

## 雌雄罗非鱼对持续性高温的响应机制

黄思婕, 周艳, 魏亚丽, 鲁纪刚, 陈良标

## Response mechanism of male and female Nile tilapia to persistent high temperature

HUANG Sijie, ZHOU Yan, WEI Yali, LU Jigang, CHEN Liangbiao

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.12024/jsou.20200503050>

### 您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

#### 尼罗罗非鱼雌雄鱼肌肉组织差异表达基因的筛选

Screen of the differentially expressed genes in muscle tissue of the male and female Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*)  
水产学报. 2014, 38(3): 316 <https://doi.org/10.3724/SP.J.1231.2014.48900>

#### 高温胁迫下尼罗罗非鱼肝脏组织的转录组分析

Transcriptome analysis of liver tissue of Nile tilapia *Oreochromis niloticus* exposed to high temperature stress  
大连海洋大学学报. 2021, 36(2): 222 <https://doi.org/10.16535/j.cnki.dlhyxb.2020-099>

#### 藻类对温度胁迫响应机制的国内外研究进展

Research progress of response mechanism of algae to temperature stress at home and abroad  
渔业研究. 2021, 43(2): 221 <https://doi.org/10.14012/j.cnki.fjsc.2021.02.014>

#### 高温诱导对性成熟尼罗罗非鱼性腺中性别分化相关基因表达的影响

Differential expression analysis of genes involved in high-temperature-induced sex differentiation in the gonads of mature Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*)  
中国水产科学. 2014, 21(2): 214 <https://doi.org/10.3724/SP.J.1118.2014.00214>

#### 共生与非共生爪哇伪枝藻对高温胁迫的响应

RESPONSE TO HIGH TEMPERATURE STRESS IN SYMBIOTIC AND FREE-LIVING *SCYTONEMA JAVANICUM*  
水生生物学报. 2017, 41(3): 671 <https://doi.org/10.7541/2017.85>

#### 温度诱导及药物处理对吉富罗非鱼雄性率及生长发育的影响

Effect of temperature and methyltestosterone on male rate, growth and development of GIFT Nile tilapia *Oreochromis niloticus*  
大连海洋大学学报. 2015, 30(3): 253 <https://doi.org/10.16535/j.cnki.dlhyxb.2015.03.003>

文章编号: 1674-5566(2021)03-0426-09

DOI:10.12024/j.sou.20200503050

## 雌雄罗非鱼对持续性高温的响应机制

黄思婕<sup>1,2,3</sup>, 周艳<sup>1,2,3</sup>, 魏亚丽<sup>1,2,3</sup>, 鲁纪刚<sup>1,2,3</sup>, 陈良标<sup>1,2,3</sup>

(1. 上海海洋大学 中国科学技术部海洋生物科学国际联合研究中心, 上海 201306; 2. 上海海洋大学 水产种质资源发掘与利用教育部重点实验室, 上海 201306; 3. 上海海洋大学 水产科学国家级实验教学示范中心, 上海 201306)

**摘要:** 为探究不同性别尼罗罗非鱼 (*Oreochromis niloticus*) 对持续性高温生境的响应, 持续监测 36 °C 实验组和 28 °C 对照组的雌鱼和雄鱼的形态学特征变化, 并取处理 70 d 的罗非鱼脑、背部肌肉和鳃组织进行 TUNEL 染色法分析, 选取该实验组和常温对照组个体的背部肌肉进行转录组测序。结果显示: 高温处理组的生长发育速度明显迟缓于对照组, 雄鱼生长发育比雌鱼快; TUNEL 染色法显示在背部肌肉组织中凋亡信号最强, 而在其他组织中信号较弱; 在高温处理后的雌鱼和雄鱼中分别鉴定出 3 405 个和 4 645 个差异表达基因, 上调基因均多于下调基因。对这些差异表达基因的 KEGG 通路聚类分析发现, 雌鱼主要涉及细胞周期、嘌呤代谢和 DNA 复制等通路, 雄鱼在心肌细胞的肾上腺素信号传导、心肌收缩和紧密连接等通路显著富集。这些结果为研究不同性别罗非鱼对高温环境的适应机制提供了分子生物学的基础信息。

**关键词:** 尼罗罗非鱼; 高温处理; 肌肉; 转录组

**中图分类号:** S 917 **文献标志码:** A

尼罗罗非鱼 (*Oreochromis niloticus*) 原产于非洲, 属于鲈形目 (Perciformes) 丽鱼科 (Cichlids) 口孵非鲫属 (*Oreochromis*)<sup>[1]</sup>。罗非鱼是变温水生动物, 持续性高温会造成发病率升高、养殖经济效益降低等危害, 对我国罗非鱼养殖业带来不良影响<sup>[2]</sup>。生物的抗逆性受多个信号通路调控, 需要多基因共同参与表达<sup>[3]</sup>。近年来, 有较多的研究从转录水平上分析生物对环境胁迫的响应机制。如: BILYK 等<sup>[4]</sup>通过 RNA-Seq 探究博氏南冰鲢 (*Pagothenia borchgrevinkii*) 响应温度胁迫的分子机制, 并首次推测鱼类应对温度胁迫时基因的转录会受性别影响; HUANG 等<sup>[5]</sup>进行虹鳟 (*Oncorhynchus mykiss*) 的头肾组织在热应激条件下转录组表达谱的比较分析; HU 等<sup>[6]</sup>通过转录组测序分析低温驯化的斑马鱼 (*Danio rerio*) 和尼罗罗非鱼响应低温环境的遗传网络调控机制。因此, 探究不同性别尼罗罗非鱼响应持续性高温处理的适应机制, 不仅可获得热适应的基因调控

