



Date d'édition : 05.04.2026

**Ref : SOMZOS57/4**

### **Modèle de chromosome**

D'après Studiendirektor Christian Groß Dillingen. Echelle 1/50 000, en SOMSO-Plast® Le modèle illustre de façon simplifiée un chromosome submétacentrique (avec centromère éloigné du centre) métaphasique. Le point de réunion des deux chromatides se trouve au niveau du centromère. En ce point, aux fins de démonstration, le modèle représente visiblement les cinétochores orientées vers l'extérieur. La superficie quelque peu irrégulière des chromatides s'explique par l'interaction entre les boucles de chromatines repliées sur elles-mêmes et les protéines liées ou emmagasinées. La chromatide droite est sur un tronçon correspondant de son bras inférieur représentée sans cette protéine. La chromatine se présente alors visiblement sous forme de boucles de tailles différentes (domaines d'organisation en boucles) de la fibre 30 nm sous-jacente. Les boucles sont attachées en leur base à une architecture complexe protéique non-histone, l'architecture chromosomique SAR, de l'anglais " Scaffold Attachment Regions " ou MAR (Matrix Attachment Region), autour de laquelle elles s'enroulent en spirales. Une disposition-variante discutée, à savoir une disposition en rosace des boucles de chromatine n'est pas représentée sur ce modèle. La structure interne de la fibre 30nm qui se présente approximativement sous forme de nucléosomes de type solénoïde ne peut pas être reproduite à l'échelle prédéfinie ici pour le modèle. Grâce à la compaction des ADN sur les nucléosomes, la fibre 30 nm, les boucles de chromatine et leur configuration spiralée, le facteur de réduction de la molécule d'ADN traversant chaque chromatide est d'environ 1/10 000. Les structures et éléments chromosomiques considérées dans le modèle sont caractérisées en italique dans le texte

Caractéristiques techniques :

Hauteur: 46 cm, Largeur: 18 cm, Profondeur: 18 cm Poids: 1,4 kg