA）适配体，并通过 ThT 荧光法与 ITC 交叉验证其结合性能，为酰胺醇类小分子适配体的筛选与评价提供了方法学依据。

2．首次以 FFA 为正向筛选靶标获得了特异性核酸适配体，并发现了与 FFC 来源适配体不同的识别特性。现报道识别 FFA 的适配体均来源于 FFC 筛选，可同时识别 FFC 与 FFA；本研究以 FFA 为直接靶标开展 Capture-SELEX 筛选，获得 FFA-1 和 FFA-2 两条适配体，二者仅识别 FFA，而对 FFC 无明显结合，表明以 FFA 为直接靶标可筛选获得识别谱不同于 FFC 来源适配体的新型识别元件，填补了 FFA 特异性适配体研究的空白。

3．构建了“靶标结构分析-适配体截短优化-人工智能（AI）结构预测与分子对接-定点突变验证”的适配体识别机制研究框架。在缺乏高分辨率复合物结构的情况下，结合靶标官能团分析、适配体截短优化、AI 结构预测、PDBePISA 界面分析、分子对接及定点突变结合 ThT 荧光验证，从 5 条适配体中筛选并验证了候选关键结合位点，并初步分析了 FFA-1 的 G-四链体相关结构特征，为小分子适配体的结构解析与理性设计提供了新的研究思路。

注：本页不足可增页，增页后存档时应双面打印。

廣西大學

博士答辩资格简况表

学　院	动物科学技术学院		**学科专业（研究方向）**	兽医（中兽医药研究）	
研究生姓名	潘贤辉	**入学日期**	2022 年 9 月	指导教师	胡庭俊教授
学位成果类型	☑学位论文　□实践成果（成果形式：　　）				
学位成果题目	梨形环棱螺多糖的结构表征及其对高脂饮食罗非鱼的保护作用研究				
答辩地点	动科院 302 会议室		**答辩时间**	2026 年 11 月 18 日	

主要研究内容及重要结论（≤300 字）：

开展梨形环棱螺多糖的提取与结构表征，并系统评价其降糖、抗氧化及抗炎等生物活性；在此基础上，利用高脂诱导的斑马鱼模型验证该多糖对脂肪代谢紊乱的调节作用；进一步以高脂饮食罗非鱼为研究对象，分别探讨梨形环棱螺多糖对其生长性能、肝脏、肠道及菌群组成的影响；最后，通过多组学联合分析，深入解析梨形环棱螺多糖对高脂饮食罗非鱼的保护作用路径。

创新点内容：

（1）从梨形环棱螺中分离纯化获得一种均一的 α-D-葡聚糖（QSPS-1D），其分子量为 6.41×10^6 Da，主链由→4)-α-D-Glc*p*-(1→和→4,6)-α-D-Glc*p*-(1→组成，而侧链则由 α-D-Glc*p*-(1→单元组成，其单元通过→4,6)-α-D-Glc*p*-(1→)残基的 *O*-6 位点连接，为其降脂保肝活性提供了明确的结构化学依据。

（2）通过模式生物斑马鱼和主养品种罗非鱼研究，发现了 QSPS-1D 可显著抑制高脂诱导的肝脏脂肪沉积、恢复肝脏抗氧化功能，并修复肠道黏膜屏障、逆转紧密连接蛋白下调，为其作为水产动物保肝护肠的功能性饲料添加剂提供了科学数据。

（3）基于转录组–代谢组–肠道菌群多组学联合分析，鉴定出以 PPARA 为枢纽的肝脏脂质氧化与转运调控网络，发现 QSPS-1D 通过富集阿克曼氏菌属等有益菌、回调肝脏甘油磷脂/鞘脂代谢失衡并恢复胆汁酸与糖代谢，这为理解梨形环棱螺多糖的系统调控机制提供了新的理论依据。

注：本页不足可增页，增页后存档时应双面打印

廣西大學

博士答辩资格简况表

学　院	动物科学技术学院	学科专业（研究方向）	兽医（动物疫病防控与检疫）	
研究生姓名	张民秀	入学日期	2022 年 09 月	指导教师	罗廷荣教授
学位成果类型	☑学位论文　□实践成果（成果形式：　　）			
学位成果题目	广西 H9N2 亚型 AIV 的遗传进化及其铁蛋白纳米颗粒疫苗的研			
答辩地点	动科院 302 会议室	答辩时间	2026 年 11 月 18 日 8:30-17:30	