网络, 而且对培育出适应全球气候变暖条件下生长的鱼类品种来说非常重要。

有研究报道 TUNEL 染色检测发现: 在 8 °C 下尼罗罗非鱼鳃组织存在特异性凋亡信号<sup>[6]</sup>。为探究尼罗罗非鱼对高温环境响应的适应机制, 取罗非鱼背部肌肉、大脑和鳃进行 TUNEL 染色来分析细胞凋亡情况, 并对高温下调亡信号最强的背部肌肉进行转录组测序分析<sup>[7]</sup>, 探讨差异基因的表达情况, 初步阐明不同性别的尼罗罗非鱼对高温环境的响应机制。为建立热应激条件下不同性别尼罗罗非鱼的代谢途径, 构建信号转导通路、发掘耐温靶基因提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 样品采集

实验材料来自于广西水产科学研究院国家级罗非鱼良种场, 是以尼罗罗非鱼为亲本繁育 10 d 的苗种, 将苗种随机分为 2 组, 每组各 50 尾鱼

收稿日期: 2020-05-20 修回日期: 2020-06-06

基金项目: 国家重点研发计划 (2018YFD0900600); 上海市科学技术委员会“一带一路”国际联合实验室项目 (19590750500); 上海市教育委员会科研创新计划 (2017-01-07-00-10-E00060)

作者简介: 黄思婕 (1994—), 女, 硕士研究生, 研究方向为分子生物学。E-mail: 1037935971@qq.com

通信作者: 陈良标, E-mail: lbchen@shou.edu.cn

苗,高温实验组养殖于 36 °C (自 28 °C 开始梯度升温,1 °C/2 h,直至 36 °C),对照组平行养殖于 28 °C。养殖 70 d 后,通过尼罗罗非鱼性别连锁分子标记鉴定性别,将雌鱼和雄鱼分开<sup>[8]</sup>,并按下列方式命名:实验组 70 d-36 °C-雌鱼(L70 d 36 CM)、实验组 70 d-36 °C-雄鱼(L70d36XM)、对照组 70 d-28 °C-雌鱼(L70d28CM)和对照组 70 d-28 °C-雄鱼(L70d28XM)。

## 1.2 方法

### 1.2.1 形态学统计

监测了实验组(36 °C)和对照组(28 °C)的雌鱼和雄鱼生长发育情况,在处理 70 d 时采用游标卡尺测量其体长(精确到 0.01 mm),用毛巾轻轻将鱼体表面水分擦干,采用电子天平称重(精确到 0.01 mg),用 GraphPad 软件对其体长和体质量变化进行统计分析。

### 1.2.2 TUNEL 染色

取实验组和对照组处理 70 d 的罗非鱼脑、鳃和背部肌肉进行组织包埋,制作石蜡切片,随后取切片进行 TUNEL 染色,具体操作步骤参考 Vazyme 公司的 TUNEL FITC Apoptosis Detection kit,将处理好的样品使用 Laser confocal 显微镜进行拍照分析。

### 1.2.3 RNA 提取

每个处理组分别取 5 个罗非鱼背部肌肉样本,用 Invitrogen 公司的 TRIzol<sup>®</sup> Reagent 试剂盒提取样品总 RNA,将 5 个 RNA 样品等浓度混合后用于文库构建。抽提 RNA 的纯度均满足 OD 值(260/280)为 1.8~2.2,且含量大于 3 µg,浓度大于 200 ng/µL。

### 1.2.4 RNA 测序和质量控制

RNA 样品质检合格后可进行制备测序文库,用 Illumina Hiseq × Ten 进行测序。对原始数据进行过滤,去除低质量的碱基,得到有效数据。

### 1.2.5 差异表达基因 GO 和 KEGG 富集分析

转录组序列,通过计算 FPKM 值来确定基因的表达量,采用 DESeq<sup>[9]</sup> 软件包进行基因差异表达分析,筛选阈值为 Fold Change ≥ 2, FDR < 0.05。利用 GO<sup>[10]</sup>、KEGG<sup>[11]</sup> 等数据库对差异表达基因进行功能注释。为了确定与高温应激相关的功能类别,利用 DAVID (<https://david.ncifcrf.gov/>) 在 GO 数据库中通过计算差异表达基因参与生物学过程、细胞组分、分子功能的超

几何分布,进行功能分类注释和富集分析。同时,利用 KEGG 数据库获得 Unigenes 的代谢通路注释信息。以上分析均以  $P < 0.05$  作为统计学显著性的阈值。

## 2 结果

### 2.1 形态学统计

监测了实验组和对照组雌鱼和雄鱼在处理 70 d 的生长发育状况,记录其体质量和体长,利用 GraphPad 软件进行统计分析和作图。由图 1 可以看出,在高温处理 70 d 之后,实验组的生长发育速度显著迟缓于对照组( $P < 0.001$ ),均表现为雄鱼生长发育比雌鱼快。

### 2.2 TUNEL 染色法分析罗非鱼组织凋亡情况

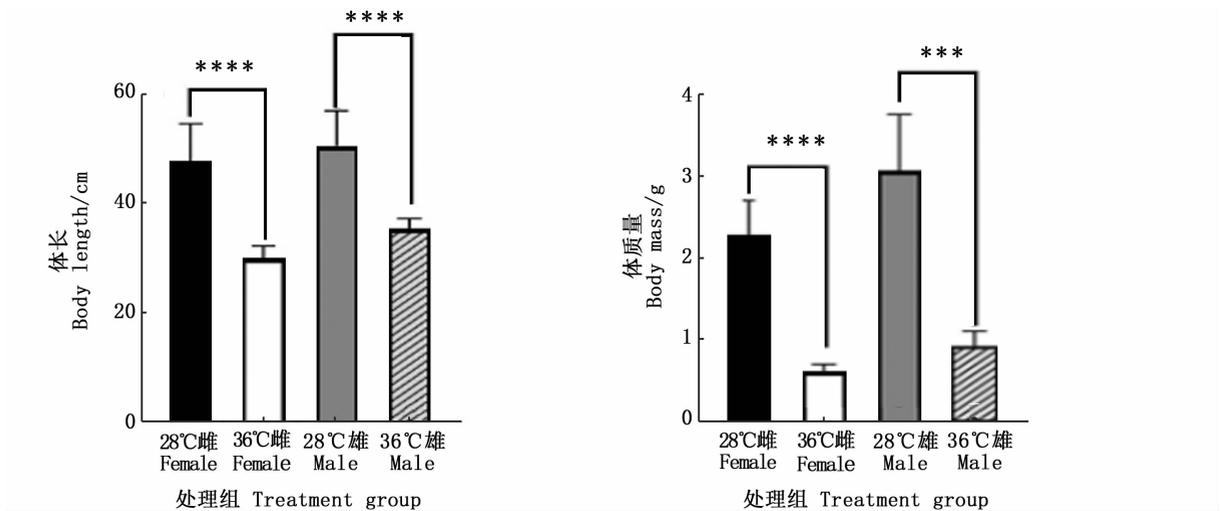
取实验组和对照组处理 70 d 的罗非鱼的背部肌肉、大脑和鳃进行 TUNEL 染色来分析细胞凋亡情况。通过 TUNEL 染色法发现,在罗非鱼的肌肉组织中有高水平的 TUNEL 标记,凋亡信号十分强烈(图 2),在其他组织中信号较弱。推测肌肉组织可能与罗非鱼对环境温度升高的响应有关系。

