

BIO-BITS: LA INFLUENCIA DE LAS TECNOLOGÍAS INFORMÁTICAS EN LOS PROCESOS DE PRODUCCIÓN DE CONOCIMIENTO EN BIOLOGÍA MOLECULAR. LOS CASOS DE CHAGAS E IDENTIFICACIÓN DE PERSONAS

HUGO FERPOZZI Y LUCIANO LEVIN

1. INTRODUCCIÓN

En este capítulo exploramos algunos aspectos de la relación entre las tecnologías informáticas y la producción de conocimiento en el campo de la biología molecular en Argentina. Aunque existen algunos trabajos que dan cuenta de esta relación en el contexto latinoamericano, la mayor parte se concentra en las actividades que Nentwich y König (2012) identifican como *comunicación y distribución del conocimiento*, quedando la dimensión de la *producción* menos representada.

Para observar estas dimensiones, seleccionamos dos casos de estudio: las investigaciones en biología molecular en el área de Chagas y de Identificación de personas desaparecidas por el terrorismo de Estado en Argentina (IDPTE).¹

2. MARCO TEÓRICO Y ANTECEDENTES CONTEXTUALES

2.1 *Los estudios de laboratorio: inscripción, movilización, y producción literaria*

Las tecnologías de la información 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 (1995), 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. Esta última concentra las tareas administrativas, pero también las de dirección y producción literaria.

Autores como Penders, Horstman y Vos (2008) ponen el énfasis en la separación del trabajo en dos “estilos” de investigación, caracterizados por una forma de organización diferente del trabajo científico, “la cual favorece una división basada en el

¹ La metodología utilizada está en consonancia con los puntos de vista de los llamados estudios de laboratorio (por ejemplo, Knorr-Cetina, 1996; Latour, 1992; Latour y Woolgar, 1992). Además, se realizó una serie de entrevistas semiestructuradas en profundidad, siguiendo un guión prediseñado (N=20). Fueron entrevistados investigadores de las áreas de Chagas y Antropología Forense, tanto biólogos como bioinformáticos, en diversas categorías de investigación. Las entrevistas se realizaron hasta llegar a un “punto de saturación” en la que los entrevistados ya no aportaban información nueva.

método por sobre otra basada en el objeto de estudio” (2008:748).² Esta división se sustenta en gran medida en el análisis de los intercambios materiales (*boundary objects* [Star y Griesemer, 1989]) y el análisis de los espacios de intercambio (*moist zones*). Se trata de una tipología de “estilos” de investigación, insinuada en la bibliografía científica, que está caracterizada por el tipo de trabajo que se realiza (dirección/literario contra investigación básica) y por el método utilizado (centrado en el objeto biológico contra el informático o centrado en el análisis computacional).

A su vez, Latour y Woolgar (1995) señalan un conjunto de tecnologías que resultan centrales en los procesos de producción de conocimiento: los inscriptores. Se trata del instrumental de laboratorio que convierte porciones de materia y energía en algo escrito, particularmente en texto matemático. Aunque los autores no volvieron a desarrollar el concepto de inscripción, sus implicancias fueron retomadas por Latour (1992) al examinar los modos en que diversos recursos (proteínas, barriles de petróleo, costas marítimas) son movilizados hacia los centros de cálculo mediante 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 dichas secuencias como si se tratase del organismo vivo.³ 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 áreas de conocimiento. En efecto, lo que estos autores observan en los grandes laboratorios de California, podría aplicarse, según ellos, a cualquier otra institución. 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.

2.2 *La biología molecular como ciencia de la información*

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 local. En efecto, las tecnologías digitales, el software y la información digital cuentan con una serie de características largamente reconocidas por las ciencias sociales y económicas, a saber:

² La traducción es propia.

³ Hilgartner (1995) describió las técnicas de *sequence-tagged site* como un caso notable de inscripción en el marco del Proyecto Genoma Humano, debido a que habilitaban, según sus mentores, el secuenciamiento del genoma a partir de marcadores en un texto unificado en lugar de basarse en clones biológicos.

- 1] Replicabilidad: la información digital puede ser clonada *ad infinitum*.
- 2] Automatización: la computación somete la información digital al procesamiento automatizado.
- 3] Universalización: las tecnologías informáticas, en general, decrecen en costos relativos, a la vez que adquieren un mayor carácter universal.
- 4] Mímesis: en la esfera informacional, código genético y software se ven sometidos a dinámicas y tensiones similares, como los conflictos de propiedad intelectual o los procesos de producción de tipo “fuente abierta”.

Nuestro interés en la biología molecular y la genética, por lo tanto, se funda sobre la base de que existe afinidad material-cognitiva entre el código genético y el software. En consecuencia, nos interesan las tecnologías digitales –no las tecnologías de la información *in toto*–. En efecto, las características señaladas anteriormente pueden ser interpretadas como características compartidas, hasta cierto punto, con la información biológica.

