

vankelijk gevonden bij een abnormale vorm van bacteriofaag DNA, dat enkelvoudig is, terwijl in de normale Watson-Crick structuur twee draden met complementaire samenstelling in een schroeflijn om elkaar gewonden zijn. De ringvorm bleek ook bij normaal dubbelstrengig DNA een biologische betekenis te hebben, die nog niet geheel is opgehelderd. Bij vele virussen, die geen ringvormig DNA bevatten, is het eerste proces na infectie van de gastheer een ringsluiting van het virus DNA, dat is binnengedrongen. Pas daarna gaat het zijn functie vervullen. Ook de zeer lange DNA draad die het chromosoom van een bacterie vormt, bleek een gesloten ring te zijn.

Er is nog een andere reden, waarom het werk van Wilkins, Franklin, Watson en Crick voor de virologie van groot belang is geweest. In de structuur van Watson en Crick lag een suggestie opgesloten omtrent de wijze, waarop de genetische code functioneert. De principes van deze code werden door biochemici binnen een tijdsbestek van ongeveer 10 jaar opgehelderd. De laatste Nobelprijs voor geneeskunde werd kort geleden verleend aan Khorana, Nirenberg en Holly voor hun bijdrage aan dit onderzoek. Ik ga hier verder niet op in, doch vermeld alleen, dat uit de aard van de code volgde, dat het virus DNA onmogelijk al de informatie zou kunnen bevatten, nodig om het viruseiwit te vervaardigen, indien men althans aanneemt, dat met ieder onderdeel van het eiwit een afzonderlijk stukje van het DNA correspondeert. Waarom zou dit laatste echter het geval moeten zijn? Een arbeider in een steenfabriek heeft immers alleen de informatie nodig om één baksteen te maken. Dat is voor hem voldoende om een hoeveelheid bakstenen te vervaardigen, groot genoeg om vele huizen te bouwen. Evenzo moet men dan verwachten, dat het viruseiwit niet als geheel wordt vervaardigd, doch dat in het DNA slechts de informatie schuilt voor een beperkt aantal typen van bouwstenen. In het viruseiwit mag men dan de regelmaat verwachten, die het gevolg is van het opstapelen van een groot aantal identieke eiwitmoleculen.

Hier ligt dan onmiddellijk het interessante fysische probleem, hoe men een aantal identieke eenheden met een onderlinge affiniteit zo economisch mogelijk tot een groter geheel kan samenvoegen, daarbij inwendig voldoende ruimte overlappend voor het virus DNA. De elektronenmicroscopie is 'erbij weer het belangrijkste hulpmiddel. Het microscopische beeld zegt echter niet alles. Het is immers slechts de projectie in het beeldvlak van een afgietsel in zwaar metaal. Bovendien schiet de scherpte van het beeld nog te kort om alle details op te lossen. Hierdoor wordt het aan de fantasie van de onderzoeker overgelaten zich de stereometrisch mogelijke structuren voor te stellen, die althans met de waargenomen beelden niet in