### 2.3 转录组测序结果

经过测序质量控制,各样品 Q30 碱基百分比均不小于 91.59%,GC 含量在 49% 左右。比对效率是 RNA-seq 数据利用率的直接体现。各样品的 Mapped Reads 与尼罗罗非鱼参考基因组的比对效率均为 85.75%~89.81%,Uniq Mapped Reads 的比对效率均为 81.50%~85.55%,可以进行后续的分析与研究。见表 1。

### 2.4 转录组注释和差异表达基因分析

在 GO、KEGG、COG、KOG、NR 和 eggNOG 5 个数据库中,L70d28CM 和 L70d36CM 实验组共注释到 3 321 个基因,L70d28XM 和 L70d36XM 实验组共注释到 4 529 个基因。通过比较雌鱼高温处理组与对照组以及雄鱼高温处理组与对照组在 70 d 时的基因表达量变化。L70d28CM 与 L70d36CM 进行比较,共鉴定出 3 405 个差异表达基因,其中上调基因 1 966 个,下调基因 1 439 个;L70d28XM 与 L70d36XM 进行比较,共鉴定出 4 645 个差异表达基因,其中上调基因 3 460 个,下调基因 1 185 个,均表现为在 36 °C 时上调基因数量多于下调基因。



\*\*\* 表示两个温度处理组差异性极显著 ( $P < 0.001$ ); \*\*\*\* 表示两个温度处理组差异性极显著 ( $P < 0.0001$ )。  
 \*\*\* indicates there was extremely significant difference between the two different temperature treatment groups ( $P < 0.001$ ); \*\*\*\* indicates there was extremely significant difference between the two different temperature treatment groups ( $P < 0.0001$ ).

图 1 不同温度雌鱼和雄鱼生长指标

Fig. 1 Growth index of females and males at different temperatures

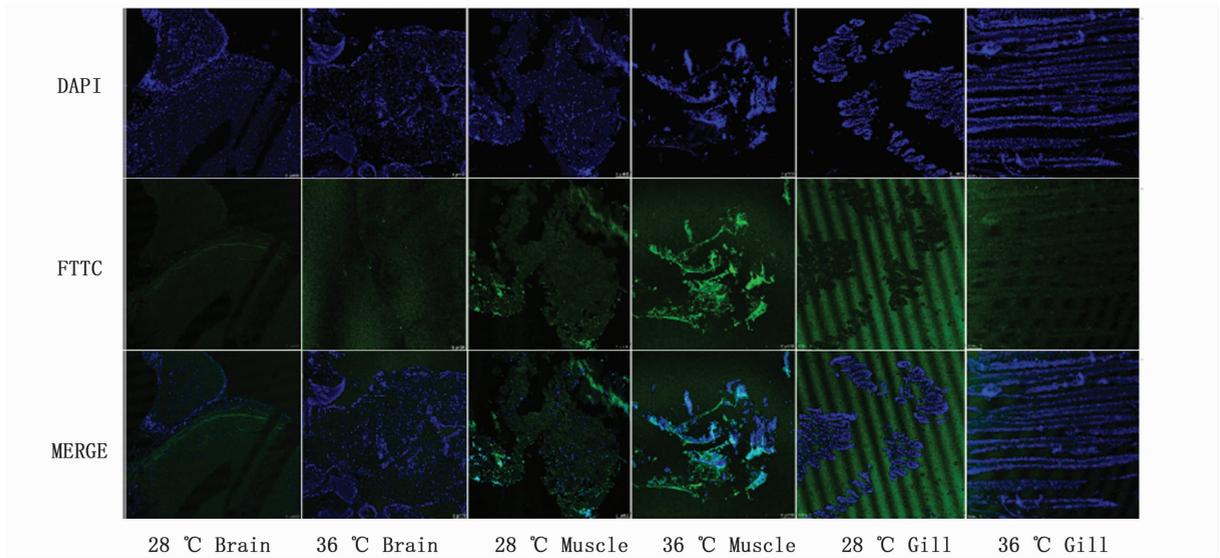


图 2 罗非鱼组织 TUNEL 凋亡检测

Fig. 2 Munofluorescent detection of the apoptosis by TUNEL assay in tissues of tilapia