La homología entre los fenómenos biológicos y la idea de información ha comenzado a ser insinuada a mediados del siglo xx, y su validez es discutida en distintos espacios desde hace al menos dos décadas (Fox Keller, 2002, 2003; García-Sancho, 2011; Stent, 1969). En este sentido, Zukerfeld (2010) 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 a partir de las modalidades de regulación capitalista sobre los mismos, ordenados jurídicamente a través de derechos de propiedad intelectual desde 1980.

Entendemos, por lo tanto, que es dentro de este contexto que ciertos fenómenos biológicos empiezan a ser leídos y operados en términos de flujos de información digital. Para Lenoir (1999), por ejemplo, la biología se ha perfilado como una ciencia de la información a causa de la centralidad que adquirieron las tecnologías de la información en sus prácticas. En este marco, la genómica representa el emergente disciplinar de lo que Lenoir interpreta como un “salto de paradigma” en la biología. Sin embargo, Chow-White y García-Sancho (2012) relativizan la explicación anterior, planteando que las influencias que se ejercen entre el dominio biológico y el dominio informático han sido de orden bidireccional y han transgredido los márgenes disciplinarios. Desde esta perspectiva, las interacciones entre la informática y la biología se dieron a través de espacios de convergencia más bien *sui generis*, y no como la resultante de un supuesto “matrimonio natural” entre ambos (Chow-White y García-Sancho, 2012; García-Sancho, 2011).

Independientemente de la perspectiva que se adopte sobre la naturaleza de los genes y su mímesis 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, 2012). En última instancia, y del modo más sintético, implica

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.

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 (Castells, 2006; Negri y Hardt, 2005; Lefèvre, 2005; Rifkin, 2000; Zukerfeld, 2010, 2012). En el caso de los procesos de la biología molecular, Lenoir (1999), Hilgartner (1995, 1997, 2004) y Kaufmann (2004), por ejemplo, notaron los reordenamientos que experimentaron los laboratorios de investigación dedicados al secuenciamiento del genoma humano: se trata de preocupaciones vinculadas con 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 procesar los datos, y conflictos de propertización de resultados y técnicas.⁴

2.3 *Importancia de 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 con 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 (Francia e Inglaterra primero, y más tarde Estados Unidos, Alemania, Suecia e Italia), con frecuentes colaboraciones y circulación de científicos. A partir de la década de 1980, 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.

Esta dinámica remite a tensiones surgidas entre el carácter internacional de la producción de conocimiento y sus aplicaciones locales. Kreimer y Zabala (2006) explican la misma 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.

El interés de los biólogos moleculares por el *Trypanosoma cruzi* (parásito causante de la enfermedad de Chagas) en la década de 1970 surge en conexión estrecha con

⁴ El término propertización hace referencia a la inclusión creciente de entes, diseños o procesos bajo la acción regulatoria de la propiedad intelectual. Puede tratarse, como remarca Hilgartner (1997), de una exclusión de hecho, puesta en práctica sin un ingreso formal a la esfera jurídica.

el desarrollo anterior, ampliando el conjunto de actores interesados, los marcos de construcción del problema y su entramado institucional. En particular, la biología molecular aprovechará el prestigio de la tradición biomédica argentina en su propia conformación e integración a la escena internacional. 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” (2006:65). 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” (2006:74).

En el caso de IDPTE, no son los biólogos moleculares quienes se interesan por el tema. Son los antropólogos forenses quienes demandan a los biólogos sus técnicas y conocimientos especializados para proceder 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.

3. CASOS

3.1 *La enfermedad de Chagas*

La enfermedad de Chagas es endémica de América Latina, en donde afecta a 10 millones de personas según la Organización Mundial de la Salud (OMS, 2012). En Argentina la cifra se estima por encima del millón y medio (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 de 1950 como “problema de salud” gracias a las experiencias de la investigación médica además de diversas iniciativas político-institucionales. Es así que los principales grupos de biología molecular que décadas más tarde investigarían sobre *T. cruzi* tienen sus orígenes en la investigación biomédica. Más puntualmente, en los Institutos de Genética y Biología Molecular (Universidad de Buenos Aires), 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 (Kreimer, 2010b; Kreimer y Zabala, 2006).

Un componente fundamental de la investigación en biología molecular está dado por el Proyecto Genoma del *T. cruzi* (PGTC). Para Levin (1999), los avances en el secuenciamiento del genoma humano permitieron pensar el del genoma del parásito como algo factible, además de pertinente. La iniciativa comenzó en 1994 y

se completó gracias al financiamiento y la colaboración internacional, en donde Argentina tuvo un papel relevante. Como veremos más adelante, el genoma completo del *T. cruci* habilitó el planteo de nuevos enfoques, abordajes y puntos de partida para los problemas de investigación en biología molecular, a la vez que demandó la incorporación de nuevas herramientas, técnicas y saberes (especialmente de la bioinformática) debido a la superabundancia de información disponible.

