



Revista Iberoamericana de Ciencia,
Tecnología y Sociedad - CTS

ISSN: 1668-0030

secretaria@revistacts.net

Centro de Estudios sobre Ciencia,
Desarrollo y Educación Superior
Argentina

Levin, Luciano; Ferpozzi, Hugo

Las tecnologías informáticas en la producción de conocimiento en biología molecular en
Argentina

Revista Iberoamericana de Ciencia, Tecnología y Sociedad - CTS, vol. 10, núm. 30,
septiembre, 2015, pp. 29-60

Centro de Estudios sobre Ciencia, Desarrollo y Educación Superior
Buenos Aires, Argentina

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=92441742001>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

Las tecnologías informáticas en la producción de conocimiento en biología molecular en Argentina

Tecnologias da informação na produção de conhecimento em biologia molecular na Argentina

Information Technologies Applied to Knowledge Production in Molecular Biology in Argentina

Luciano Levin y Hugo Ferpozzi *

Este artículo explora algunas conexiones entre las tecnologías informáticas y las transformaciones recientes en el campo de la biología molecular argentina. Más precisamente, intentamos comprender los modos en los que la producción de conocimiento, las prácticas y la organización del trabajo científico son estructuradas con la utilización de tecnologías digitales. Para ello tomamos los casos de la investigación sobre la enfermedad de Chagas y la identificación de personas desaparecidas víctimas del terrorismo de estado. Ambos casos son examinados como procesos productivos, concentrándonos, por lo tanto, más en la producción de conocimiento que en la comunicación científica o en la distribución del conocimiento, como suele ocurrir en la mayor parte de la literatura latinoamericana. De este modo, proponemos exponer las particularidades del contexto local en términos de intercambios materiales y cognitivos, los modos de participación en el proceso de producción de conocimiento y los factores normativos e institucionales que le dan forma.

Palabras clave: tecnologías informáticas, biología molecular, producción de conocimiento

* *Luciano Levin*: investigador del Centro de Ciencia, Tecnología y Sociedad (CCTS) de la Universidad Maimónides, Buenos Aires, Argentina. Correo electrónico: lucianolevin@gmail.com. *Hugo Ferpozzi*: doctorando en ciencias sociales por la Universidad de Buenos Aires, investigador becario del Centro CTS. Correo electrónico: hpzzi@yahoo.com.ar.

Este artigo explora algumas conexões entre as tecnologias da informação e as recentes transformações no campo da biologia molecular na Argentina. Mais precisamente, tentamos compreender os modos em que a produção de conhecimento, as práticas e a organização do trabalho científico são estruturadas com a utilização de tecnologias digitais. Para tal, tomamos os casos da pesquisa sobre a Doença de Chagas e a identificação de pessoas desaparecidas por causa do terrorismo de Estado. Ambos os casos são examinados como processos produtivos, focando-nos, portanto, mais na produção de conhecimento do que na comunicação científica ou na distribuição de conhecimento, como acontece com frequência na maior parte da literatura latino-americana. Assim, propomos expor as particularidades de intercâmbios materiais e cognitivos, os modos de participação no processo de produção de conhecimento e os fatores normativos e institucionais que o conformam.

Palavras-chave: tecnologias da informação, biologia molecular, produção de conhecimento

This article explores some of the connections between information technologies and recent transformations in the field of molecular biology in Argentina. More precisely, we attempt to comprehend the ways in which knowledge production, practices and scientific work organization are structured around the use of digital technologies. To that end, we analyze research cases related to Chagas disease and to the identification of desaparecidos (missing people) under Argentina's de facto regime. Both cases are examined in terms of productive processes, and therefore we focused more on knowledge production than on scientific communication or knowledge distribution, as is often the case in most of the Latin American literature. Therefore, we propose to show the special characteristics of the local context in terms of material and cognitive exchanges, participation modes in the knowledge production process, and the normative/institutional factors that shape this process.

Key words: information technologies, molecular biology, knowledge production

Introducción

Las tecnologías de la información y su relación con las transformaciones recientes en casi todos los espacios de la vida humana constituyen un tema ampliamente problematizado en la literatura académica. Con la actividad científica ocurre lo mismo: especialmente desde los estudios sociales de la ciencia y la tecnología, existe un tratamiento extenso de las transformaciones en la comunicación científica y en las formas de producir conocimiento que tienen como centro a las tecnologías de la información.

Este tratamiento, sin embargo, no es homogéneo por campos ni por regiones. En efecto, existe una vacancia notable en relación a las transformaciones ocurridas en la producción de conocimiento científico desde los países no centrales. Si bien varios trabajos se ocupan del contexto latinoamericano, éstos suelen tratar casi exclusivamente problemáticas asociadas con los cambios ocurridos en la comunicación y en la distribución del conocimiento, y no tanto en la producción del conocimiento en sí (Nentwich y König, 2012; Paravel y Rosental, 2003; Perrone, 1998; Rafols y Leydesdorff, 2010; Rodríguez, 2007).

En este trabajo pretendemos comprender sus implicancias para con la producción del conocimiento científico en el contexto argentino, así como sus transformaciones y características salientes asociadas con el uso de nuevas tecnologías. Para ello nos ocupamos de la investigación en biología molecular y la utilización de tecnologías digitales -constituidas fundamentalmente como herramientas bioinformáticas-, tomando como caso de estudio las investigaciones biológicas en el área de Chagas y la identificación de personas desaparecidas por el terrorismo de estado en la Argentina (IDPTE).

31

Entendemos la producción de conocimiento científico como procesos productivos -mediados ya no por las tecnologías de la información y la comunicación (TIC) en su conjunto, sino por aquello que es específicamente digital- y que comparte, por lo tanto, características con procesos históricos más amplios en los que se inserta (Negri y Hardt, 2005; Zukerfeld, 2010 y 2012. Así, los modos en que se estructuran la producción del conocimiento, las prácticas, y la división del trabajo científico pueden explicarse, proponemos, por factores materiales y cognitivos, pero también históricos, institucionales y normativos asociados con las herramientas digitales y con los modos en los que han sido incorporadas a la investigación científica local.

En la literatura, la división del trabajo científico y los intercambios en la investigación en biología se manifiestan, idealmente, en torno de dos espacios de trabajo: la mesada húmeda y la mesada seca. La primera refiere a la labor experimental más tradicional, *in vitro* o *in vivo*, mientras que la segunda apunta a la labor de análisis y la simulación computacional (Buta y Sued, 2010; Lenoir, 1999; Lenoir, 2000). En los casos estudiados, la utilización de herramientas informáticas permea casi todas las prácticas y se encuentran en relativa paridad con aquellas utilizadas en los países centrales. Aun así, las prácticas científicas, los intercambios y la adquisición de conocimientos asumen características que son propias en el contexto local, y que no encajan plenamente con las descriptas acerca de los países centrales.

Inicialmente, este artículo pone en discusión el planteo anterior como parte del marco teórico propuesto para estudiar la problemática. Tras exponer los casos de estudio y fundamentar su elección, procedemos al análisis de cinco dimensiones que consideramos significativas acerca de la utilización de tecnologías informáticas en la producción de conocimiento científico: a) espacios de trabajo; b) tipos de conocimiento producido; c) escala; d) organización; y e) instituciones. Por último, se esbozan algunas conclusiones para aislar las particularidades de los casos elegidos, explicar continuidades y rupturas en relación con otros contextos de la actividad científica, y señalar afinidades con diferentes espacios de la producción de conocimiento. Este artículo reformula propuestas de investigaciones anteriores sobre la problemática, ampliando, sobre todo, la parte empírica de nuestra investigación.

1. Marco teórico

1.1. Mesadas, oficinas, inscriptores: un acercamiento desde los estudios de laboratorio

Las tecnologías de la información en la ciencia comienzan a ser problematizadas en los estudios de laboratorio, en la medida en que realizan una serie de mediaciones específicas en los procesos de producción y fortalecimiento de los enunciados científicos. En este marco, Latour y Woolgar (1979), al igual que Knorr-Cetina (2005), trazan una división entre dos instancias diferentes al interior de los procesos de fabricación de conocimiento, basada en la separación entre la mesada húmeda del laboratorio y la oficina. Ésta última concentra las tareas administrativas, pero también las de gestión y producción literaria. A su vez, Latour y Woolgar señalan un conjunto de tecnologías que resultan centrales en los procesos de producción de conocimiento: los inscriptores (Latour y Woolgar, 1979). Se trata del instrumental de laboratorio que convierte porciones de materia y energía en algo escrito, particularmente en texto matemático. Los autores no siguieron desarrollando el concepto de inscripción en trabajos posteriores, aunque sus implicancias fueron retomadas por Latour (1987) al examinar los modos en que diversos recursos (proteínas, barriles de petróleo, costas marítimas) son movilizados hacia los centros de cálculo a través de su representación en cadenas metrológicas (informes, registros contables, mapas).

El concepto de inscripción es central en nuestro análisis. El secuenciamiento de ADN, por ejemplo, constituye la conversión de material biológico en algo escrito. Del mismo modo, el hecho de contar con el genoma completo de diversos organismos permite trabajar sobre las secuencias como si se tratase del organismo vivo. No obstante, desde nuestra perspectiva, los estudios de laboratorio presentan al menos dos inconvenientes: primero, las operaciones implicadas en los procesos de fabricación de conocimiento no diferencian entre áreas de conocimiento ni propiedades de los objetos. En efecto, lo que estos autores parecen proponer es que sus observaciones -realizadas en los grandes laboratorios de California- podrían aplicarse, conceptualmente, a cualquier otra institución. Esta presunción, que tiene su origen en la propuesta simétrica de la teoría del actor-red (que pone en el mismo nivel de análisis a todas las entidades que forman parte de las redes heterogéneas), es uno

de los aspectos de los estudios más clásicos de laboratorio de los que intentamos diferenciarnos con nuestra propuesta analítica.

Segundo, los diversos procesos de inscripción aparecen de manera genérica y por eso participan en ellos tecnologías de la información en un sentido muy laxo. La división del trabajo, abierta por las tecnologías informáticas o los propios inscriptores hacia dentro del laboratorio, no es discutida. De esta forma quedan sin discriminar procesos materiales de trabajo, métodos, estilos, culturas y objetos que se estructuran alrededor de la utilización de herramientas informáticas.