表 1 与参考基因组的序列比对结果

Tab. 1 Mapping information with reference genome

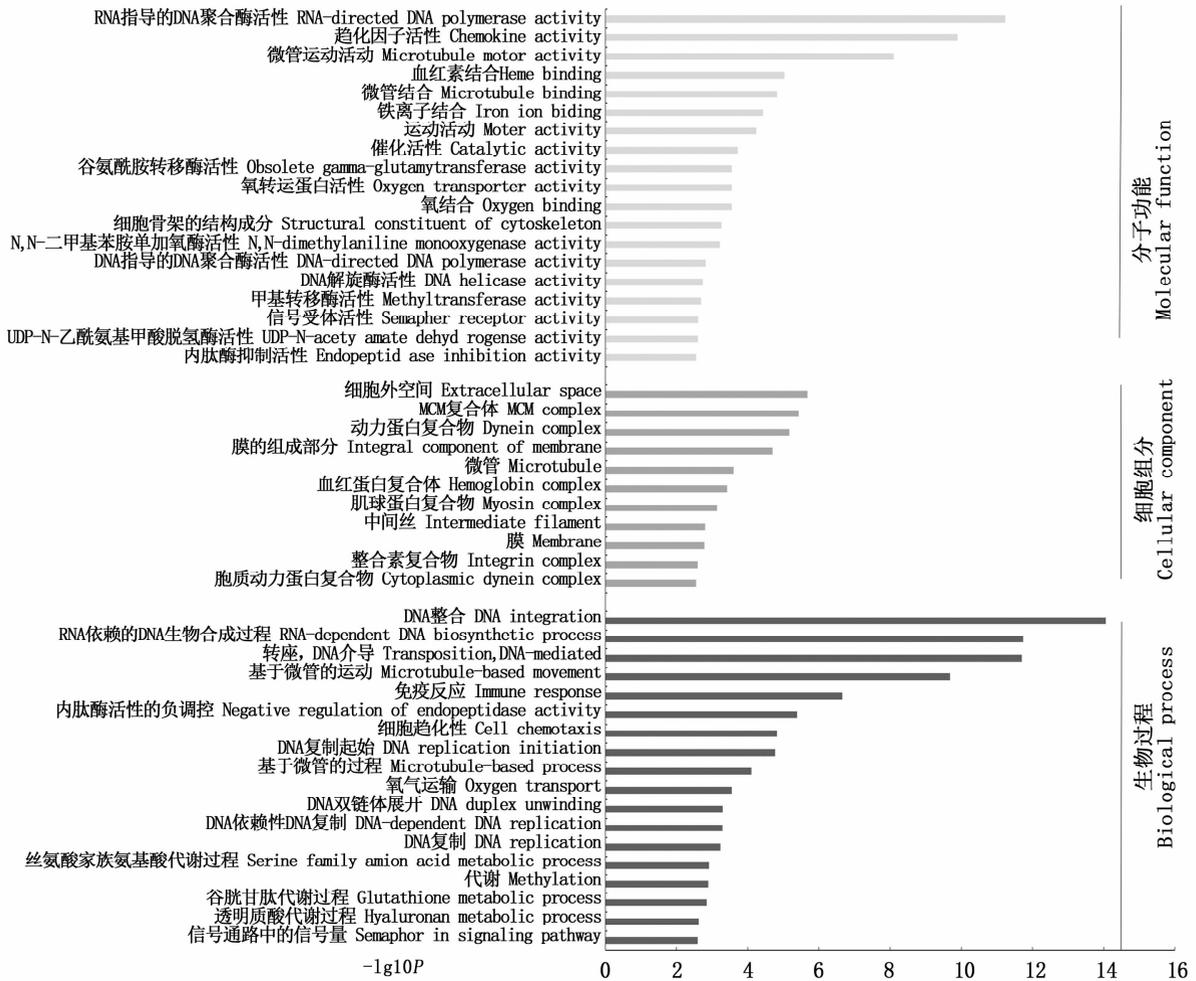
样品编号 ID	有效数据 Clean data	比对到参考基因组上的有效数据数目 Mapped reads	比对到参考基因组唯一位置的有效数据数目 Unique mapped reads
L70d28CM	22 426 277	89.81%	85.55%
L70d28XM	29 430 313	86.74%	83.08%
L70d36CM	27 615 181	88.10%	83.12%
L70d36XM	23 088 354	85.75%	81.50%

### 2.5 GO 功能分析和 KEGG 聚类分析

为确定与高温适应相关的功能类别,根据差异基因分析的结果对差异基因进行 GO 功能注释分析。在 L70d28CM 和 L70d36CM 实验组中,生物过程部分主要以 DNA 整合、DNA 介导的转座、基于微管的运动、免疫反应和细胞趋化性的功能为主;细胞组分中主要以 MCM 复合体、动力蛋白复合体和微管的组成成分为主;分子功能主要以趋化因子活性、催化活性、血红素结合和药物跨膜转运蛋白活性为主;在 L70d28XM 和 L70d36XM 实验组中,生物过程部分主要以 DNA 整合、DNA 介导的转座、药物转膜运输、神经递质转运和钠离子跨膜运输;细胞组分中主要以肌球蛋白复合体、动力蛋白复合体和膜的组成成分为主;分子功能主要以血红素结合、催化活性、跨膜