3.2 *La identificación de personas víctimas del terrorismo de Estado*

Este caso es menos significativo quizás en su magnitud, pero no en cuanto a la movilización de recursos simbólicos que conlleva.

En 1976 el gobierno constitucional Argentino fue derrocado en un golpe de Estado que instaló el terror político, resultando en la desaparición de al menos 10 000 personas.⁵ En 1983 se eligió un nuevo gobierno constitucional.

En 1982, la organización Abuelas de Plaza de Mayo, con el fin de buscar métodos para identificar a sus nietos desaparecidos, contactan a miembros de la Asociación Americana para el Progreso de la Ciencia (AAAS), quienes le informan que era posible determinar, estudiando los restos óseos, si una mujer había dado a luz antes de morir (Penchazsadeh, 1995).

Entre diciembre de 1983 y enero de 1984 se registraron en los medios gráficos Argentinos denuncias sobre inhumaciones irregulares, producto de las cuales se exhumaron los restos esqueletizados de 598 personas, pero de las que se identificaron solamente 23 (Cohen Salama, 1992). Se generó así una gran cantidad de restos esqueletizados que se almacenaron en las morgues judiciales exhumados por personal sin formación técnica, perdiendo información valiosa para su identificación.

En 1984, la Comisión Nacional sobre la Desaparición de Personas (CONADEP) solicita a la AAAS ayuda para proceder en las exhumaciones y ésta crea una comisión de especialistas que envía a Argentina. Como resultado de sus actividades, la Comisión realiza una serie de recomendaciones entre las que se recomendaba aplicar técnicas de biología molecular para establecer la filiación y la creación de un banco de datos genéticos.

Así, se crea el Equipo Argentino de Antropología Forense (EAAF) que el 22 de mayo de 1987 se constituye como una asociación civil. El trabajo del EAAF en Argentina consiste principalmente en la investigación de los casos de desaparecidos para su identificación. Para establecer la identidad de una persona, se basan en tres tipos de datos:

- 1] *Nombres sin cuerpo*: constituidos por el conjunto de las personas denunciadas como desaparecidas.

⁵ Las cifras al respecto son controvertidas. La CONADEP reconoció alrededor de diez mil desaparecidos. La Asociación Madres de Plaza de Mayo llevó esa cifra a 30 000 y voceros militares mencionaron 22 000 como un número probable.

- 2] *Cuerpos sin nombre*: provienen principalmente del hallazgo o exhumación de restos óseos de cadáveres. (Incluye también la “huella genética” de cada individuo).
- 3] *Archivos*: a] archivos del Registro de las Personas; b] archivos de la Policía; c] archivos de cementerios.

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 que vuelve más necesaria la digitalización de la información. Lo que cambia no es la escala, sino la complejidad del análisis de los datos. En 2005 el EAAF logra restituir la identidad de 300 desaparecidos y en 2007 lanzan la Iniciativa Latinoamericana para la Identificación de Personas (ILPIP), el mayor emprendimiento genético para la identificación de restos esquelizados.

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 de 1980 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, 1988).⁶

El EAAF siempre otorgó importancia a los datos y dio valor a su disponibilidad y procesamiento. Su digitalización fue lenta y progresiva: sus archivos, que corresponden a datos del periodo 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.

Con los datos genéticos, el EAAF tiene 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. Sus reglas de producción de conocimiento difieren significativamente en términos de marcos temporales, tipos de datos que manejan, productos, estructuras de recompensas o audiencias. Por ejemplo, no es lo mismo obtener secuencias de información genética para investigación básica que aquella necesaria para un proceso identificatorio (el cual, además, puede comprometer judicialmente a una persona). Es por estos motivos que 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 el exterior. Así, en 2008 deciden 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.

⁶ 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, 1998:2).

4. ANÁLISIS DE LOS CASOS

4.1 *Chagas*

Mesadas y oficinas

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.

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 mayor proporción de tiempo a las tareas de oficina en relación con 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.

Saberes, técnicas y destrezas

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. 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 on-line, lectura de manuales de usuario y realización de cursos.

En el análisis de esta dimensión también intervienen, por un lado, 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.

Las indagaciones sobre esta dimensión apuntan 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. Una caracterización de este tipo permitiría, a su vez, comparar a los científicos con otros grupos que utilizan principalmente tecnologías informáticas en distintos procesos productivos. 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 “pipe-tear”. 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 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 bioinformática.

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 con el tipo de saberes y 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”.