Penders, Horstman y Vos (2008), sin embargo, proponen una división más compleja a partir de las formas en que se organiza el trabajo científico en laboratorios de genómica aplicada. El énfasis está puesto en los “estilos” de investigación, dependiendo del tipo de trabajo que se realiza (dirección/literario vs. investigación básica) y de los métodos utilizados (centrados en el objeto biológico vs. centrado en el análisis computacional). Esta división se basa en el método antes que en el objeto de estudio, y se sustenta tanto en el análisis de los intercambios materiales así como en el de los espacios de intercambio. Desde allí surge una tercera instancia en los procesos de producción de conocimiento llamada *moist zone*, no reducible a las dicotomías típicas entre las mesadas, o entre la mesada y la oficina (Penders, Horstman y Vos, 2008).

1.2. La biología molecular y los procesos de informacionalización

La precisión sobre el tipo de tecnologías que nos interesa merece ser extendida hacia el resto de la literatura. Antes señalamos que la mayor parte de los antecedentes sobre tecnologías informáticas e investigación hace foco en diversos aspectos vinculados con la comunicación científica, dejando de lado la dimensión de la producción de conocimiento (Nentwich y König, 2012). Esto se debe tanto a recortes epistemológicos como a una caracterización vaga de las mismas. Al utilizar el concepto genérico de tecnologías de la información y la comunicación (TIC), se pierde de vista aquello que es distintivo de las tecnologías digitales. Proponemos que es en dicha especificidad, precisamente, donde radican los aspectos más significativos sobre los cuales extender la indagación al contexto latinoamericano.

Las tecnologías digitales, el *software* y la información digital cuentan con una serie de características reconocidas en un amplio espectro de las ciencias sociales y económicas. En primer lugar, la información digital es replicable: una producción digitalizada -un programa, un texto o una secuencia de ADN- puede ser duplicada con exactitud, de manera ilimitada, instantánea y con costos cercanos a cero. En segundo lugar, la información digital es susceptible de automatización. Operaciones de inscripción, almacenamiento, y procesamiento de la información pueden ser delegadas a sistemas relativamente autónomos y de gran capacidad. En tercer lugar, las tecnologías informáticas, en general, decrecen en costos relativos y adquieren un carácter mayormente universal. La interoperabilidad creciente de los dispositivos digitales y del *software* vuelve a la información digital en una suerte de “significante universal” (Berners-Lee y Hendler, 2001; Cafassi, 1998). Por último, al ingresar a la esfera informacional, una serie de tensiones y dinámicas similares recae sobre el

código genético y el *software*. Éstas se expresan, principalmente, en las nuevas regulaciones sobre propiedad intelectual.¹

Nuestro interés en la biología molecular y en la genética, por lo tanto, se funda sobre la base de que existe afinidad material-cognitiva, de naturaleza histórica, entre el código genético y el *software*. En consecuencia, nos interesan las tecnologías digitales -no las tecnologías de la información in toto.

Esta homología entre información y fenómenos biológicos es una idea que ha comenzado a ser insinuada a mediados del siglo XX, aunque su significado aún sigue siendo discutido en distintas áreas del conocimiento (Fox Keller, 2002 y 2003; García-Sancho, 2011). Zukerfeld (2010), por ejemplo, propone que el código genético constituye conocimiento de soporte biológico, formal y funcionalmente similar a la información digital, aunque corporizado en diferentes soportes objetivos. La afinidad entre ellos está planteada, en última instancia, a partir de las modalidades de regulación capitalista sobre éstos. Lenoir (1999) plantea, discutiblemente, que la biología fue moldeándose como una ciencia de la información debido a la centralidad que adquirieron las tecnologías de la información en sus prácticas. Según este autor, la genómica representa el emergente disciplinar de un “salto de paradigma” en las estructuras intelectuales e institucionales de la biología, dentro del cual la experimentación in vitro se subsumiría finalmente a la teorización in silico a gran escala. Chow-White y García-Sancho (2012), sin embargo, critican el planteo de Lenoir, proponiendo que la influencia entre el dominio biológico y el dominio informático ha sido de orden bidireccional y ha transgredido los márgenes disciplinarios. Desde esta perspectiva -informada por las prácticas más que por los discursos-, las interacciones entre la informática y la biología se dieron a través de espacios de convergencia sui generis, y no como la resultante del supuesto “matrimonio natural” entre ambos (García-Sancho, 2011). Por último, Fox Keller (2003) acredita la ubicuidad de los flujos de información digital en la biología y su dependencia sobre las herramientas informáticas, pero insiste en que ella no reduce ni desplaza la práctica efectiva de la investigación científica, todavía fundada en la manipulación de materia viva y “en la particular realidad material de los organismos tal como los conocemos” (Fox Keller, 2003: 279).²

Independientemente de la perspectiva que se adopte sobre la naturaleza de los genes y su mimesis con los objetos de la informática, las transformaciones en la investigación genómica y biomédica pueden ser entendidas en términos de transformaciones en procesos productivos, sometidos al proceso histórico de informatización o informacionalización de la producción (Castells, 2006; Negri y Hardt, 2005; Zukerfeld, 2010 y 2012). En última instancia, y del modo más sintético, implica

1. A partir de la década de 1970, el *software* y la producción digital ingresan por primera vez en la esfera propietaria, y en 1980 la Corte Suprema de los Estados Unidos falla a favor del patentamiento de un organismo vivo. La posibilidad de inscribir material biológico como código genético, y su eventual intercambiabilidad con el código informático, es una condición necesaria para su inclusión en la esfera mercantil (Zukerfeld, 2010).

que la producción se basa crecientemente en tecnologías digitales, mientras que la principal fuente de productividad económica yace en la manipulación de símbolos, el procesamiento de la información y la generación de conocimientos. Es únicamente en este sentido que concebimos la biología como ciencia de la información.

Lógicamente, la informacionalización de la producción abre un conjunto de problemáticas y modela ciertos rasgos comunes para la totalidad de los procesos sometidos a esta tendencia, incluyendo la actividad científica (Castells, 2006; Lefèvre, 2005; Rifkin, 2000; Zukerfeld, 2010 y 2012).

En el caso de los procesos de la biología molecular, esto ha sido observado por la literatura académica en los laboratorios de investigación vinculados al secuenciamiento del genoma humano. Los trabajos de Lenoir (1999), Hilgartner (1995 y 2004) y Kaufmann (2004) notan la emergencia de preocupaciones, disputas y negociaciones en torno a la automatización de tareas rutinarias de laboratorio (robotización e industrialización del trabajo de mesada), ampliación de la escala de producción, utilización de herramientas informáticas para el procesamiento de datos y conflictos por la propertización de resultados y técnicas. De nuevo, el fenómeno de la propertización (la inclusión creciente de entes, diseños o procesos bajo la acción regulatoria de la propiedad intelectual) no es exclusivo de la biología molecular y la genética, aunque sí es particularmente significativo dentro de este dominio. Puede tratarse, como remarca Hilgartner (1997), de exclusiones de hecho, puestas en práctica sin un ingreso formal a la esfera jurídica. Pero, al igual que como ocurrió históricamente con el caso del *software*, es sólo con la inscripción masiva del código genético en texto que tal cosa cobra sentido en términos regulatorios (Zukerfeld, 2010).

35

Finalmente, el trabajo de Buta y Sued (2010) debe ser mencionado como un antecedente cercano a nuestra problemática: tomando como casos la investigación biomédica y genómica en dos laboratorios de la Fundación Instituto Leloir de Buenos Aires, las autoras intentan dar cuenta del lugar de las tecnologías informáticas en la configuración de prácticas científicas y de los cambios en la actividad rutinaria del laboratorio. En efecto, dicho trabajo describe la división de roles y la separación en espacios de trabajo diferentes en relación al uso de estas tecnologías, analizando sus implicancias para con la comunicación científica, la producción de conocimiento y la participación en redes internacionales. Las diferencias con nuestro trabajo residen en que las autoras adscriben a la teoría de la red de actantes y utilizan el concepto de TIC de manera general, lo cual resulta en lógicas de análisis y resultados divergentes (Buta y Sued, 2010).

1.3. La biología molecular en Argentina

Uno de los motivos para tomar el caso de la biología molecular en Argentina es la particularidad de su historia. Su desarrollo es temprano en relación al contexto mundial: Kreimer (2010) identifica sus orígenes en 1957, cuando aun internacionalmente no quedaba claro qué significaba ser un biólogo molecular (Abir-Am, 1992; Stent, 1968). Desde entonces, los laboratorios argentinos se vincularon con la escena internacional con frecuentes colaboraciones y circulación de científicos.

A partir de la década del 80, parte del campo comenzó a establecer vínculos con otras áreas de investigación, llegando a incidir en desarrollos con horizontes de aplicación comercial. Algunas empresas -todavía pocas- comenzaron a realizar I+D e incorporaron estas técnicas como productos y servicios.

Las dinámicas abiertas en este último período remiten a tensiones surgidas entre el carácter internacional de la producción de conocimiento científico y sus aplicaciones locales. Kreimer y Zabala (2006) la explican en función del esquema de división internacional del trabajo que opera sobre los centros y las periferias científicas: en primer lugar, porque los grupos locales realizan tareas altamente especializadas en la investigación, aunque con un papel relativamente menor en materia de innovación conceptual; en segundo lugar, debido a la incidencia que ejercen los países centrales en las agendas y formación de los investigadores; por último, debido a que los vínculos internacionales no se corresponden con vínculos locales o regionales de la misma magnitud (Kreimer y Zabala, 2006).

El segundo motivo para estudiar la biología molecular y su relación con las tecnologías informáticas es la importancia del campo en la Argentina. En consonancia con el peso de la tradición biomédica en el país, los biólogos moleculares pertenecen a la élite científica local, ya sea en términos del volumen y la visibilidad de sus producciones, o por su participación en redes científicas internacionales “centrales”.

36

El interés de los biólogos moleculares por el *Tripanosoma cruzi* (parásito causante de la enfermedad de Chagas) en la década del 70 surge en estrecha conexión con el desarrollo anterior, ampliando el conjunto de actores interesados, los marcos de construcción del problema y el entramado institucional que problematiza e interviene la enfermedad. Kreimer y Zabala (2006) advierten, no obstante, que la relevancia de estos temas se encuentra circunscripta a la investigación básica, y permanecen aún lejos de “un correlato directo con las prácticas de intervención sobre la enfermedad” (p. 65). Incluso -o quizás más especialmente- aquellos casos que se proponen como aplicados “no tienen capacidad de generar aplicaciones efectivas, ni de ser apropiados por actores sociales externos a la comunidad científica local” (p. 74).