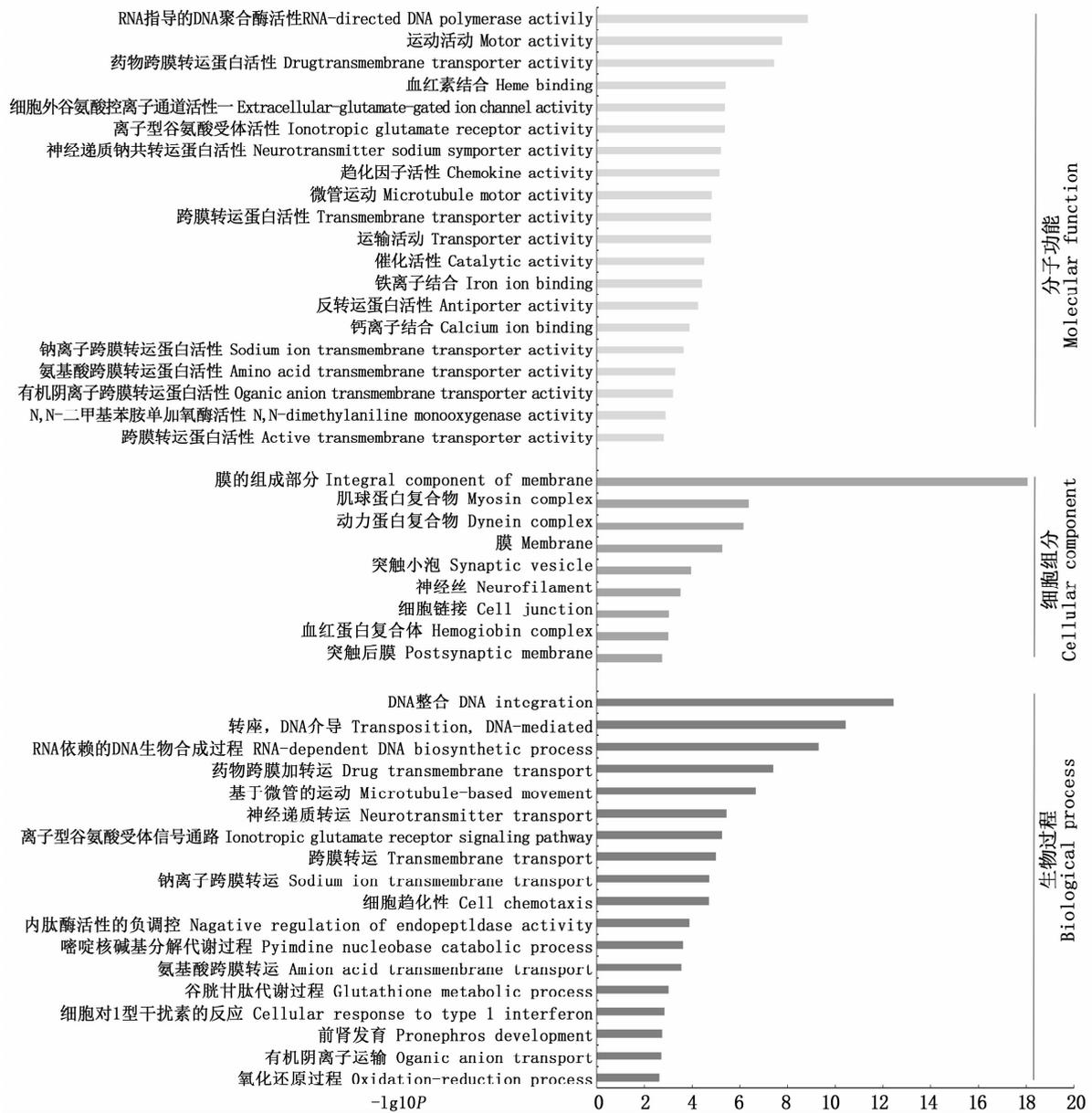
运输和转运活性为主(图 3)。

利用 KEGG 数据库对筛选到的、不同生长温度的差异表达基因进行聚类分析后发现,罗非鱼在高温响应过程中,不仅与环境信息处理有关,还与鱼的生长发育、新陈代谢通路有关。L70d28CM 和 L70d36CM 两个雌性组的差异表达基因主要聚类在细胞过程和代谢过程,其中嘌呤代谢富集的差异基因数最多,细胞周期、嘧啶代谢和 DNA 复制通路富集的差异基因数较多;L70d28XM 和 L70d36XM 两个雄性组的差异表达基因主要集中在代谢过程和组织系统过程,包括药物代谢-细胞色素 P450、心肌细胞的肾上腺素信号传导、心肌收缩和紧密连接等通路上,其中紧密连接和心肌细胞的肾上腺素信号传导富集的差异基因数最多(图 4)。



(a) 雌鱼差异表达基因 GO 功能注释图

GO functional categorization of differentially expressed genes of female



(b) 雄鱼差异表达基因 GO 功能注释图

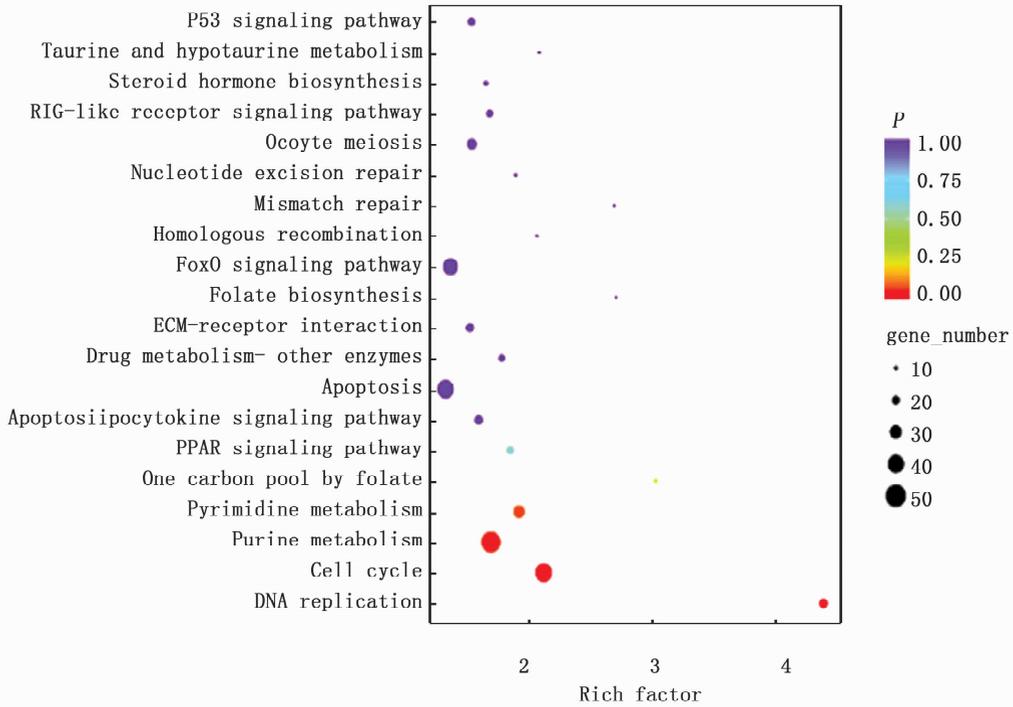
GO functional annotation of differentially expressed genes of male

