

Prometo, luego existo: ciencia, conocimiento y promesas en la modernidad periférica

Prometo, logo existo: ciência, conhecimento e promessas na modernidade periférica

I Promise, Therefore I Am: Science, Knowledge, and Promises in Peripheral Modernity

Pablo Kreimer*

DOI: 10.30578/nomadas.n55a1

El objeto de este artículo es reflexionar en torno a las dimensiones conceptuales y los dispositivos que se ponen en marcha en la estructura de las promesas tecnocientíficas en contextos de sociedades periféricas. Para ello, el autor considera el caso de la enfermedad de Chagas a lo largo de un siglo, analizando el modo de construcción original de la cuestión a comienzos del siglo XX, y luego su formulación más moderna a comienzos del siglo XXI: el Proyecto Secuenciamiento del Genoma del *T. cruzi* (agente causal de la enfermedad de Chagas). Finalmente, analiza lo que se muestra y lo que se oculta en el desarrollo de las promesas tecnocientíficas en contextos no hegemónicos.

Palabras clave: promesas tecnocientíficas, sociedades periféricas, países centrales, enfermedad de Chagas, Proyecto Secuenciamiento del Genoma del *T. cruzi*, big data.

O objeto deste artigo é refletir em torno das dimensões conceituais e os dispositivos que se colocam em andamento na estrutura das promessas tecnocientíficas em contextos de sociedades periféricas. Para isso, o autor considera o caso da enfermidade de Chagas ao longo de um século, analisando o modo de construção original da questão a começos do século XX, e sua formulação mais moderna a começos do século XXI: o Projeto Sequenciamento do Genoma do T. cruzi (agente causal da enfermidade de Chagas). Finalmente, analisa o que se mostra e o que se oculta no desenvolvimento das promessas tecnocientíficas em contextos não hegemônicos.

Palavras-chave: promessas tecnocientíficas, sociedades periféricas, países centrais, enfermidade de Chagas, Projeto Sequenciamento do Genoma *T. cruzi*, big data.

The purpose of this article is to reflect on the conceptual dimensions and dispositives that are put in place in the structure of techno-scientific promises within peripheral societies and contexts. For this, the author brings in the case of Chagas disease and analyzes the original mode of construction of the question at the beginning of the 20th century; also, its most modern formulation: the T. cruzi Genome Sequencing Project (causal agent of Chagas disease), at the beginning of the 21st century. Finally, it analyzes the clarities and opacities within the development of techno-scientific promises in non-hegemonic contexts.

Keywords: Technoscientific Promises, Peripheral Societies, Central Countries, Chagas Disease, *T. cruzi* Genome Sequencing Project, Big Data.

* Investigador Superior del Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas Conicet (Argentina). También es director del Centro Ciencia, Tecnología y Sociedad, Universidad Maimónides (Argentina). Doctor en Ciencia, Tecnología y Sociedad del Centre STS, Paris. Correo: pkreimer@yahoo.com

original recibido: 10/06/2021
aceptado: 05/10/2021

ISSN impreso: 0121-7550
ISSN electrónico: 2539-4762
nomadas.ucentral.edu.co
nomadas@ucentral.edu.co
Págs. 13~27

La humanidad vive una situación inédita: la mayor parte del mundo ha sido invadida por un virus, situación que no es enteramente novedosa (abundan los textos sobre antecedentes de pandemias) pero sí lo es en la era actual de la globalización y el modo en que se expandió en pocas semanas. Casi de inmediato comenzaron a dispararse diversas acciones simultáneas, cada una abriendo grandes puertas al debate: negación de la enfermedad, acciones más o menos coercitivas de los gobiernos, movilización y alerta de los sistemas de salud, amenaza a la geopolítica y a las economías y, por supuesto, movilización masiva de las tecnociencias como recurso último frente al pánico o al escepticismo de una vasta red de actores sociales. Haciendo eco de ese recurso, diversos sistemas, instituciones y actores formularon rápidamente promesas, como la pronta identificación del virus, el secuenciamiento de su ADN, la obtención de kits de diagnóstico, nuevos tratamientos y, como frutilla del postre, la ansiada vacuna que, en plazos difícilmente imaginables poco tiempo antes, pasó de “proyecto tecnocientífico” a “producto de uso masivo”. Es cierto que el desarrollo científico siempre ha funcionado bajo la estructura de promesas que, en su modo de formulación, sus modulaciones, las características de sus actores y las condiciones de su producción y cumplimiento (o no), fueron cambiando a lo largo del tiempo.