En el caso de IDPTE, no son los biólogos moleculares quienes se acercan a la biología molecular para utilizar sus técnicas en los procesos identificatorios. Los antropólogos forenses, en la búsqueda de aliados, convocan a biólogos moleculares para reforzar sus investigaciones. Aunque las técnicas desarrolladas por la antropología forense permitían identificaciones precisas, con el tiempo resultó la biología molecular la disciplina encargada de establecer los veredictos finales. Los antropólogos forenses fueron quienes demandaron a los biólogos moleculares la aplicación de sus técnicas y de sus conocimientos especializados para proceder con mayor precisión y, sobre todo, para poder manejar un mayor volumen de datos en las identificaciones. Esto incluye las técnicas tradicionales de secuenciación, pero más especialmente las técnicas propias de la bioinformática, debido a la complejidad de los análisis a realizar.

En ambos casos, el trabajo en pequeña escala realizado hasta la década de 1990 -la secuenciación de bases en un caso, la identificación de esqueletos en el otro- fue

unificado con el trabajo a gran escala que implicaron los proyectos emprendidos por los dos grupos de profesionales a través de herramientas bioinformáticas y plataformas digitales: la decodificación completa del genoma de *T. cruzi* y la identificación de un gran número de restos esqueléticos.

2. Metodología

La metodología utilizada se basa en técnicas y abordajes fundamentalmente cualitativos. Se realizaron entrevistas semiestructuradas y en profundidad (N=20), siguiendo un guion prediseñado, junto con conversaciones informales y la observación no participante en los institutos de investigación. Adicionalmente, consideramos los sitios virtuales como contextos significativos hacia los cuales extender la indagación: bases, foros y sitios web de los laboratorios (Hine, 2002). En cualquier caso, y en consonancia con la propuesta de los estudios de laboratorio (Latour y Woolgar, 1979; Knorr-Cetina, 1985), la indagación incluye necesariamente a los loci de la producción del conocimiento.

Inicialmente, las entrevistas fueron realizadas con investigadores del área de Chagas y de Antropología Forense hasta llegar al punto de saturación teórica de la muestra, a partir del cual los entrevistados no aportaban nueva información. No se buscó tanto representatividad en la muestra de los sujetos entrevistados como sí exhaustividad en las categorías de análisis. A tal efecto se entrevistaron hombres y mujeres de diferentes rangos de edad y categorías de investigación: técnicos de laboratorio (n=1), becarios (3), investigadores de planta (3), investigadores invitados (1), directores de laboratorio (4) e investigadores retirados (3). A su vez, se buscó cubrir todo el espectro de tareas realizadas: en principio, gestión de la investigación, experimentación en mesada y análisis computacional. La pertenencia institucional aparece detallada en el **Cuadro 1**.³

37

2. La traducción es de los autores.

3. Institución de pertenencia y categoría del investigador han sido detalladas por separado para preservar la confidencialidad de los entrevistados. Por el mismo motivo, se ha optado por no distinguir entre investigadores hombres y mujeres. Al momento de realizarse las entrevistas, cuatro de los quince entrevistados sobre Chagas no se encontraban trabajando en investigaciones relacionadas con la enfermedad. Sin embargo, éstos cuentan con formación y experiencia prolongada en grupos o laboratorios donde, en sus propias palabras, “se vive y se respira Chagas”.

Cuadro 1. Pertenencia institucional de los laboratorios indagados

Laboratorio	Instituto	Institución de pertenencia
Genómica y bioinformática	Instituto de investigaciones biotecnológicas (IIB)	Universidad Nacional de San Martín (UNSAM)
Genética molecular de tripanosomátidos		
Bioquímica de parásitos		
Parasitología molecular		
Neurobiología molecular	Instituto de fisiología, biología molecular y neurociencias (IFIBYNE)	Universidad de Buenos Aires (UBA)
Bases genéticas en la evolución del cerebro humano	Instituto de ingeniería genética y biología molecular (INGEBI)	CONICET
Regulación metabólica en tripanosomátidos		
Laboratorio de ingeniería genética y biología celular y molecular	Instituto de microbiología básica y aplicada (IMBA)	Universidad Nacional de Quilmes (UNQ)
(No aplica)		Equipo Argentino de Antropología Forense

38

El EAAF es una institución sin fines de lucro que posee una estructura interna mucho menos definida que los laboratorios universitarios de Chagas. Es por ello que la diferenciación hacia el interior aparece desdibujada, aunque ciertamente existe en términos informales. Por otro lado, y compensando la situación anterior, es una institución que posee regularidad y profesionalismo en la publicación de sus memorias y actividades anuales, lo que ha permitido un excelente registro consistente.

Una segunda etapa recurre al análisis de documentos -particularmente, programas académicos, proyectos, memorias y documentos institucionales. Esto apunta a proporcionar información complementaria sobre contenidos, formación, recursos y metas institucionales.

3. Casos

3.1. Chagas

La enfermedad de Chagas es endémica de América Latina, donde afecta a 10 millones de personas según la Organización Mundial de la Salud (OMS, 2012). En Argentina la cifra se estima, discutiblemente, por encima del millón y medio (Kreimer, 2011; Ministerio de Salud, 2013). A pesar de su incidencia, se trata de una “enfermedad negada”: la ausencia de síntomas externos y la situación de pobreza de los infectados provocan que las firmas farmacéuticas perciban el potencial desarrollo de medicamentos como no rentable (Kreimer y Zabala, 2006: 52).

Esta enfermedad ingresa a la esfera pública en la década del 50 como “problema de salud” gracias a las experiencias de la investigación médica y de diversas iniciativas político-institucionales, desde donde se desarrollan programas de intervención sobre la enfermedad a nivel nacional. Es así que hacia fines de los 70, cuando los principales grupos de biología molecular investigan sobre el *T. cruzi* en la Argentina, éste ya había sido constituido como un objeto de investigación relevante. Las instituciones que se dedicaron a la investigación desde la biología molecular fueron, principalmente, el Instituto de Genética y Biología Molecular (Universidad de Buenos Aires-CONICET), el Instituto de Investigaciones Biotecnológicas (Universidad Nacional de General San Martín) y el Instituto Fatale Chabén (Ministerio de Salud de la Nación). Éstos son reconocidos como parte del *mainstream* científico, a la vez de que gozan de apoyo y financiamiento de iniciativas e instituciones internacionales, particularmente del programa especial de investigación y entrenamiento sobre enfermedades tropicales de la Organización Mundial de la Salud (TDR) desde 1975 (Kreimer y Levin, 2011; Kreimer, Levin y Jensen, 2010). Según Kreimer y Zabala (2006); además, la posición “hegemónica” de los grupos locales de biología molecular dedicados a Chagas, sus fuertes conexiones internacionales y la relativa productividad de su investigación ayudaron a reconfigurar la problematización de la enfermedad, corriéndose de abordajes como la epidemiología, la clínica médica o el estudio del vector hacia el estudio del *T. cruzi*.

En las últimas dos décadas, un componente fundamental de la investigación sobre Chagas en biología molecular ha sido dado por el Proyecto Genoma del *T. cruzi* (PGTc). La iniciativa coordinada por el TDR comenzó en 1994 y se completó en 2005 a través del financiamiento y la colaboración internacional, y en donde los laboratorios argentinos participaron junto con laboratorios de Brasil, Venezuela, Estados Unidos, Reino Unido, Francia, Suecia y Alemania. Según los investigadores, el genoma completo del *T. cruzi* habilitó el planteo de nuevos enfoques, abordajes y puntos de partida para los problemas de investigación en biología molecular (especialmente desde la genómica), a la vez que demandó la incorporación de nuevas herramientas, técnicas y saberes vinculados con la bioinformática debido a la superabundancia de información disponible (Levin, 1999). Discutiblemente, estas iniciativas permanecen lejos de la generación de aplicaciones locales para la enfermedad de Chagas e incluso de resultados que excedan a la investigación básica. No obstante, el genoma del *T. cruzi* y las herramientas bioinformáticas vinculadas son un componente de relevancia creciente en la investigación sobre el parásito.

39

3.2. La identificación de personas víctimas del terrorismo de Estado

Este caso resulta significativo no tanto por su magnitud, sino por la movilización de recursos simbólicos que conlleva. Para el problema de estudio del presente trabajo, se vuelve relevante pues los procesos de manejo de la información que ha desarrollado el EAAF (genética y no genética) se han vuelto complejos y completamente informatizados.

Hasta antes de la irrupción de técnicas genéticas de identificación y, sobre todo, de la posibilidad de almacenar grandes volúmenes de información genética (teniendo la capacidad de comparar y analizar esa información), las técnicas y procesos de

identificación de personas eran completamente manuales. Se realizaban mediante métodos biométricos, a partir del estudio de las variables antropométricas de los cuerpos y mediante algunos métodos relacionados con los anticuerpos de la sangre en los casos en que era posible obtenerla. La biología molecular modificó drásticamente esta situación.

En 1976 el gobierno constitucional argentino fue derrocado en un golpe de Estado, fundando un régimen de poder basado en el terror político y dando lugar a la desaparición de al menos 10.000 personas, la violación masiva y sistemática de derechos humanos, y el reconocimiento internacional formal de la ocurrencia de un genocidio.⁴ El gobierno de facto finalizó en 1983, cuando fue elegido un nuevo gobierno constitucional. En 1982, la organización Abuelas de Plaza de Mayo, con el fin de buscar métodos para identificar nietos desaparecidos, contactó a miembros de la Asociación Americana para el Progreso de la Ciencia (AAAS, por sus siglas en inglés), quienes informaron a la organización que era posible determinar si una mujer había dado a luz antes de morir estudiando los restos óseos (Penchazsadeh, 1995). Entre diciembre de 1983 y enero de 1984 se registraron en los medios gráficos argentinos cientos de denuncias sobre inhumaciones irregulares, producto de las cuales se exhumaron los restos esqueletizados de 598 personas y de las que se identificaron solamente 23 (Cohen Salama, 1992; CONADEP, 1984). Se generó así una gran cantidad de restos que se almacenaron en las morgues judiciales mientras esperaban a ser identificados. Las exhumaciones eran realizadas por bomberos, sepultureros y otro personal sin formación técnica que utilizaba palas mecánicas o almacenaba los huesos en bolsas, mezclándolos y perdiendo información valiosa para cualquier proceso identificatorio. En 1984, y a pedido de Abuelas de Plaza de Mayo, la Comisión Nacional sobre la Desaparición de Personas (CONADEP) solicitó ayuda y asesoramiento a la AAAS para proceder mejor con las exhumaciones, puesto que realizadas de ese modo no permitían ningún tipo de identificación. La AAAS creó una comisión de especialistas en ciencias forenses que envió a la Argentina. Esta comisión llegó a la Argentina en mayo de 1984 y se encontró con miembros de la CONADEP. Allí comenzaron una serie de actividades para evaluar el caso argentino: por un lado, reciben solicitudes de diferentes jueces para evaluar los casos de enterramientos irregulares que estaban siendo descubiertos; por otro lado, visitan las morgues judiciales y encuentran centenares de huesos ya exhumados y almacenados sin ningún criterio. Como resultado de su trabajo, la Comisión de la AAAS realizó una serie de recomendaciones en forma pública, entre las cuales se pueden destacar: a) la necesidad de formar equipos multidisciplinarios aptos para la recolección y análisis de los restos óseos; b) la posibilidad de la aplicación de técnicas de la biología molecular para establecer la filiación nieto-abuelo; y c) la necesidad de crear un banco de datos genético que permitiera chequear los casos.