图 3 显著差异表达基因的 GO 功能注释

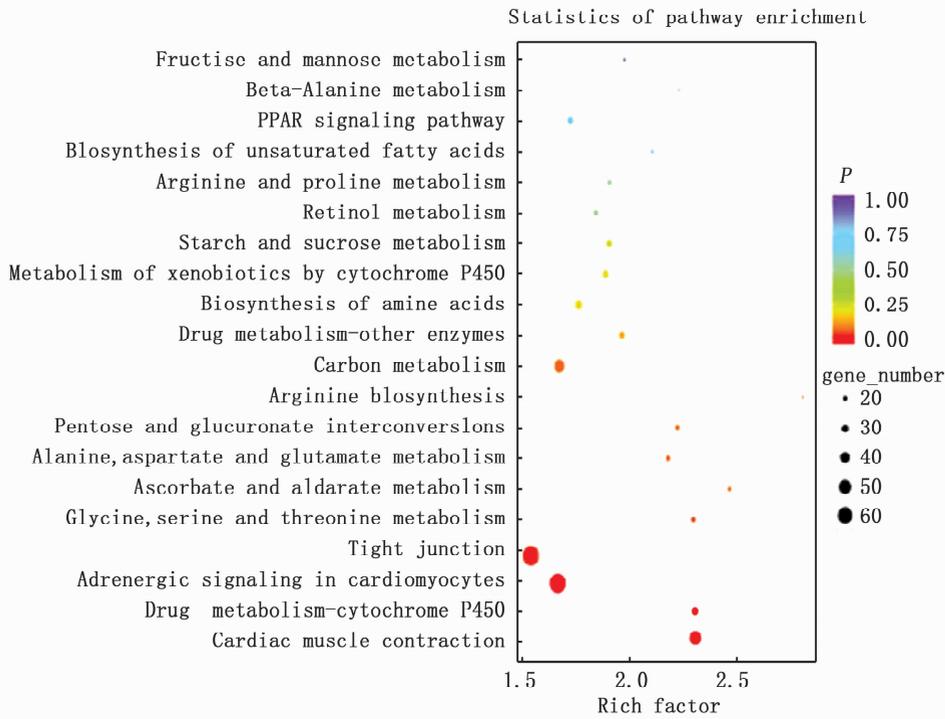
Fig. 3 GO functional annotation of the significantly differentially expressed genes

KEGG 通路分析显示,不同性别罗非鱼在受到持续性高温处理后,通过不同的代谢途径来调节生命活动以维持机体正常生长。在雌鱼中,随着高温应激反应的持续,DNA 复制这条通路的下调基因也随着增多,主要集中在 Mcm 蛋白家族、增殖细胞核抗原(PCNA)、DNA 聚合酶复合体、复

制因子 C(RFC)等。长期的高温环境可能会导致复制叉的减慢或停滞,DNA 复制过程受到抑制,进而抑制了细胞的增殖和分化;但该通路在雄鱼中富集不明显,表明在雄鱼中,这一过程受高温环境的影响不大。



(a) 雌鱼差异表达基因KEGG通路 KEGG pathway of differentially expressed genes of female



(b) 雄鱼差异表达基因KEGG通路 KEGG pathway of differentially expressed genes of male

圆圈代表一个 KEGG 通路, 纵坐标为通路名称, 横坐标为富集因子, 圆圈颜色代表 P, 颜色越红代表显著富集性越可靠, 圆圈越大代表富集的基因数目越多。

Circle represents one KEGG pathway, ordinate represents the name of the pathway, and the abscissa represents the enrichment factor, the color of the circle represents P. The darker the red color, the more reliable the significant enrichment, and the larger the circle, the greater the number of enriched genes.

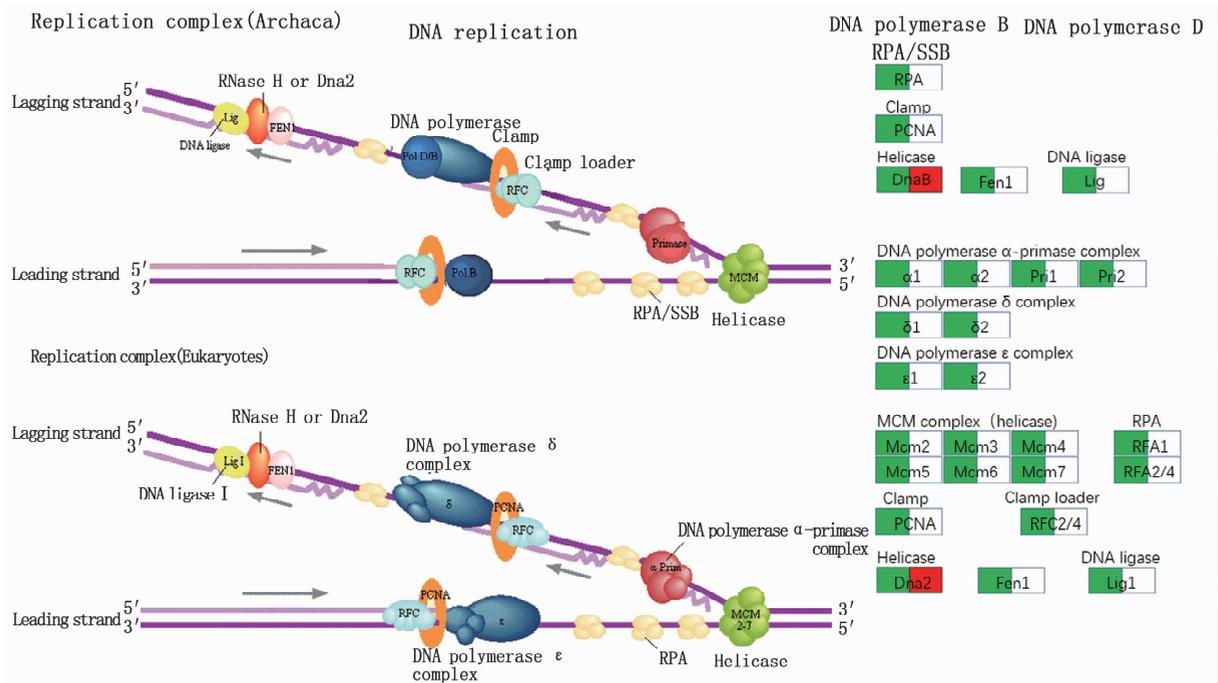
图 4 差异表达基因 KEGG 通路  
Fig. 4 KEGG pathway of differentially expressed genes