Thomas Mormann, en un número especial de la revista *Centaurus* dedicado precisamente a las promesas, señala que estas cumplen un papel importante no solo en la vida cotidiana, sino también en la ciencia moderna. Incluso, uno podría decir que son esenciales para la ciencia, ya que sin hacer ciertas promesas, difícilmente se obtendrá el apoyo social necesario para llevar a cabo su investigación (sea la promesa mundana de que ayudará a construir nuevos dispositivos tecnológicos

útiles o la promesa general pseudorreligiosa de que esta ciencia hará una contribución esencial a encontrar la “verdad que nos hará libres”) (Mormann, 2017, pp. 189-90). En términos empíricos, autores como Latour (1983, 1984) y sus trabajos sobre Pasteur, ya mostraron hace varias décadas que la ecuación podía invertirse: no solo la ciencia puede ser movilizadora por diversos actores, sino que también los propios científicos pueden movilizar a otros agentes para dotar de valor de verdad a sus proposiciones: aquí no es lo verdadero lo que se *transfiere* como útil, sino que, en la medida en que resulta útil, deviene verdadero.

La mayor parte de los estudios sobre promesas científicas o tecnocientíficas se han centrado en lo que hemos denominado “ciencia hegemónica” (Kreimer, 2019), y casi no hay estudios que tomen en cuenta estas formulaciones en contextos periféricos. Ello se debe, seguramente, a que los estudios CTS desarrollados en los países centrales, a pesar de su insistencia en la localidad y en el carácter situado de los conocimientos, así como su énfasis en la posición simétrica e imparcial del analista (Collins, 1981), han tenido muchas dificultades para comprender que, al cabo de varias décadas, habían “naturalizado” el hecho de concentrarse sobre la parte más dinámica y hegemónica de la producción de conocimiento e ignorado lo que Harding (2008) llamó las “ciencias desde abajo”.

El análisis de la estructura de las promesas tecnocientíficas tiene diversos componentes importantes, como veremos más adelante, pero uno absolutamente crucial es el modo en que se construye, cómo se articula –ideal o empíricamente– la relación entre producción, industrialización y uso de conocimientos. Como mostramos hace ya varios años, este tipo de relaciones adquiere formas estructuralmente diferentes

en los contextos periféricos, donde uno de los cuellos de botella más importantes ha sido la enorme cantidad de conocimientos producidos localmente que –por razones múltiples y complejas– nunca han logrado ser utilizados en sus contextos de emergencia (Kreimer, 2006). Es más, a menudo los conocimientos que se producen para abordar problemas sociales específicos de un contexto periférico no son utilizados allí, pero sí en espacios en donde la industrialización de esos conocimientos está fuertemente institucionalizada, proceso que hemos denominado “explotación cognitiva” (Kreimer y Zukerfeld, 2014). Ferpozzi (2020) califica a este proceso como “consecuencias patológicas” de dichas promesas en contextos periféricos.

Para discutir estos problemas elegí trabajar con un ejemplo que conozco bien, por haberlo investigado durante casi veinte años: la enfermedad de Chagas en América Latina. De un modo similar a como operan las ciencias biológicas (que construyen “organismos modelo”), mi interés no está tanto puesto en la enfermedad de Chagas como tal, sino en lo que su estudio nos puede mostrar como cuestiones estructurales y en dinámicas propias de momentos históricos determinados. La estructura del artículo es la siguiente: en el segundo apartado presentaré los elementos que configuran la estructura de las promesas tecnocientíficas. En el tercer apartado veremos en forma sucinta la construcción histórica de la enfermedad de Chagas como problema científico y social, así como la formulación de promesas en torno de ella, concentrándonos en particular en la formulación de la promesa “moderna”. El cuarto apartado analiza esta última en un contexto más amplio de promesas sobre el secuenciamiento del genoma humano, así como de otros organismos. En el quinto apartado haremos un análisis, munidos de los dispositivos teóricos presentados. Finalmente, al concluir esta sección, y luego de haber visto lo que las promesas formulan, mostraremos aquello que ocultan y lo situaremos en el contexto particular de América Latina.