Así se creó el Equipo Argentino de Antropología Forense (EAAF), constituido en 1987 como asociación civil. El trabajo del EAAF en la Argentina consiste

4. Las cifras al respecto son controvertidas. La CONADEP reconoció alrededor de 10.000 desaparecidos. La Asociación Madres de Plaza de Mayo llevó esa cifra a 30.000 y voceros militares mencionaron 22.000 como un número probable.

principalmente en la investigación de los casos de desaparecidos para su identificación. Para establecer la identidad de una persona, la investigación se basa en tres tipos de datos:

* *Nombres sin cuerpo*: estos datos están constituidos por el conjunto de las personas denunciadas como desaparecidas. Además de sus nombres, se incluye todo otro dato que haga a la identidad del desaparecido y las condiciones de su desaparición: descripción física, principales actividades, día y hora del secuestro/desaparición.

* *Cuerpos sin nombre*: estos datos provienen, principalmente, del hallazgo o exhumación de restos óseos de cadáveres. Generalmente se encuentran en cementerios públicos, enterrados en forma individual o colectiva. Además de los principales rasgos físicos (altura, edad aproximada, sexo, causa posible de muerte), estos datos incluyen también la “huella genética” de cada individuo.

* *Archivos*: el EAAF recurre principalmente a tres tipos de archivos que permiten relacionar los datos del primer grupo con los del segundo: a) archivos del Registro de las Personas: ya sea nacional o provincial, allí se archivan copias de las huellas dactilares de la mayor parte de la población, certificados de nacimiento, matrimonio y defunción; b) archivos de la policía provincial o federal: en estos archivos hay registros de huellas dactilares, fotografías y descripciones de muertos NN encontrados en la vía pública; y c) archivos de cementerios: en ellos se pueden encontrar certificados de defunción, entierro y exhumación.

41

En base a estos datos, el EAAF diseñó una metodología de trabajo que consta de tres etapas, a saber: un estudio preliminar que se consiste en reunir los datos pre-mortem; el trabajo de campo, que consiste en la exhumación de los restos y finalmente el trabajo de laboratorio (EAAF, 1991, 1992, 2003, 2005, 1993, 1994, 1995, 1998, 1999, 2000, 2001 y 2002; EAAF-Witness, 2002).

La metodología diseñada por el EAAF difiere de aquellas utilizadas en otros contextos donde no hay cadáveres frescos; además, los contextos de violación a los derechos humanos vienen acompañados de políticas de anomia y secrecía que vuelven más necesaria la digitalización de la información. Así, lo que cambia no es la escala, sino la complejidad del análisis de los datos. En 2005 el EAAF logra restituir la identidad del desaparecido número 300, en 2007 lanzan la Iniciativa Latinoamericana Para la Identificación de Personas (ILPIP), el mayor emprendimiento genético para la identificación de restos esqueléticos. Recientemente, en 2014, también mediante técnicas moleculares, se identificó a la nieta número 110.

Dentro de las ciencias forenses, los encargados de identificar a las personas fueron tradicionalmente los médicos forenses (cadáveres frescos) y los antropólogos forenses (cuando se trataba de esqueletos). Sin embargo, hacia la década del 80 comenzó un proceso de unificación: con la molecularización de la biología y el advenimiento de nuevas técnicas de ADN -sobre todo con su industrialización-, tanto

los médicos como los antropólogos forenses podían -y cada vez más, debían- utilizar el ADN en la identificación de personas (Jordan y Lynch, 1998).⁵

El EAAF siempre otorgó importancia a los datos y dio valor a su disponibilidad y procesamiento. Su digitalización fue lenta y progresiva: los archivos, que corresponden a datos del período 1973-1983, se encontraban en papel, haciendo muy lentas las búsquedas y el análisis de la información. La carga de estos archivos en soportes informáticos fue realizada de forma manual, iniciando el proceso de informatización en forma temprana.

Con los datos genéticos, el EAAF ha tenido que recurrir a laboratorios especializados. Como señaló Cole (2013), existe una cultura epistémica específica de las ciencias forenses que se manifiesta en reglas diferenciadas de la cultura “científica” típica (Cole, 2013). Sus reglas de producción de conocimiento difieren significativamente en términos de marcos temporales, tipos de datos que manejan, productos, estructuras de recompensas o audiencias. Esto se debe a que no es lo mismo obtener secuencias de información genética para investigación básica que aquella necesaria para un proceso identificatorio (el cual puede comprometer judicialmente a una persona). Por estos motivos, el EAAF enviaba sus muestras a laboratorios norteamericanos -los más estructurados del campo- y realizó posteriormente una evaluación de los laboratorios disponibles en Argentina y en el exterior. Ante la insatisfacción de los resultados, los costos y los tiempos involucrados, en 2008 decidió instalar un laboratorio de genética forense en la provincia de Córdoba, especializado en el procesamiento masivo de muestras, con el objeto de potenciar la capacidad operativa del grupo, reducir costos y tener mayor control sobre las muestras.

Desde el punto de vista de nuestro trabajo, la ILPIP y la creación del laboratorio de Córdoba representan un punto de quiebre en el trabajo del EAAF. Si bien desde el origen del equipo la biología molecular ocupó algún rol en el proceso identificatorio, con el transcurso del tiempo fue adquiriendo más y más centralidad y desplazando las técnicas antropológicas a un segundo plano. Ambos factores implicaron el involucramiento progresivo de los antropólogos en técnicas moleculares, la incorporación de personal y sobre todo la incorporación de la bioinformática como un elemento estructurante del proceso identificatorio.

4. Análisis de los casos

Partiendo de la mirada sobre el trabajo científico como proceso material y sobre la investigación como proceso productivo, el análisis empírico de las transformaciones que ocurren junto con la utilización de tecnologías informáticas se estructuró en torno a los siguientes ejes: formación, trayectoria y antecedentes del investigador y del

5. Molecularización hace referencia a “las prácticas centradas en las moléculas y en las interacciones de distintos grupos sociales durante la creación y la transformación de estas prácticas” (De Chadarevian y Kamminga, 1998).

laboratorio; recursos utilizados (informáticos y en general); división del trabajo y tareas realizadas; calificaciones, destrezas y aprendizaje no formal; acceso y control de los recursos; y colaboraciones internacionales.

A partir de estos ejes, reconstruimos analíticamente ciertas dimensiones teóricamente significativas que además resultan relevantes para el contexto local en particular:

- a. Espacios de trabajo
- b. Tipos de conocimiento
- c. Escala
- d. Organización
- e. Instituciones

4.1. Chagas

4.1.1. *Espacios de trabajo*

Inicialmente, señalamos que existen dos dimensiones fundamentales sobre las que opera la división del trabajo dentro de los grupos de investigación y los laboratorios. La primera refiere a la división entre mesada y oficina, a la que luego se agrega la distinción entre los tipos de mesada “seca” y “húmeda”. Esta separación fue brevemente discutida en el marco teórico y apunta directamente a la relación que los investigadores establecen con las tecnologías informáticas y el resto de las tecnologías empleadas en las actividades científicas.

43

A grandes rasgos, todos los integrantes de los equipos de Chagas realizan su trabajo desde ambos tipos de mesada y oficina, si bien algunas variables parecen incidir en la proporción de tiempo que dedican a cada una: la categoría del investigador (si es director de proyecto, asistente, técnico, o becario); la formación y el perfil (áreas de especialización y afinidad por las tecnologías informáticas); y el tipo de investigación en curso.

En cualquier caso, es la primera variable (tipificada idealmente entre investigador formado y becario) la que más estructura esta dimensión. Así, los investigadores senior con perfil biológico dedican una mayor proporción de tiempo a las tareas de oficina en relación a los becarios o investigadores de categorías iniciales e intermedias, más abocados a la experimentación en mesada húmeda y a la manipulación del material biológico. Los bioinformáticos, naturalmente, dedican una proporción de tiempo mayor a la mesada seca, aunque también, como señalamos, realizan tareas de mesada húmeda. Los testimonios que siguen ofrecen un ejemplo de cómo los investigadores formados (que aún no son directores de laboratorio) van incorporando crecientemente la carga administrativa pero sin abandonar el espacio experimental.

Aunque la forma en que se dan la separación y la vinculación entre las mesadas no es exclusiva de los científicos que investigan sobre Chagas, sí contrasta con los perfiles más marcados que describe la literatura internacional reciente: allí cada tipo de investigador (idealmente, experimental y bioinformático) aparece más anclado a su

mesada real (húmeda y seca), tornando más distantes y menos conmensurables los intercambios entre unos y otros.

4.1.2. Tipos de conocimiento

Otra de las características notorias sobre del uso de tecnologías informáticas en la investigación sobre Chagas está dada por la forma en que los investigadores incorporan los conocimientos y competencias necesarios para manejarlas. Si bien el origen de tales conocimientos y el modo en que se los adquiere es diverso, muchas veces ocurre por fuera de los circuitos formales, fundamentalmente mediante el aprendizaje por cuenta propia, como señaló un entrevistado:

“[Mi formación la obtuve] haciendo cursos, pero no fue parte de mi tesis, comencé a formarme en bioinformática. Eso fue en el año 1999. El principal problema que yo tenía con mi tesis doctoral es que el organismo que yo trabajo no es un organismo que se puede cultivar en el laboratorio... hay que sí o sí sacarlo de animales infectados [...] no tenía material biológico para trabajar así que me fui a hacer el curso de bioinformática a Suecia (risas), o sea, a trabajar con otros grupos [...] Esa fue la explicación de por qué me puse a hacer bioinformática en medio de mi tesis doctoral... Eso fue en el año 1999, eso quedó solapado con mi tesis doctoral [...] La bioinformática en ese momento estaba muy verde en todo el mundo. Lo que descubrí son herramientas, acceso a cosas esenciales como dejar de lado los sistemas operativos que uno estaba acostumbrado a trabajar [...] trabajar en línea de comandos, tenía que aprender a programar... Yo ya medio había empezado por mi cuenta a aprender...” (AF, investigador independiente CONICET).

