

Podle teoretického modelu by měly pohlavně antagonistické mutace být více nebo naopak méně zastoupeny na chromosomech X a Z ve srovnání s autosomy. Zda budou zastoupeny více či méně závisí na průměrné míře dominance těchto mutací. Protože průměrná míra dominance nově vznikajících mutací není známá, je obtížné předpovědět důsledky působení pohlavně antagonistické selekce. Abychom lépe porozuměli vlivu pohlavně antagonistické selekce na genový obsah chromosomu Z u kura domácího, podrobili jsme analýze veřejně dostupná expresní data z několika somatických tkání a z germinálních i somatických buněk vaječníku.

Zjistili jsme, že na chromosomu Z jsou ve větší míře zastoupeny geny s preferenční expresí v somatických buňkách vaječníku (kumulární buňky). Geny s preferenční expresí v germinálních buňkách ani geny s preferenční expresí v somatických tkáních nevykazují odlišné rozmístění na chromosomech od rozmístění náhodného. Tyto výsledky napovídají, že na chromosomu Z se hromadí alely výhodné pro samice. Nepřítomnost signálu u germinálních buněk může být vysvětlena buď jako důsledek nižší intenzity pohlavně antagonistické selekce v těchto buňkách, nebo jako důsledek meiotické inaktivace chromosomu Z. Naše výsledky jsou v souladu se závěry podobných výzkumů u savců a naznačují, že na utváření genového obsahu chromosomu Z se výrazněji podílí recesivní pohlavně antagonistické mutace.