La estructura de las promesas tecnocientíficas¹

Helga Nowotny (2016) señala que la ciencia moderna llegó con la promesa explícita de producir conocimientos sin precedentes que se aplican a cuestiones prácticas para el mejoramiento de la sociedad. Esto llegó a ser vis-

to como el equivalente secular a la salvación espiritual, con la que, ciertamente, competía en el fundamento de la sociedad moderna. Así, debía mejorar las condiciones materiales de vida, contribuyendo a la riqueza y el bienestar. Nowotny retoma la bella fórmula de Hanna Arendt, según la cual la promesa consiste “en traer el futuro al presente”, y a ello le agrega una afirmación –a mi juicio– difícil de sostener: según ella, “las soluciones técnicas [...] son más fáciles de implementar y adoptar que las soluciones que implican cambios en el tejido social de la sociedad, cuestionan las jerarquías establecidas y van en contra de los intereses creados” (2016). Lamentablemente, no tenemos el espacio aquí para discutir esta idea, pero podemos aprovechar el desliz de Nowotny para avanzar en un primer elemento significativo: toda promesa tecnocientífica moviliza a la vez dimensiones técnicas o cognitivas y dimensiones relativas al orden social, todo ello en el marco de una construcción de futuro, es decir, de un ordenamiento futuro de las dimensiones técnicas y las dimensiones sociales.

Un segundo elemento tiene que ver con el tipo de proyecciones hacia el futuro. Mülberger y Navarro (2018) señalan que una promesa significa “alguna obligación moral de entregar algo en el futuro”, lo que implica aplicar una teoría específica, una metodología o recurrir a un determinado campo de estudio. Pero ello no significa (contrariando a cierto sentido común) que las promesas emergen simplemente desde espacios cognitivos consolidados hacia el Estado o la sociedad. Por el contrario, frecuentemente esos espacios pretenden consolidarse *a través de la formulación* de promesas. Dicho de otro modo, las promesas –dirigidas a otros actores sociales o instituciones, a organismos de financiamiento o hacia el público en general– se co-construyen junto con el campo desde el cual emergen. Más aún, pueden ser un medio elegido estratégicamente para consolidar un nuevo campo emergente. Dentro de ese imaginario, entonces, el cumplimiento o el logro de dichas promesas sería, al mismo tiempo, el de la consolidación, fortalecimiento o construcción de la legitimidad de lo que podríamos llamar “campo o especialidad de la ciencia proponente” (o “prometedor”, en el sentido de que propone la promesa), pero también “promisorio” como nuevo campo. Parece imposible despegar las promesas asociadas al descubrimiento de la doble hélice del ADN y todas las potencialidades allí enunciadas del desarrollo de la biología molecular como campo relativamente

autónomo que surge en ese momento y habría de mostrarnos los verdaderos “secretos de la vida” (Morange, 1998; Fox, 2000; Kreimer, 2010).