Las instituciones académicas y la acreditación formal también representan vías para la adquisición de los conocimientos, aunque no son más frecuentes que las restantes: intercambios entre pares, consulta en foros y búsquedas online, lectura de manuales de usuario y realización de cursos.

“Consultando... leyendo por todos lados, la internet en eso es esencial, cualquier cosa que uno pueda buscar online... Hizo también que por ejemplo... yo el curso que hice en Suecia fue un curso de 15 días, 20 días, no fui a Suecia a hacer un posdoc, como te habrás dado cuenta yo no salí del país, hice toda mi carrera de formación acá, mi doctorado acá, mi posdoctorado acá...” (AF).

“Yo manejo computación... en la facultad nadie me enseñó computación... aprender a manejar todos los programas de bases de datos, que cada uno según quién lo desarrolló tiene su lógica, su forma de pensar el programa, es a base de tutoriales, y probar, y equivocarse.” (TV, inv. adjunto CONICET).

Esta dimensión apunta a construir una tipología de las destrezas requeridas o valoradas según los distintos roles en la investigación (Shinn, 2007) y detectar posibles modificaciones en función de los procesos de informatización de la investigación.

En el análisis de esta dimensión también intervienen las destrezas propias de los investigadores. Nos referimos con ello al carácter u otro tipo de aptitudes, subjetivas o performativas, que los investigadores consideran como indispensables para llevar a cabo el trabajo científico, y que además aparecen como típicas de su actividad. En este sentido, las cualidades más frecuentemente invocadas en la práctica científica por los investigadores sobre Chagas referían a la necesidad de poseer experiencia práctica en el trabajo de mesada húmeda -en palabras de los entrevistados, “tener mano” o saber “pipetear”. Este tipo de trabajo estructura parte de las competencias percibidas como necesarias y valoradas positivamente. Los investigadores más afines al trabajo con herramientas informáticas, por su parte, no refirieron a cualidades específicas requeridas para desarrollar el trabajo informático, diferentes a las de otros tipos de investigadores en ciencias biológicas o naturales. Al contrario, en este contexto es común que los bioinformáticos ya formados cuenten con una formación en grandes universidades (por oposición a las nuevas universidades profesionalistas, más pequeñas: Mollis, 2001), lo que les brindaría un *background* cognitivo de ciencias básicas y matemáticas que podrían extrapolar luego a sus intereses por la bionformática.⁶ Así, desde el caso Chagas, se pone de manifiesto, una vez más, la menor distancia entre ambas mesadas comparado con aquella reseñada en el contexto de los países centrales.

45

Algunos testimonios, sin embargo, manifestaron diferencias entre los científicos “puros” y aquellos que están más ligados a las herramientas y los enfoques informáticos, especialmente en relación al tipo de saberes y a las capacidades para abordar problemas de cada uno. Esta diferencia es significativa debido a que fue puesta de manifiesto solamente por parte investigadores senior del caso Chagas, quienes, a diferencia del resto, no explicaban el contraste entre unos y otros en términos de afinidad con las herramientas, sino a partir de una mayor jerarquía cognitiva sobre la investigación a favor de los científicos “puros”:

“—Pareciera ser en su relato que ahí no hay ningún conocimiento que usted no tuviera [en relación a la bioinformática]. Cuando hacías todo con las manos es más una cuestión de técnica, de velocidad... la experticia, el conocimiento necesario es el mismo pero las cosas son más rápidas, más eficientes...”

—Exacto (JC, inv. CONICET retirado).

—Entonces ahí no habría un nuevo conocimiento que incorporar, sino que es simplemente una cuestión de más eficiencia.

6. Se refiere a las universidades con carreras orientadas a objetivos profesionales, como aquellas que proliferaron en la década del 90 y que permitieron el auge de carreras como biotecnología. Las carreras en este tipo de universidades, además, hicieron posible la inserción en la investigación sin aportar, muchas veces, el mismo *background* cognitivo que las carreras tradicionales de las universidades grandes.

—No. El nuevo conocimiento a incorporar es aprender a manejar las máquinas de los programas, eso es lo que uno realmente tiene que incorporar (JC).”

Resulta curioso, además, el hecho de que los investigadores senior no mencionaron el PGTc como un elemento relevante de la investigación sobre Chagas, incluso cuando uno de ellos participó de diversas coautorías en las que se publicaban sus resultados. Adicionalmente, los informáticos no aparecen como figuras centrales en los proyectos en términos gerenciales. Esto se puede entender debido a la orientación temática del caso de análisis, que es fuertemente biológica, pero también a la baja institucionalización que tiene la bioinformática en el país. De nuevo, es la incipiente institucionalización uno de los factores contextuales a través de los cuales esta situación se puede hacer extensible a todos los campos de la biología y no solamente al caso Chagas:

“Es muy difícil, todavía hoy hay muchos problemas con eso [...] Yo soy biólogo, pienso como biólogo, mis proyectos los escribo para que los entienda un biólogo, mis informes los escribo de esa manera [...] cuando yo escribo el informe o presento lo que yo hice, yo hice biología [...] Entonces desde ese punto de vista yo no tengo ningún problema. Pero sí es cierto que es un problema muy grande porque hay cantidad de gente... Nosotros además en el 2009 fundamos con otra gente de la asociación argentina de bioinformática... y ahí dentro de ese grupo de gente hay más gente que hace bioinformática pura. Por ejemplo, gente que no son biólogos, que no hacen experimentos, pero que desarrollan métodos y algoritmos. Entonces esa gente trabaja con bases de datos online, consiguen los datos, y desarrollan métodos y perfeccionan métodos de análisis. Y ahí hay un problema... no es la misma percepción de la importancia de eso en el exterior que acá. Y acá en CONICET no hay una comisión específica para eso y dependiendo a qué comisión vas o caés por los subsidios, no los valoran... eso sí es un problema para mucha gente” (AF, investigador independiente CONICET).

Confrontando la respuesta de los investigadores senior (quienes jerarquizaban cognitivamente a los biólogos puros por sobre los bioinformáticos) con el testimonio provisto por un actor clave en el desarrollo y la institucionalización de la bioinformática en la Argentina, la discrepancia fue solamente parcial:

“Sí y no. Dada la inexistencia de graduados con títulos de bioinformáticos [...] hasta fines del 2011 te diría que todo aquel al que se lo llamaba bioinformático, era en realidad un biólogo, un bioquímico, un físico, un matemático, un ingeniero, que su afinidad y su conocimiento por lo computacional en forma genérica, lo volcaba a la resolución de índole biológica o el análisis de datos biológicos. Con lo cual ahí era difícil decir que existiera el bioinformático... o prácticamente no había gente que

exclusivamente trabajara en bioinformática por fuera de su título de origen o su verdadero origen de formación... Entonces en ese sentido es que más o menos coincido con lo que pueden haber dicho estas personas. Pero la proyección no es esa a futuro [...] cuando exista un bioinformático, le voy a preguntar a estas dos personas si siguen pensando lo mismo. Hoy día, aquella persona que se subsumió por su afinidad con las máquinas a estar tecleando todo el día, coincido con esas personas que tiene un fin solo técnico” (GD, investigador Universidad Nacional de Quilmes).

4.1.3. Instituciones

Con respecto a las instituciones, señalamos anteriormente la menor formalidad con la que los investigadores adquieren los conocimientos informáticos. Esto puede llegar a ser todavía más marcado en bioinformática: la mayor parte de los investigadores en Argentina son especialistas provenientes de las ciencias naturales y cuentan con algún tipo de formación adicional en herramientas y análisis bioinformático. Al igual que el resto de los investigadores, el origen de sus conocimientos específicos es variable: incluye cursos con alto grado de formalización, talleres y capacitaciones, y en mayor medida, el aprendizaje por cuenta propia.

El contexto institucional académico puede explicar, al menos en parte, la menor formalidad académica y diferenciación disciplinar de la bioinformática: apareció por primera vez como materia optativa en la licenciatura en biotecnología de la Universidad Nacional de Quilmes, en 1999. En la década siguiente adquirió el carácter de curso obligatorio. Más tarde, aumentó su carga horaria y pasó a incorporarse también como curso de posgrado. La universidad se encuentra con el plan de estudios para la licenciatura en bioinformática aprobado, pero hasta el momento (2014) la carrera no ha abierto. Por su parte, la Universidad Nacional de Entre Ríos cuenta con la misma carrera desde 2006 y produjo la primera graduada en bioinformática de Argentina en 2011. La carrera también existe en la Universidad Argentina de la Empresa. Al mismo tiempo, ante el contexto descrito, la Asociación Argentina de Bioinformática y Biología Computacional (A2B2C) fue creada en 2009 como una asociación civil destinada a promover el desarrollo de la disciplina.

47

4.1.4. Escala

En la sección anterior reseñamos algunos antecedentes teóricos acerca de los cambios de escala a los que es sometida la investigación con la incorporación de herramientas informáticas. Si bien el Proyecto Genoma Humano representa el ejemplo típico, la investigación sobre Chagas no ha dejado de experimentar modificaciones similares.

En efecto, los investigadores que entrevistamos reconocen este salto: la automatización de los procesos, el cálculo y la predicción con computadoras de gran capacidad, las herramientas de visualización y la disponibilidad de bases de datos reducen significativamente los recursos consumidos por tareas rutinarias de laboratorio. Este salto excede lo puramente cuantitativo: Lenoir (1999) sugiere que con la disponibilidad casi total e inmediata de información, las investigaciones adquieren nuevos puntos de partida “teóricos”. En la investigación sobre Chagas,

todos los investigadores entrevistados manifestaron que tal salto de escala hace factible la concepción de nuevos problemas y abordajes. Discutiblemente, Levin (1999) plantea que con la concreción del PGTc emergen potenciales de aplicación novedosos que se vuelven posibles gracias a la disponibilidad del genoma completo como insumo de investigación. La constitución de la base de datos TDR targets, coordinada por el TDR y cuatro universidades de Estados Unidos, Gran Bretaña y Australia, además de la UNSAM, es actualmente una de las empresas de mayor escala en las que derivó el PGTc.

4.1.5. Organización

Tomar al grupo de investigación como la unidad de producción de conocimiento representa una demarcación arbitraria, dictada por necesidades operativas en la investigación. Diferentes corrientes teóricas asociadas a los estudios de laboratorio y a los enfoques constructivistas, entre otras, han relativizado esta delimitación (Knorr-Cetina, 1996; Knorr-Cetina, 2005; Latour y Woolgar, 1979; Latour, 1987), proponiendo distintos vínculos a través de los cuales se extiende la construcción del conocimiento y que incluso menoscaban el concepto clásico de disciplina científica. En los casos de análisis que tomamos aparecen, fundamentalmente, tres tipos de actores (vinculados específicamente con tecnologías informáticas) con los que se relaciona el equipo de trabajo:

Primero, instituciones dedicadas al secuenciamiento: en el caso de Chagas -aunque no de manera exclusiva-, todos los entrevistados manifestaron solicitar servicios de secuenciamiento a una empresa coreana:

“Hay gente que manda sus secuencias afuera, para que se las secuencien... que también son precios muy accesibles, incluso quizás más económicos de lo que se puede hacer acá dentro del instituto (risas)...” (CA).