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 por a la baja institucionalización que tiene la bioinformática en el país.

Con respecto a las instituciones, señalábamos 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 puede explicar, al menos en parte, la menor formalidad académica y diferenciación disciplinar de la bioinformática que 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. Actualmente (2014), la Universidad

se encuentra en proceso de abrir la carrera de Licenciatura en Bioinformática. Por su parte, la Universidad Nacional de Entre Ríos cuenta con la misma carrera desde el año 2006.

Al mismo tiempo, 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. A pesar de esto último, la participación de los bioinformáticos provenientes de la investigación en Chagas, resultan centrales para la conformación del campo en su conjunto, pues son los bioinformáticos más numerosos. Incluso el bioinformático que trabaja en el EAAF es de algún modo discípulo de la “Escuela Chagas”, pues realizó su formación doctoral con personas asociadas al estudio de proteínas del *T. cruzi*.

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 deja 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.

Más allá del grupo de investigación

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 han relativizado esta delimitación (Knorr-Cetina, 1996, 2005; Latour, 1992; Latour y Woolgar, 1995) proponiendo distintos vínculos a través de los cuales se extiende la construcción del conocimiento 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:

- 1] 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.
- 2] Instituciones dedicadas a la provisión de insumos de laboratorio: se trata de insumos de laboratorio de cierta complejidad y especificidad. Los mismos suelen encargarse a laboratorios o empresas extranjeras aún si el laboratorio local cuenta con capacidad para producirlos.
- 3] 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, etc. 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*

Saberes, técnicas y destrezas

En el caso de la IDPTE, la valoración 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 (puro), el bioinformático es a veces percibido como un “auxiliar” y no como un par. En cambio, en la IDPTE la valoración posiciona al bioinformático en un lugar de paridad. 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

Escala

En el caso de IDPTE, la posibilidad de contar con información digital y poder analizarla de manera automática permitiría encontrar relaciones difíciles 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.

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 Argentina.

Algo similar ocurre con los problemas de investigación. Al principio se planteaba “identificar” restos esqueléticos 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.

Mesadas y oficinas

En el EAAF esta diferencia es más marcada, puesto que la especialización en bioinformática ha sido realizada por pocos integrantes del grupo quienes 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 (Penders, Horstman y Vos, 2008; Jordan y Lynch, 1988): 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.

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.

Más allá del grupo de investigación

Respecto de otros actores que se relacionan con la producción de conocimientos encontramos también:

- 1] Instituciones dedicadas al secuenciamiento: en la actualidad, el EAAF ha desarrollado su propia institución de secuenciación independizándose de laboratorios externos.
- 2] 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. Los mismos suelen encargarse a laboratorios o empresas extranjeras aún si el laboratorio local cuenta con la capacidad para producirlas.

- 3] 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.

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 dentro de la órbita del Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación Productiva, que funciona en el Servicio de Inmunología del Hospital Durand. Fue creado en 1987 para garantizar la obtención, almacenamiento y 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 Iniciativa Latinoamericana para la Identificación de Personas Desaparecidas incluye tres proyectos de equipos forenses latinoamericanos: el EAAF, la Fundación de Antropología Forense de Guatemala y el Equipo Peruano de Antropología Forense.

5. CONCLUSIONES

En este trabajo encontramos transformaciones en el orden de los problemas de investigación, las prácticas, la organización científica, y los actores e instituciones involucrados que discute parcialmente con lo descrito en la bibliografía internacional con relación al uso de tecnologías digitales y de herramientas bioinformáticas. Los dos casos analizados poseen similitudes y diferencias que ponen de manifiesto esta discusión.

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 inconcebibles. 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.

También encontramos una movilidad entre los diferentes tipos de mesada y entre éstas y la oficina que no ha sido previamente caracterizada. Esta 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, etc.) funcionan como *boundary objects* (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 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 con 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. Esto no ocurre en la IDPTE, donde existe mayor paridad.

En el plano institucional, la informatización de la investigación biológica sobre Chagas no parece haber incidido más allá del capítulo argentino del PGTC. Los laboratorios o grupos de bioinformática dedicados al *T. cruzi* no expresan una consolidación institucional previa sino que su constitución es, en alguna medida *ad hoc*, en función del planteo de problemas y líneas de investigación.

La incipiente institucionalización de la bioinformática en 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, como 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).

No obstante, lo que ocurre en IDPTE –donde hubo una cierta proliferación de arreglos institucionales dedicados, sobre todo, al almacenamiento de información biológica– hace necesario poner en cuestión 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, 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)–, 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, con 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.

Asimismo, la baja profesionalización e institucionalización de la bioinformática promovería relaciones y modos de trabajo en ambos tipos de mesada muy diferentes a lo descrito en la literatura internacional. 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, existe 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.