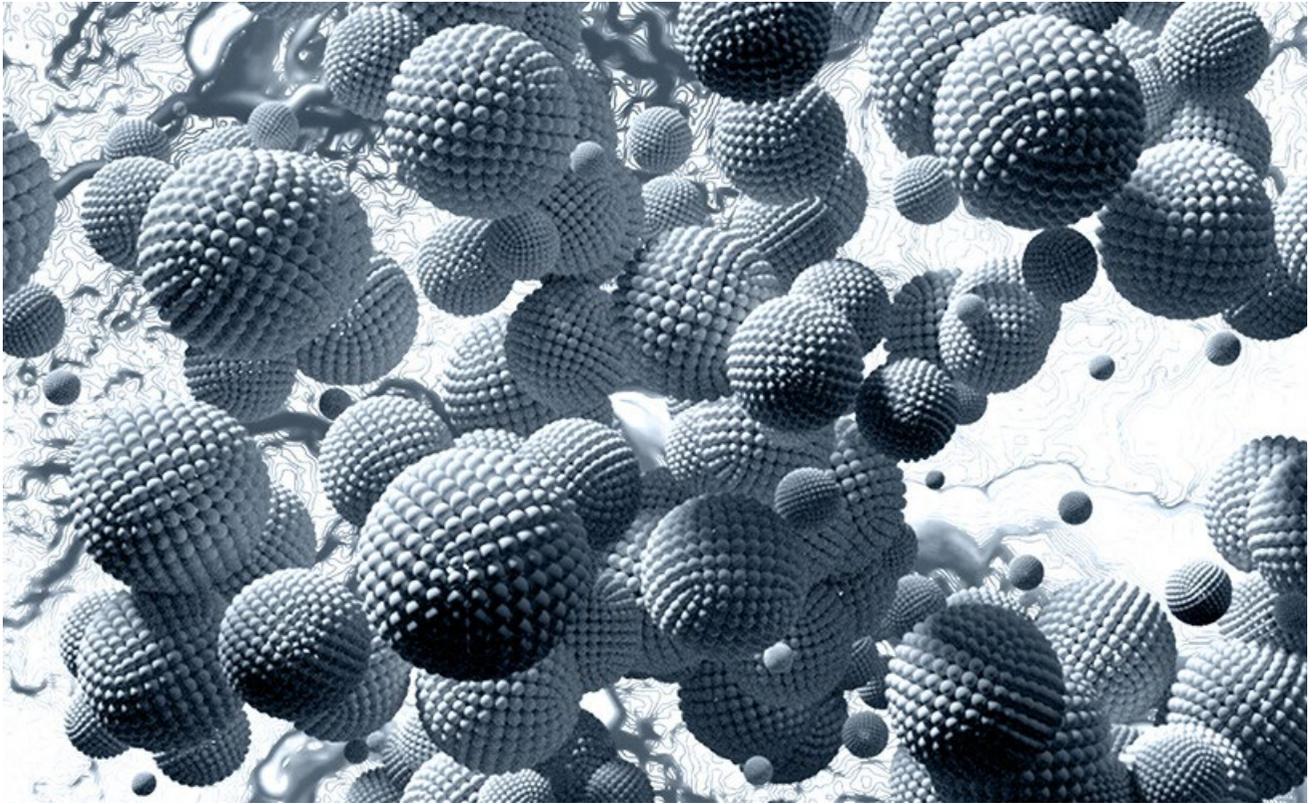
En rigor, la emergencia de nuevos campos ha estado fuertemente asociada con las ideas de futuro (y de dichos futuros con las promesas que los nuevos conocimientos aportarán), como lo prueban múltiples ejemplos. Ya mencionamos los casos de la biología molecular y, en una de sus ramificaciones más poderosas, la genómica (compilación de genomas de diversos organismos). Pero otras promesas no han sido menos poderosas en su formulación asociada al desarrollo de un nuevo campo. La física nuclear, como sabemos, es inseparable del Proyecto Manhattan y de la fabricación de la bomba, pero el impresionante desarrollo de este campo tuvo que generar promesas que fueran, si no tan eficaces, al menos más seductoras que la mera capacidad de destrucción. Así debe entenderse el Programa “Átomos para la paz”, lanzado en 1953 por el presidente Dwight D. Eisenhower. Como señala Krige (2006), además del evidente efecto de propaganda (tanto para desarmar los efectos nocivos de la bomba como para mostrar a un país preocupado por los usos pacíficos de la ciencia y la tecnología), el programa tuvo el efecto de generar una red de laboratorios públicos y privados que, bajo la promesa de los usos pacíficos, fue desplegando un inmenso desarrollo de este nuevo campo.

El caso más reciente del campo “nano” (nanociencias y nanotecnologías) es otro ejemplo interesante acerca de cómo las promesas se van coproduciendo con la emergencia y consolidación de un campo. Selin (2007), quien analizó este fenómeno desde la perspectiva de la Teoría de Actor Red, resalta el papel de algunos sujetos fundadores de este campo, incluidas las disputas –casi siempre presentes– por atribuirse el nacimiento, la paternidad o el linaje del nuevo campo. Así, considera el papel de Eric Drexler y de su libro (publicado en 1986) *Engines of Creation: The Coming Era of Nanotechnology*, donde plantea que la nano promete ser “una tecnología anticipada que brinda un control exhaustivo de la estructura de la materia a nivel molecular. Esto implica la fabricación molecular, en la que los materiales y productos se fabrican mediante el posicionamiento preciso de las moléculas de acuerdo con un diseño de ingeniería explícito” (Drexler, 1992, p. 1). Con su retorno a los primeros trabajos de Latour, Selin hace un aporte interesante al estudio de las pro-

mesas, ya que señala que quienes las formulan deben crear intereses, cambiar los intereses propios (asumir los intereses de los que se traducirán), tomar un desvío (un atajo) del camino de uno hacia los intereses de los demás y reorganizar intereses y objetivos (desplazar objetivos, inventar nuevos grupos, etc.).