Segundo, instituciones dedicadas a la provisión de insumos de laboratorio: se trata de insumos de laboratorio de cierta complejidad y especificidad. Éstos suelen encargarse a laboratorios o empresas extranjeras, aun si el laboratorio local cuenta con capacidad para producirlas:

“Eso se hace normalmente. Principalmente se hace con los oligonucleótidos o primers... Eso lo usa todo el mundo... creo que no hay nadie acá en Argentina que los haga, pero si los hicieran, quizás no podrían competir con los precios de la gente que los hacen afuera. Principalmente porque son empresas que se dedican exclusivamente a esas cosas. Entonces tienen mucho equipamiento para hacer esas cosas y también tienen mucha demanda, y también mucha oferta, entonces pueden bajar muchos los costos” (CA).

“[C]uando necesitás sintetizar primers, oligos, secuencias cortas de ADN, las mandás a sintetizar afuera, las comprás... Comprás el

servicio. A veces en vez de producir vos una proteína te conviene comprarla hecha. Sale carísimo, pero evaluás el tiempo que te llevar el desarrollarla y las posibilidades de éxito contra comprarla hecha, que te conviene más, también la encargás” (TV).

Tercero, grupos de bioinformática: lo más frecuente es que se adquieran como productos y servicios de terceros. Las colaboraciones aparecen más frecuentemente, en cambio, cuando se trata de servicios y desarrollos bioinformáticos: procesamiento de datos, desarrollo de algoritmos y líneas de programación. Se recurre entonces a otros grupos del laboratorio (o a otros laboratorios especializados en bioinformática de la misma institución), así como a instituciones externas. Esta relación asume la forma de colaboración científica (coautoría). Hay otra forma de colaboración, que consiste en la provisión de infraestructura computacional, y que se ofrece de manera gratuita.

4.2. Identificación de personas víctimas del terrorismo de Estado

4.2.1. Tipos de conocimiento

En el caso de la IDPTE la valoración de las dos dimensiones de la división del trabajo señaladas, mesada y oficina, y mesada “seca” y “húmeda”, es diferente al caso anterior. Debido a que en Chagas la potestad sobre el planteo de los problemas científicos se mantiene en la figura del biólogo (o de los investigadores con perfil más tradicionalmente biológico), el bioinformático es a veces percibido como un “auxiliar” y no como un par. En cambio, esta percepción es muy diferente en la IDPTE. El reconocimiento que se otorga a su trabajo y de su conocimiento en el proceso identificatorio posiciona al bioinformático en un lugar de paridad, a pesar de que los antropólogos son quienes conservan el control sobre la toma de decisiones. Esta situación se sustenta en gran medida en la distancia de conocimientos entre ambos perfiles.

49

“Lo que pasa es que todo el proceso se volvió muy de máquina. Hoy sin la computadora no podés hacer nada y todos acá reconocen eso. También se dan cuenta de la potencia de la máquina y la seguridad que otorga” (ING).

Hemos podido constatar también valoraciones positivas respecto de la conversión de científicos del área biológica hacia temas bioinformáticos, aunque no tanto para con el proceso inverso: es decir, informáticos que pasan a trabajar en la investigación biológica.⁷

“Acá hay, o hubo gente más informática pura. En realidad creo que eran antropólogos que nunca ejercieron, o que no se recibieron...no sé, lo que importa es que se dedicaban a programas. Pero no sobre material biológico, diseñaban sistemitas de archivo y esas cosas” (AZ).

“En mi caso, que domino la bioinformática, es muy diferente. Yo creo que he realizado cosas importantes para el trabajo del grupo y recurren a mí permanentemente. Además me gusta mucho programar, le dedico mucho tiempo” (AZ).

4.2.2. Escala

En el caso de IDPTE, la posibilidad de contar con información digital y poder analizarla de manera automática permitiría encontrar relaciones difíciles –o imposibles– de establecer de otro modo, aumentando la posibilidad de vincular los datos que manejan los antropólogos forenses. Lo que se juega es el éxito del proceso identificatorio. Desde las comparaciones de secuencias de ADN hasta las correlaciones establecidas entre los datos de desaparición y de entierros, la búsqueda de una identidad se ha vuelto un proceso más eficiente. Como consecuencia de ello, fue posible plantear la ILPIP. Es necesario enfatizar el hecho que, sin la incorporación de las técnicas bioinformáticas, el EAAF no podría haberse planteado tal iniciativa. Este objetivo, como problema de investigación, sólo pudo existir gracias a esas técnicas y no estaba en los objetivos de trabajo del equipo en periodos anteriores:

“Nuestro trabajo con los Equipos de Chile y Guatemala nos mostró que había una problemática compartida y además, el almacenamiento de información crecía” (JP).

50

“En mi caso, que domino la bioinformática, es muy diferente. Yo creo que he realizado cosas importantes para el trabajo del grupo y recurren a mí permanentemente. Además me gusta mucho programar, le dedico mucho tiempo” (AZ).

Esto se manifiesta como una diferencia con la investigación en Chagas, puesto que los biólogos moleculares si tenían ambiciones de escalar su trabajo, y no podían hacerlo por la falta de técnicas:

“Llegó un punto en que nos resultó obvio que podíamos hacerlo, pero visto retrospectivamente, jamás pensamos en algo así” (AZ).

Algo similar ocurre con los problemas de investigación. Al principio, los antropólogos se planteaban “identificar” los restos esqueletizados partiendo de los datos que mencionamos en la descripción del caso. Con el advenimiento de las tecnologías informáticas fue posible repensar el problema y dar vuelta la situación. Ahora la información genética recuperada de los fallecidos sirve de comparación; el input informativo viene de apelar a los familiares que son convocados por campañas públicas para donar sangre, almacenada en un banco especializado.

7. La obtención de datos sobre investigadores titulados en bioinformática (como carrera de grado) se dificulta debido a la ya aludida baja institucionalización de la especialidad en la Argentina.

“Cuando Snow vino a la Argentina nos enseñó el valor de los huesos. Como proceder con las inhumaciones. Pero también aprendimos el valor de la información. De los registros de cementerios y todo eso. Cuando la información se digitalizó, empezamos a buscar allí, para luego ir a los huesos” (AG).

4.2.3. *Espacios de trabajo*

En el EAAF esta diferencia es más marcada, puesto que la especialización en bioinformática ha sido realizada por pocos integrantes del grupo y que asisten al resto en este aspecto. Por otro lado, el “trabajo de campo” (en parte homologable a la mesada húmeda) es realizado exclusivamente por los antropólogos. El grupo maneja, además, otro tipo de archivos digitales (policiales y datos personales): este manejo es compartido por distintos miembros del equipo y no está tan estructurado como en el caso los datos genéticos. La variable estructurante en este caso, a diferencia del caso Chagas, se relaciona con la formación en temas informáticos, sea ésta formal o informal.

Estas observaciones discuten nuevamente con trabajos previos (Jordan y Lynch, 1998; Penders, Horstman y Vos, 2008): al contrario de la separación entre los estilos de trabajos y los tipos de mesadas propuesta por estos autores –y de un modo similar a lo que sucede en el caso de Chagas–, existe un ida y vuelta entre ellas. Esto es producto de las formaciones híbridas de los bioinformáticos, así como de la necesidad de los biólogos y antropólogos de entender las herramientas de los primeros. Naturalmente, la baja profesionalización de la actividad también incide en este proceso.

51

La división entre investigación y gestión –es decir, entre mesadas y oficinas– aparece ordenada nuevamente en torno a la variable formación: son los antropólogos los que estructuran y manejan las relaciones del grupo y, por lo tanto, quienes realizan la mayor parte del trabajo administrativo. Los bioinformáticos, en cambio, poseen una historia reciente en el grupo y sus capacidades de intervenir resultan menores.

4.2.4. *Organización*

Respecto de otros actores que se relacionan con la producción de conocimientos encontramos también: a) instituciones dedicadas al secuenciamiento: en la actualidad, el EAAF ha desarrollado su propia institución de secuenciación independizándose de laboratorios externos; b) instituciones dedicadas a la provisión de insumos de laboratorio: al igual que el caso anterior, se trata de insumos de laboratorio de cierta complejidad y especificidad que suelen encargarse a laboratorios o empresas extranjeras, aun si el laboratorio local cuenta con la capacidad para producirlas; y c) grupos de bioinformática: en este caso, a diferencia de lo que ocurre en Chagas, hay una tendencia a independizarse para evitar la dispersión de datos, a la vez que fomenta el control sobre cada una de las etapas del proceso de identificación.

4.2.5. *Instituciones*

La dimensión institucional es algo más significativa en la IDPTE. Existen cuatro creaciones institucionales relevantes:

1. El Banco Nacional de Datos Genéticos es un organismo autónomo y autárquico que funciona en el Servicio de Inmunología del Hospital Durand y dentro de la órbita del Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación Productiva. Fue creado en 1987 para garantizar la obtención, el almacenamiento y el análisis de la información genética necesaria para el esclarecimiento de delitos de lesa humanidad.
2. El Banco de Sangre de Familiares es una iniciativa del EAAF, que se realiza en coordinación con la Secretaría de Derechos Humanos de la Nación y el Ministerio de Salud.
3. El Laboratorio de análisis genéticos de Córdoba.
4. Considerando la problemática común en la región, la ILPIP incluye tres proyectos de equipos forenses latinoamericanos: el EAAF, la Fundación de Antropología Forense de Guatemala y el Equipo Peruano de Antropología Forense.

Conclusiones

En este trabajo encontramos transformaciones en el orden de los problemas de investigación, de las prácticas y la organización científica, y de los actores e instituciones involucrados, transformaciones que discuten parcialmente con lo descrito en la bibliografía internacional en relación al uso de tecnologías digitales y de herramientas bioinformáticas.