主要研究内容及重要结论（≤300 字）：

本研究系统解析了 1999—2023 年广西 H9N2 亚型 AIV 的遗传进化、生物学特性和评价了自制铁蛋白纳米颗粒疫苗的免疫效力。

结果显示：广西流行株 HA 基因均属 BJ/94-like 亚系，h9.4.2.5 为优势分支；2010 年后内部基因形成稳定组合，G14（S/G57）成为绝对优势基因型，且与近年人源毒株同源；流行株与经典疫苗株遗传距离渐远，具有双受体结合特性（偏好 α-2,6 受体），且无需适应即可感染小鼠与 SPF 鸡，引发肺炎。基于 M2e、HA2 及 HA1 表位构建的铁蛋白纳米颗粒疫苗（M2eHA2Fe/M2eHAFe）在首免后 7 天即可诱导特异性 IgY 抗体。虽然其中和抗体水平远低于传统灭活疫苗，但能显著激活 Th1 型细胞免疫及 ADCC 效应。攻毒试验中，M2eHAFe 与灭活疫苗均能有效降低排毒量并减轻肺部病理损伤。本研究证实该纳米疫苗主要依赖细胞免疫与 ADCC 效应提供保护，为 H9N2 多表位新型疫苗研发提供了数据参考。

创新点内容：

1. 系统分析广西1999—2023年H9N2亚型AIV遗传进化特征和基因型演化，为该病毒疫苗株及时更新提供参考数据；同时揭示其跨种传播风险，强调了活禽市场监测的重要性。

2. 系统分析广西 H9N2 亚型 AIV 不同毒株在 MDCK 和 A549 细胞的生长曲线、受体结合偏好、在 SPF 鸡和 BALB/c 小鼠中的致病性差异，为病毒的进化和评估跨种传播风险提供数据。

3. 根据通用流感疫苗构建策略，成功构建基于 HA1 蛋白中和表位、M2e 和 HA 蛋白的 H9N2 亚型 AIV 铁蛋白纳米颗粒疫苗，疫苗可诱导 SPF 鸡快速产生特异性抗体且其特异性抗体可介导明显的 ADCC 杀伤效应，有效减轻肺脏病理损伤。该铁蛋白颗粒疫苗为未来联合免疫策略的研究提供了新思路。

注：本页不足可增页，增页后存档时应双面打印

廣西大學

博士答辩资格简况表

学　院	动物科学技术学院		学科专业（研究方向）	兽医（动物疫病防控与检疫）	
研究生姓名	张宗尧	入学日期	2022 年 9 月	指导教师	杨秀荣
学位成果类型	☑学位论文　□实践成果（成果形式：　　）				
学位成果题目	广西某黄羽肉鸡种鸡场沙门菌流行特征、分子溯源及噬菌体分离应用研究				
答辩地点	动科楼 302 会议室		答辩时间	2026 年 11 月 18 日	

主要研究内容及重要结论（≤300 字）：

本研究在广西某规模化黄羽肉鸡种鸡场开展不同生产环节沙门菌的分离鉴定、耐药性试验及全基因组分析，并分离筛选具有裂解活性的沙门菌噬菌体，评价其生物学特性、基因组安全性及雏鸡体内干预效果。结果表明，从 1769 份样品中分离获得沙门菌 57 株，其中孵化区出苗厅的分离率最高（12.5%），鸡白痢沙门菌为优势血清型，菌株存在多重耐药情况；全基因组和 MLST 分型结果反映了该种鸡场沙门菌在遗传背景、耐药特征及潜在致病能力方面的多样性；成功从该场污水中分离一株裂解性噬菌体 SP03，对 57 株沙门菌裂解率达 77.2%，且生物学特性稳定，动物试验表明 SP03 对雏鸡沙门菌感染具有一定的治疗效果。本研究为种鸡场沙门菌的生物安全防控与噬菌体生物防控提供了参考。

创新点内容：

1. 本研究针对广西某规模化地方黄羽肉鸡种鸡场不同生产环节开展系统调查，明确了主要污染环节、优势血清型组成及耐药特征，为地方特色肉鸡产业沙门菌源头防控提供了基础数据。

2. 结合 WGS、MLST 及 cgMLST 等分析方法，从基因组水平解析了优势血清型菌株的序列型分布、耐药基因及毒力基因组成，丰富了地方黄羽肉鸡种鸡场沙门菌分子流行病学研究资料。

3. 本研究从种鸡场养殖污水中分离获得噬菌体 SP03，系统评价了其宿主范围、生物学特性及基因组安全性，为开发针对地方黄羽肉鸡种鸡场沙门菌的噬菌体制剂提供候选资源。

注：本页不足可增页，增页后存档时应双面打印