En una perspectiva más comprensiva, Joly (2010) nos sugiere que una promesa está compuesta de varios ingredientes: 1) un vínculo con un problema dado que debe resolverse. Cuanto más urgente y ampliamente reconocido el problema, más atractiva es la promesa y más legítimas son las acciones tomadas; 2) la credibilidad de los proponentes y de la red social de quien hizo la promesa (ya sea un individuo o un colectivo más amplio); 3) los defensores de una nueva promesa tienen que luchar contra (y excluir) otras soluciones posibles (o plausibles) para resolver el problema. Las promesas aparecen como el elemento clave de la coordinación orientada hacia el futuro; 4) los proponentes deben mostrar no solo el “punto de llegada” sino también formas creíbles de lograrlo. Considero que estos cuatro puntos pueden constituir el punto de partida de un programa más amplio para el análisis de las promesas científicas, pero a ellos se le deben agregar algunas cuestiones adicionales. El siguiente componente sería: 5) quienes formulan una promesa muestran que sus saberes disciplinarios –o de sus especialidades– son más eficaces, tienen menos efectos perjudiciales, son más deseables socialmente o incluso “más modernos” que las formulaciones realizadas por otros campos que sean potencialmente competidores.

Como es común en la mayor parte de la literatura que analizamos, suele predominar una visión que Law y Lin (2017) han denominado “perspectiva euro-norteamericana”, que olvida, parcial o totalmente, el requisito del carácter situado del conocimiento, para poner el foco solo en el mundo desarrollado/industrializado, como si fuera el *locus*. Aunque muy recientemente han surgido diversos textos que invocan una mirada más simétrica entre los diferentes espacios de producción y uso de conocimientos (Verran, 2002; Harding, 2008; Anderson, 2009), cuando se trata de discutir la dinámica de las “grandes cuestiones” tales como la dinámica de los campos científicos o la emergencia de promesas tecnocientíficas, los espacios de observación son casi exclusivamente los contextos hegemónicos. Esto no sería del todo grave si pensamos que, a fin de



▪ *Nanocápsulas para detectar el cáncer, 2006 | Autor: GiroScience/Shutterstock*

cuentas, cada uno está preocupado por su aldea. Pero lo problemático es que se siga considerando estos contextos como “los lugares”, los únicos donde dichos procesos ocurren, o más complicado aún, que lo que sucede en esos barrios periféricos del mundo no afecta aquello que se observa en los contextos centrales. Por lo tanto, nuestro siguiente componente será: 6) las promesas se realizan siempre en un contexto determinado, apuntando a actores específicos, cuyos vínculos con actores (dentro o fuera del campo científico) en otros contextos son un elemento explicativo de la modalidad de formulación.

Por último, un aspecto que debemos agregar a las consideraciones anteriores refiere a quién o quiénes son los destinatarios de las promesas tecnocientíficas. Dicho de otro modo, bajo qué argumentos se construye la idea de “credibilidad” de las promesas, en relación con quienes deberían otorgarle dicho estatus. Esquemáticamente, las promesas pueden dirigirse (en forma no excluyente) al público en general (lo cual incluye a los consumidores), a las autoridades públicas o tomadores de decisiones, a los actores económicos (empresas, fondos de inversión, etc.) y, crecientemen-

te, a las agencias de financiamiento de la I+D, cuya importancia ha sido creciente en los últimos años como consecuencia del aumento de la competitividad en las convocatorias de proyectos (Audétat, 2015). Así, nuestro último componente será: 7) las promesas tecnocientíficas apuntan siempre a uno o varios destinatarios, en relación con quienes despliegan discursos y retóricas específicas para generar la credibilidad necesaria en estos procesos.

Una vez que ya contamos con una revisión de los componentes principales que articulan las promesas tecnocientíficas, podemos considerar la enfermedad de Chagas y sus promesas para observar qué lecciones nos permite aprender sobre estas dinámicas.