### 3 讨论

温度与鱼类生存息息相关,热应激是影响鱼体生长发育最严重的环境胁迫<sup>[12]</sup>。热应激会抑制 DNA 复制,导致复制叉的减慢或停滞<sup>[13]</sup>,也会影响蛋白质、脂质、碳水化合物等代谢调节<sup>[14]</sup>。广温性鱼类适应温度变化的策略有调节细胞周期、改变细胞膜脂质成分、激活免疫应答反应基因、调节酶的催化活性和催化效率等<sup>[15]</sup>。在目前全球气候变暖的背景下,揭示其热应激胁迫的分子机制,培育出耐高温的新品种显得尤为迫切。在环境因子胁迫下,大多数胁迫相关基因的转录水平会上升,而生长发育相关基因的转录水平有所下降,这是由转录因子与靶基因启动子的顺式作用元件的特异性结合引起的<sup>[16]</sup>。

使用 RNA-Seq 分析的方法,对高温处理组和

对照组的不同性别尼罗罗非鱼肌肉组织进行差异基因的表达谱分析,结果表明了两种性别具有各自特有的抗性机制:在雌鱼中显著富集的途径是嘌呤代谢、嘧啶代谢、细胞周期和 DNA 复制,其中嘌呤代谢和嘧啶代谢相关基因发生上调,而 DNA 复制通路(图 5)和细胞周期通路(图 6)相关基因如 *PCNA*、*Mcm*、*cdc7* 等发生显著性下调,与 BILYK 等<sup>[4]</sup>的研究结果细胞周期通路中 *Mcm* 下调一致,表明温度升高会导致细胞增殖和蛋白质生物合成普遍减慢;而在雄鱼中显著富集在心肌收缩、心肌细胞的肾上腺素信号转导、碳代谢和药物代谢等通路上,相关基因 *cdc7*、*p38MAPK* 和 *E2F* 等发生上调。本研究通过转录组分析获得的差异表达基因,其功能、代谢途径及相关生理特性的具体机制还需要进一步试验验证。

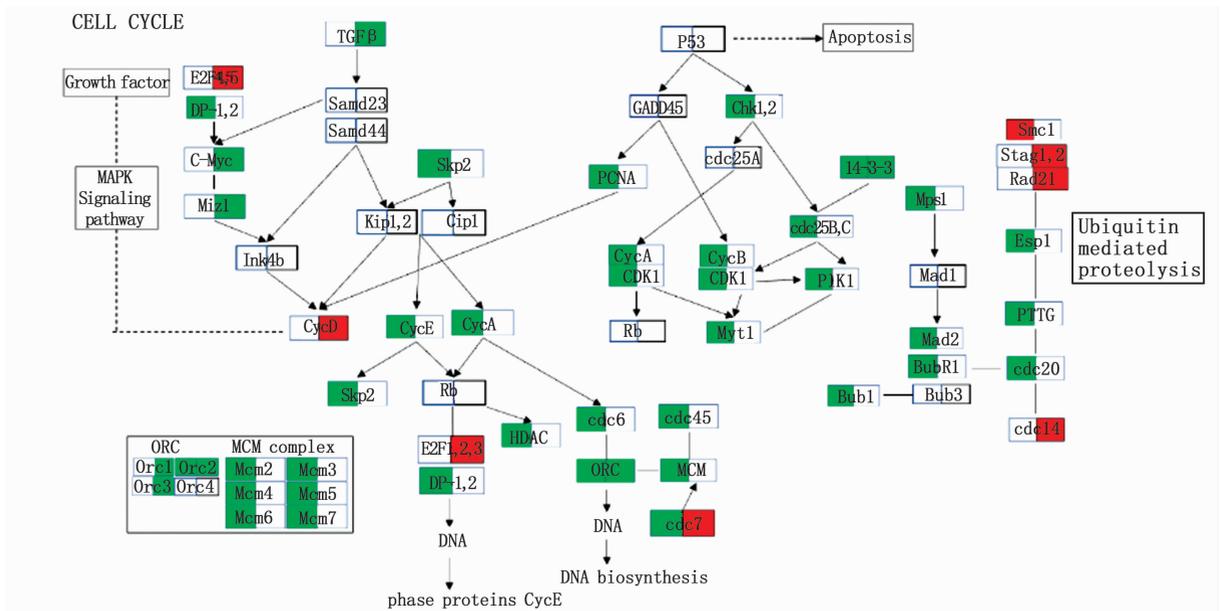


方框左边为雌鱼,右边为雄鱼。红色为上调基因,绿色为下调基因。

Left of table represents female differentially expressed genes, right of table represents male. Green represents the down-regulated genes, red represents the up-regulated genes.

图 5 DNA 复制通路

Fig. 5 DNA replication pathway



方框左边为雌鱼,右边为雄鱼。红色为上调基因,绿色为下调基因。

Left of table represents female differentially expressed genes, right of table represents male. Green represents the down-regulated genes, red represents the up-regulated genes.

图 6 细胞周期通路  
Fig. 6 Cell cycle pathway

综上所述,不同性别的罗非鱼响应高温环境的适应机制不同:雌鱼主要表现在细胞增殖和代谢系统调节;雄鱼则主要表现在代谢系统和组织系统调节。不同的 KEGG 途径为我们提供了可能导致鱼类暴露于持续高温发生的不可逆组织损伤的触发因素,从转录水平的调控机制给不同性别的鱼类适应高温环境的研究提供新思路。

参考文献:

[1] 陈蓝菽. 世界罗非鱼捕捞和养殖的动态特征研究[J]. 上海水产大学学报, 2006, 15(4): 477-482.  
CHEN L S. Study of dynamic characteristics of world tilapia capture and aquaculture industry [J]. Journal of Shanghai Fisheries University, 2006, 15(4): 477-482.