Los dos casos analizados poseen similitudes y diferencias entre sí. La similitud entre ambos casos reside sobre todo en la magnitud de los cambios en los problemas de investigación, que se expresa primero en la posibilidad de efectuar experimentos de escala significativamente mayor. Junto con ello, sobreviene la posibilidad de realizar planteos cualitativamente novedosos, con puntos de partida cuya dimensión o falta de datos los hacía antes difícilmente concebibles. En el caso de la IDPTE es aún más patente este aspecto, pues permitió estructurar iniciativas de reconocimiento de personas de gran escala, así como procesos inversos de reconocimiento que parten del ADN de familiares y no de restos óseos. En este sentido, la enfermedad de Chagas en la biología molecular es significativa como caso de estudio debido a que cuenta desde 2005 con el genoma secuenciado del organismo causante de la enfermedad. También encontramos formas de movilidad entre los diferentes tipos de mesada, así como entre éstas y la oficina, que no ha sido previamente caracterizada en la literatura. Este tipo de circulación se debe en parte a las características de los objetos que se manipulan en ambos espacios. Las porciones de información biológica (genes, genomas, cromosomas) funcionan como “objetos frontera” (Star y Griesemer, 1989) que permiten la colaboración y el intercambio de información entre los diferentes perfiles profesionales al mismo tiempo que los habilitan para generar zonas de intercambio (*moist zones*) que muchas veces transita la misma persona (Penders, Horstman y Vos, 2008). Pero también se debe en gran medida a las características de la formación disciplinar y del grado de institucionalización de la bioinformática en la Argentina.

Las principales diferencias entre un caso y otro residen en el plano de la organización y de las prácticas científicas. En primer lugar, el EAAF produce conocimiento de aplicación muy concreta -la identificación de personas

desaparecidas-, mientras que la investigación sobre Chagas permanece en mayor medida en la fase de investigación básica. Las implicancias políticas y legales del primero -junto con su cultura epistémica particular- requieren que la inscripción y la movilización del material biológico se realice en un marco de minimización de riesgos: certificaciones de calidad, trazabilidad, y seguridad de la información digitalizada. Esto no ocurre en el caso del Chagas, en donde se subcontrata la producción de insumos y los servicios de rutina en función de una economía de recursos. El control sobre el acceso a la información (digitalizada o no) también es insignificante en relación al caso de Identificación de personas. En segundo lugar, las jerarquías de investigación y la valoración del trabajo bioinformático se estructuran de manera diferente: en la investigación sobre Chagas, algunos biólogos y bioquímicos más “tradicionales” se jerarquizan frente al bioinformático, a quien conciben como un auxiliar sin plena injerencia sobre el problema de investigación -o al menos, frente a aquellos con perfil biológico más “tradicional”. Aunque merece ser comparado con otras áreas de investigación, esto puede ser particularmente llamativo del caso Chagas: a pesar de la relevancia y el reconocimiento internacional de las herramientas genómicas y el reconocimiento de actores pertenecientes al mainstream científico internacional, los investigadores siguen encontrando en el ámbito nacional dificultades para obtener a través de la bioinformática el mismo respaldo material y simbólico que obtienen a través de la biología. Lo mismo no ocurre en la IDPTE, donde existe mayor paridad. Así, en el plano institucional, la informatización de la investigación biológica sobre Chagas no parece haber incidido más allá del capítulo argentino del PGTc y las bases de TDR targets. Los laboratorios o grupos de bioinformática dedicados al *T. cruzi* no muestran consolidación institucional previa, sino que su constitución es en alguna medida ad hoc y en función del planteo de problemas y líneas de investigación.

53

La incipiente institucionalización académica de la bioinformática en la Argentina, en donde pocas instituciones académicas ofrecen titulación en el nivel superior, puede explicar lo anterior, así como la menor participación relativa de instituciones acreditadas y carreras formalizadas para la adquisición de estos conocimientos. Sin embargo, lo mismo puede explicarse también en función de algunas características materiales y culturales vinculadas con la producción de *software* en general (y de *software* libre en particular), como por ejemplo la valoración del aprendizaje por cuenta propia, los intercambios informales y la disposición libre del conocimiento (Chow-White y García-Sancho, 2012; Dughera, Segura, Yansen y Zukerfeld, 2012). Naturalmente, esto ha de exceder al caso Chagas y merece extender la indagación hacia otras áreas, tal vez menos “centrales” dentro del campo de la biología molecular, pero que incorporen en distinta medida herramientas bioinformáticas.

No obstante, lo que ocurre en IDPTE -donde hubo una cierta proliferación de arreglos institucionales dedicados sobre todo al almacenamiento de información biológica- complejiza las nociones anteriores, puesto que ni la incipiente institucionalización de la formación profesional ni las mencionadas características culturales impidieron que estas instituciones surgieran. Aquí yace otra de las diferencias entre los casos: mientras Chagas utiliza sobre todo los recursos internacionales ofrecidos a través de canales comerciales y académicos, la IDPTE busca autonomizarse en materia de recursos y métodos.

A pesar de verificarse un alto grado de automatización e industrialización en ciertos procesos de la investigación, la experticia práctica y la manipulación manual sigue siendo un componente altamente valorado, y que no todos los grupos o instituciones están en condiciones de llevar a cabo con estándares suficientes de calidad o eficiencia. El avance de la informatización de la producción científica en la biología molecular, entonces, no desplaza al laboratorio “húmedo” -como proyectaba Lenoir (1999 y 2000)-, sino que la “mano” y la experimentación *in vitro* siguen representando un problema fundamental a partir del cual se valora la actividad científica, se define la calidad de la investigación, y se logra la integración o no a diversos procesos de producción de conocimiento. Lo mismo ocurre, en relación a lo anterior, con la posibilidad de ofrecer estándares de calidad, certificación y trazabilidad de los productos y procesos. Estas variables merecen, al menos, complejizar el esquema de división internacional del trabajo científico propuesto por Kreimer (2006) a partir de la dinámica de “integración subordinada” de los grupos locales en relación al *mainstream* internacional, la cual asume la delegación de tareas altamente rutinarias, si bien especializadas, a los grupos científicos de países periféricos.

54

La lectura de Buta y Sued (2010) coincide parcialmente con lo anterior, pero su análisis termina conduciendo las conclusiones por un camino diferente. En efecto, las autoras también constatan una división del trabajo en función de la categoría del investigador: el director generalmente asume funciones de management en la investigación, mientras los investigadores de menor jerarquía llevan a cabo la manipulación del objeto en mesada. Esta diferencia está planteada como sucesivos puntos de paso obligados para la reproducción material del laboratorio, basada no tanto en los investigadores en sí sino en los distintos tipos de acoples hombre-máquina. Aquí, además de estar ausente la perspectiva del actor, naturalmente no intervienen variables institucionales, contextuales o situacionales, y los intercambios se reducen a trastrocamiento de capital material y simbólico. En otro orden, Buta y Sued discuten la noción de las TIC como mero instrumento democratizador del conocimiento. Según éstas, las TIC decrecen en costos relativos y ofrecen interfaces más simples e intuitivas, lo cual facilita su apropiación y accesibilidad; además, las revistas del campo obligan a someter los datos obtenidos a bases de datos de acceso público como condición para su publicación, colaborando con el acceso libre al conocimiento. Aun así, subsisten asimetrías significativas debido a los costos más elevados del instrumental de laboratorio, el cual tiende a permanecer concentrado. Por lo demás, el financiamiento de los laboratorios de los países centrales no hace más, en última instancia, que reproducir las condiciones de sus propios laboratorios en la periferia (y no en la dirección contraria): “La incorporación de TIC no reduce la asimetría entre centros locales e internacionales, pero la configura redistribuyendo las tareas inherentes a cada equipo de modo de integrarlas a un proceso de producción global.” (Buta y Sued, 2010: 200).

No obstante, la lectura de las TIC como puntos de paso obligatorio para la reproducción material del laboratorio parece propiciar una sobreinterpretación de los hallazgos empíricos al servicio del esquema teórico escogido (teoría del actor-red): los laboratorios necesitan mantener estándares de calidad altos, para lo cual necesitan de la colaboración internacional con los centros de la producción científica,

para lo cual necesitan TIC, para lo cual necesitan fondos, para lo cual necesitan producción de calidad, para lo cual necesitan TIC, y así sucesivamente. Este razonamiento circular no explica la especificidades del contexto local y su posición subordinada en relación a los centros (excepto en términos de costos de acceso), sino que las asume como parte de un esquema asimétrico a priori.

Con relación a lo descripto en la literatura internacional, por último, entendemos que la baja profesionalización e institucionalización de la bioinformática promovería relaciones y modos de trabajo diferentes en ambos tipos de mesada. Al respecto, Penders, Horstman y Vos (2008) sugieren que esta división del trabajo conlleva un tipo de colaboración, pero también una mayor especialización de cada una. No es lo que observamos en nuestros dos casos. Por el contrario, no parece haber un proceso de especialización que lleve a los biólogos a ser “más húmedos” y a los informáticos a ser “más secos”. Naturalmente, como vimos, existen cooperación y “cruces” entre ambos perfiles, pero no resulta evidente que los primeros se vuelvan más moleculares sino que por el contrario, los biólogos incorporan las herramientas bioinformáticas mientras que los bioinformáticos siguen manteniendo participaciones en mesada húmeda. Las iniciativas académicas institucionales locales, todavía emergentes, apuntan en esta etapa a la formación de bioinformáticos en ambos tipos de mesada.

Bibliografía

55

ABIR-AM, P. (1992): “From Multidisciplinary Collaboration to Transnational Objectivity: International Space as Constitutive of Molecular Biology, 1930-1970”, en S. Crawford, T. Shinn, y S. Sörlin (eds.): *The Contexts of International Scientific Practice. Sociology of the Sciences Yearbook*. Sociology of the Sciences Yearbook.

BERNERS-LEE, T. y HENDLER, J. (2001): “Scientific publishing on the semantic web”, *Nature*, n° 410, pp. 1023–1024, doi: 10.1038/35074206.

BUTA, J. y SUED, G. (2010): “El papel de las tecnologías de información y comunicación en la producción de la ciencia: estudios de caso en el campo bioquímico”, en Carlos Prego y Oscar Vallejos (comps.): *La Construcción de la Ciencia Académica*, Buenos Aires, Biblos.

CAFASSI, E. (1998): “Bits, moléculas y mercancías (breves anotaciones sobre los cambios en el submundo de las mercancías digitalizadas)”, en S. Finquelevich y E. Schiavo (eds.): *La ciudad y sus TICs: tecnologías de la información y comunicación*, Buenos Aires, Universidad Nacional de Quilmes.

CASTELLS, M. (2006): *La Era de la Información*, Mexico DF, Siglo XXI.

CHOW-WHITE, P. A. y GARCIA-SANCHO, M. (2012): “Bidirectional Shaping and Spaces of Convergence: Interactions between Biology and Computing from the First

DNA Sequencers to Global Genome Databases”, *Science Technology & Human Values*, vol. 37, n° 1, pp. 124–164, doi: 10.1177/0162243910397969.