[2] 罗祖娟, 林勇, 杨慧赞, 等. 高温对罗非鱼生长发育及病害的影响[J]. 广西畜牧兽医, 2013, 29(1): 48-50.  
LUO Z J, LIN Y, YANG H Z, et al. Effect of high temperature on growth and development and disease of tilapia [J]. Guangxi Animal Husbandry and Veterinary Medicine, 2013, 29(1): 48-50.

[3] 崔文晓, 马爱军, 黄智慧, 等. 大菱鲆 (*Scophthalmus maximus*) PRL 基因、Na<sup>+</sup>-K<sup>+</sup>-ATPase α1 基因对盐度胁迫的响应[J]. 渔业科学进展, 2017, 38(6): 32-40.  
CUI W X, MA A J, HUANG Z H, et al. Effects of salinity stress on the mRNA expression of PRL and Na<sup>+</sup>-K<sup>+</sup>-ATPase

α1 of turbot (*Scophthalmus maximus*) [J]. Progress in Fishery Sciences, 2017, 38(6): 32-40.

[4] BILYK K T, CHENG C H C. RNA-seq analyses of cellular responses to elevated body temperature in the high Antarctic cryopelagic nototheniid fish *Pagothenia borchgrevinkii* [J]. Marine Genomics, 2014, 18: 163-171.

[5] HUANG J Q, LI Y J, LIU Z, et al. Transcriptomic responses to heat stress in rainbow trout *Oncorhynchus mykiss* head kidney [J]. Fish & Shellfish Immunology, 2018, 82: 32-40.

[6] HU P, LIU M L, LIU Y M, et al. Transcriptome comparison reveals a genetic network regulating the lower temperature limit in fish [J]. Scientific Reports, 2016, 6: 28952.

[7] SOMERO G N, GIESE A C, WOHLISCHLAG D E. Cold adaptation of the Antarctic fish *Trematomus bernacchii* [J]. Comparative Biochemistry and Physiology, 1968, 26(1): 223-233.

[8] SUN Y L, JIANG D N, ZENG S, et al. Screening and characterization of sex-linked DNA markers and marker-assisted selection in the Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) [J]. Aquaculture, 2014, 433: 19-27.

[9] ANDERS S, HUBER W. Differential expression analysis for sequence count data [J]. Genome Biology, 2010, 11(10): R106.

[10] YOUNG M D, WAKEFIELD M J, SMYTH G K, et al. Gene ontology analysis for RNA-seq: accounting for selection bias [J]. Genome Biology, 2010, 11(2): R14.

[11] KANEHISA M, ARAKI M, GOTO S, et al. KEGG for

- linking genomes to life and the environment [J]. *Nucleic Acids Research*, 2007, 36(s1): D480-D484.
- [12] 周朝伟, 胡续雯, 雷骆, 等. 热应激对银鲫生化指标和 *HSP70* mRNA 表达的影响[J]. *渔业科学进展*, 2018, 39(6): 65-71.
- ZHOU C W, HU X W, LEI L, et al. Effects of heat stress on biochemical indices and *HSP70* mRNA expression in gibel carp (*Carassius auratus gibelio*) [J]. *Progress in Fishery Sciences*, 2018, 39(6): 65-71.
- [13] VELICHKO A K, PETROVA N V, RAZIN S V, et al. Mechanism of heat stress-induced cellular senescence elucidates the exclusive vulnerability of early S-phase cells to mild genotoxic stress[J]. *Nucleic Acids Research*, 2015, 43(13): 6309-6320.
- [14] SLIMEN I B, NAJAR T, GHRAM A, et al. Heat stress effects on livestock: molecular, cellular and metabolic aspects, a review [J]. *Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition*, 2016, 100(3): 401-412.
- [15] JOHNSTON I A, GOLDSPIK G. Thermodynamic activation parameters of fish myofibrillar ATPase enzyme and evolutionary adaptations to temperature [J]. *Nature*, 1975, 257(5527): 620-622.
- [16] 赵丽娟, 易小娅, 曾幼玲. 植物逆境相关 C2H2 型锌指蛋白的研究进展[J]. *分子植物育种*, 2016, 14(3): 578-585.
- ZHAO L J, YI X Y, ZENG Y L. Research progress on plant stress related C2H2 type zinc finger protein [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2016, 14(3): 578-585.

## Response mechanism of male and female Nile tilapia to persistent high temperature

HUANG Sijie<sup>1,2,3</sup>, ZHOU Yan<sup>1,2,3</sup>, WEI Yali<sup>1,2,3</sup>, LU Jigang<sup>1,2,3</sup>, CHEN Liangbiao<sup>1,2,3</sup>

(1. *International Research Center for Marine Bioscience, Ministry of Science and Technology, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China*; 2. *Key Laboratory of Exploration and Utilization of Aquatic Genetic Resources, Ministry of Education, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China*; 3. *National Demonstration Center for Experimental Fisheries Science Education, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China*)

**Abstract:** In order to investigate the response of male and female Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) to continuous high temperature habitat, the morphological characteristics of female and male fish were continuously monitored in the 36 °C experimental group and the 28 °C control group, and the brain, back muscles and gill tissues of female and male fish treated for 70 days were analyzed by TUNEL staining method, and back muscles were selected for transcriptome sequencing. The results showed: The growth rate of the high-temperature treatment group was significantly slower than that of the control group, and the male fish grew faster than the female fish; TUNEL staining showed that the signal of apoptosis was the strongest in back muscle tissues, but weaker in other tissues; The results showed after high temperature treatment, 3 405 DEGs were identified in females and 4 645 DEGs were identified in males, with more up-regulated genes than down-regulated genes. Through the KEGG pathway cluster analysis, female fish were mainly involved in the cell cycle, purine metabolism and DNA replication and other pathways, and male fish were significantly enriched in the pathways of adrenaline signaling, myocardial contraction and tight connection in cardiomyocytes. The research results provide basic information for further exploring the adaptation mechanism of different sex Nile tilapia to high temperature environment.

**Key words:** Nile tilapia; high temperature treatment; muscle; transcriptome