COHEN SALAMA, M. (1992): *Tumbas Anónimas*, Buenos Aires, Catálogos.

COLE, S. A. (2013): “Forensic culture as epistemic culture: The sociology of forensic science”, *Studies in History and Philosophy of Science Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, vol. 44, n° 1, pp. 36–46.

CONADEP (1984): *Nunca Más*, Buenos Aires, Eudeba.

DE CHADAREVIAN, S. y KAMMINGA, H. (1998): *Molecularizing Biology and Medicine*, Amsterdam, Harwood Academic.

DUGHERA, L., SEGURA, A., YANSEN, G. y ZUKERFELD, M. (2012): “Las técnicas de los trabajadores informáticos. El rol de los aprendizajes formales, no formales e informales en la producción de *software*” en L. Dughera, G. Yansen, y M. Zukerfeld (eds.): *Gente con códigos: la heterogeneidad en los procesos productivos de software*. Buenos Aires: Universidad Maimónides.

EAAF (1991): *Annual Report*, Equipo Argentino de Antropología Forense.

EAAF (1992): *Annual Report*, Equipo Argentino de Antropología Forense.

EAAF (1993): *Annual Report*, Equipo Argentino de Antropología Forense.

EAAF (1994): *Annual Report*, Equipo Argentino de Antropología Forense.

EAAF (1995): *Annual Report*, Equipo Argentino de Antropología Forense.

EAAF (1998): *Annual Report*, Equipo Argentino de Antropología Forense.

EAAF (1999): *Annual Report*, Equipo Argentino de Antropología Forense.

EAAF (2000): *Annual Report*, Equipo Argentino de Antropología Forense.

EAAF (2001): *Annual Report*, Equipo Argentino de Antropología Forense.

EAAF (2002): *Annual Report*, Equipo Argentino de Antropología Forense.

EAAF (2003): *Annual Report*, Equipo Argentino de Antropología Forense.

EAAF (2005): *Annual Report*, Equipo Argentino de Antropología Forense.

EAAF-WITNESS (2002): *Tras los Pasos de Antígona*.

FOX KELLER, E. (2002): *El siglo del gen. Cien años de pensamiento genético*, Barcelona, Península.

FOX KELLER, E. (2003): *Making sense of life: explaining biological development with models, metaphors, and machines*, Cambridge, Massachusetts, Harvard University Press.

GARCÍA-SANCHO, M. (2011): "From Metaphor to Practices: the Introduction of Information Engineers into the First DNA Sequence Database", *History and Philosophy of the Life Sciences*, vol. 33, n° 1, pp. 71–104. Disponible en: <http://search.ebscohost.com/login.aspx?direct=true&db=fcsy&AN=24321749&lang=frysi&te=eds-live>.

HILGARTNER, S. (1995): "The Human Genome Project", en S. Jasanoff, G. Markle, J. Peterson, y T. Pinch (eds.): *Handbook of Science and Technology Studies*, Sage, pp. 302–315.

HILGARTNER, S. (1997). "Access to Data and Intellectual Property: Scientific Exchange in Genome Research", *Intellectual Property Rights and Research Tools in Molecular Biology: Summary of a Workshop Held at the National Academy of Sciences*, pp. 28–40.

HILGARTNER, S. (2004): "Making maps and making social order. Governing American genome centers, 1998-93", en J. P. Gaudilliere y H. J. Rheinberger (eds.): *From Molecular Genetics to Genomics: The mapping cultures of twentieth century genetics*, vol. 2, Londres, Routledge, pp. 113–128.

JORDAN, K. y LYNCH, M. (1998): "The dissemination, standardization and routinization of a molecular biological technique", *Social Studies of Science*, vol. 28, n° 5-6, pp. 773–800, doi: 10.1177/030631298028005005.

KAUFMANN, A. (2004): "Mapping the human genome at Genethon laboratory - The French Muscular Dystrophy Association and the politics of the gene", en J. P. Gaudilliere y H. J. Rheinberger (eds.): *From Molecular Genetics to Genomics: The mapping cultures of twentieth century genetics*, vol. 2, Londres, Routledge, pp. 129–157.

KNORR-CETINA, K. (1996): "¿Comunidades científicas o arenas transepistémicas de investigación? Una crítica de los modelos cuasi-económicos de la ciencia", *REDES*, vol. 3, n° 7, pp. 129–160.

KNORR-CETINA, K. (2005): *La fabricación del conocimiento. Ciencia, Tecnología y Sociedad*, Bernal, Universidad Nacional de Quilmes.

KREIMER P. (2006): "¿Dependientes o integrados? La ciencia latinoamericana y la nueva división del trabajo", *Nómaditas*, vol. 24, pp. 199–212.

KREIMER, P. (2010): *Ciencia y Periferia. Nacimiento, Muerte y Resurrección de la Biología Molecular en Argentina*, Buenos Aires, Eudeba.

KREIMER, P. (2011): "Desarmando Ficciones. Problemas sociales-problemas de conocimiento en América Latina", en A. Arellano y P. Kreimer (eds.): *Estudio social de la ciencia y la tecnología desde América Latina*. Bogotá, Siglo del Hombre.

KREIMER, P. y LEVIN, L. (2011): "Mapping trends and patterns in SyT cooperation between the European Union (EU) and the Latin American Countries (LAC) based on FP6 and FP7 projects", en J. F. Gaillard (ed.): *Connecting Socio-Economic Research on the Dynamics of the Knowledge Society in the European Union and Latin American and Caribbean Countries*, European Commission.

KREIMER, P., LEVIN, L. y JENSEN, P. (2010): "Popularization by Argentine researchers: the activities and motivations of CONICET scientists", *Public Understanding of Science*, vol. 20, n° 1, pp. 37–47, doi: 10.1177/0963662510383924.

KREIMER, P. y ZABALA, J. P. (2006): "¿Qué conocimiento y para quién? Problemas sociales, producción y uso social de conocimientos científicos sobre la enfermedad de Chagas en Argentina", *Redes*, vol. 12, n° 23, pp. 49–78.

LATOUR, B. (1987): *Science in Action: How to Follow Scientists and Engineers through Society*, Cambridge, Harvard University Press.

LATOUR, B. y WOOLGAR, S. (1979): *Laboratory Life. The Social Construction of Scientific Facts*, Beverly Hills, Sage.

58

LEFÈVRE, W. (2005): "Science as Labor", *Perspectives on Science*, vol. 13, n° 2, pp. 194–225, doi: 10.1162/106361405774270539.

LENOIR, T. (1999): *Shaping biomedicine as an information science. ... on the History and Heritage of Science Information*. Disponible en: <http://webdoc.sub.gwdg.de/ebook/a/2001/asisbook.pdf#page=39>.

LENOIR, T. (2000): "Science and the Academy of the 21st Century: Does Their Past Have a Future in an Age Computer-Mediated Networks?", en W. Voßkamp (ed.): *Ideale Akademie: Vergangene Zukunft oder konkrete Utopie?*, Berlin, Akademie Verlag, pp. 113–129.

LEVIN, M. J. (1999): "Contribucion del proyecto genoma de Trypanosoma Cruzi a la comprension de la patogénesis de la cardiomiopatía chagásica crónica", *Medicina*, vol. 59, n° 2, pp. 18–24.

MINISTERIO DE SALUD (2013): *El Chagas en el país y en América Latina*. Disponible en: <http://www.msal.gov.ar/chagas/index.php/informacion-para-ciudadanos/el-chagas-en-el-pais-y-america-latina>.

MOLLIS, M. (2001): *La universidad argentina en tránsito*, Buenos Aires, Paidós.

NEGRI, A. y HARDT, M. (2005): *La posmodernización o la informatización de la producción*, Barcelona, Paidós.

NENTWICH, M. y KÖNIG, R. (2012): *Cyberscience 2.0: Research in the Age of Digital Social Networks*, C. Verlag Ed.

OMS (2012): "La enfermedad de Chagas (tripanosomiasis americana)", *Nota descriptiva*, n° 340. Disponible en: <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs340/es/>.

PARAVEL, V. y ROSENTAL, C. (2003): "Les réseaux, des objets relationnels non identifiés?: Le cas de la communication électronique dans la recherche", *Réseaux*, vol. 118, pp. 237–270.

PENCHAZSADEH, V. (1995): "Pruebas Genéticas de Filiación. Aspectos técnicos metodológicos", *Seminario Internacional Filiación, Identidad, Restitución*, Buenos Aires, El Bloque Editorial.

PENDERS, B., HORSTMAN, K. y VOS, R. (2008): "Walking the line between lab and computation: The "Moist" zone", *Bioscience*, vol. 58, n° 8, pp. 747–755, doi: 10.1641/B580811.

PERRONE, I. (1998): "Internet y las publicaciones científicas", en E. Cafassi (ed.): *Internet: políticas y comunicación*, Buenos Aires, Biblos.

RAFOLS, I. y LEYDESDORFF, L. (2010): "Science Overlay Maps: A New Tool for Research Policy and Library Management", *Journal Of the American Society of Inform Sci Tech*, vol. 61, n° 9, pp. 1871–1887.

59

RIFKIN, J. (2000): *La era del acceso: la revolución de la nueva economía*, Buenos Aires, Paidós.

RODRIGUEZ, J. (2007): *Edición 2.0. Los futuros del libro*, Barcelona, Melusina, p. 255.

SHINN, T. (2007): "Jerarquías de investigadores y formas de investigación", *Redes*, vol. 12, n° 25, pp. 119–163.

STAR, S. L. y GRIESEMER, J. R. (1989): "Institutional Ecology, 'Translations' and Boundary Objects: Amateurs and Professionals in Berkeley's Museum of Vertebrate Zoology, 1907-39", *Social Studies of Science*, vol. 19, n° 3, pp. 387–420, doi: 10.1177/030631289019003001.

STENT, G. (1968): "That was the molecular biology that was", *Science*, vol. 160, n° 3826, pp. 390–395. Disponible en: http://www.leeds.ac.uk/heritage/Astbury/bibliography/Stent_1968.pdf.

ZUKERFELD, M. (2010): *Conocimiento y Capitalismo: Materialismo Cognitivo, Propiedad Intelectual y Capitalismo Informacional*, Buenos Aires, FLACSO. Disponible en: <http://capitalismoyconocimiento.wordpress.com>.

ZUKERFELD, M. (2012): “Una introducción al sector información y al trabajo informacional”, en L. Dughera, G. Yansen y M. Zukerfeld (eds.): *Gente con códigos: la heterogeneidad en los procesos productivos de software*, Buenos Aires, Universidad Maimónides.