La construcción de Chagas como problema a comienzos del siglo XX y del XXI. Pasos en la formulación de una promesa

Carlos Chagas, quien había descubierto la enfermedad que luego llevaría su nombre, le escribió en 1928 una

reveladora carta a su colega Salvador Mazza, que había fundado en el Norte de la Argentina una misión (Mepra) para el estudio de esta enfermedad:

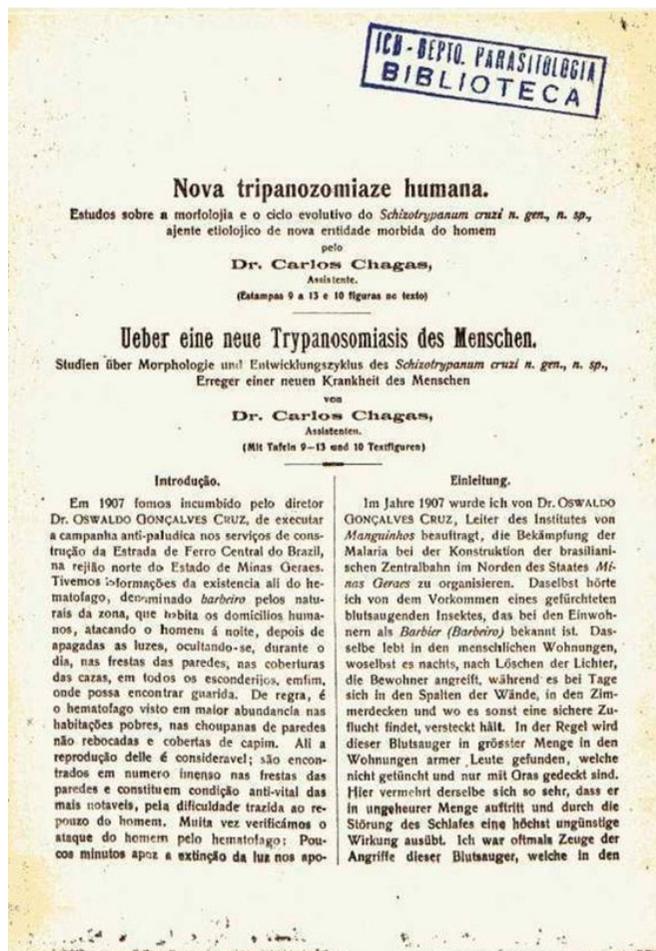
Hay un designio nefasto en el estudio de la Tripanosomiasis. Cada trabajo, cada estudio, apunta un dedo hacia una población mal nutrida que vive en malas condiciones; apunta hacia un problema económico y social, que a los gobernantes les produce tremenda desazón pues es testimonio de incapacidad para resolver un problema tremendo. Es un problema de vinchucas, que invaden y viven en habitaciones de mala factura, sucias, con habitantes ignorados, mal nutridos, pobres y envejecidos, sin esperanza ni horizonte social y que se resisten a colaborar. (Carta de Carlos Chagas a Salvador Mazza, 1928. Archivo: Biblioteca de la Casa de Oswaldo Cruz, Río de Janeiro.)

Como vemos, en una sola oración Chagas define con eficacia el problema público: se trata, antes que nada, de un problema económico y social, y son ellos, los médicos que identificaron la enfermedad, quienes están en condiciones de definirla, de producirla en la esfera pública. En efecto, es un problema social y económico porque los afectados por la enfermedad son pobres rurales que viven en condiciones miserables y a quienes, además, se los ignora (excepto los propios médicos, que son el puente que nos conecta con esas poblaciones). Pero es también un problema de *vinchucas*, o *pito*, o *barbeiro*, o *chinche*, según se la defina en cada país de América Latina (su nombre científico es *Triatoma infestans*), esto es, del insecto vector de la enfermedad que se aloja en los intersticios de las viviendas rurales. Otro problema es que esta población, además de pobre, es ignorante y se “resiste a colaborar”. Y Chagas encuentra un inconveniente adicional: “Hábleles de esta enfermedad y tendrá a todos los gobiernos en contra. Pienso que a veces más vale ocuparse de infusorios o de batracios que no despertar alarma de nadie” (Carta de Carlos Chagas a Salvador Mazza, 1928).

La invocación que Chagas le hace a Mazza en la carta es triple: por un lado, hay que convencer a los pobres rurales de que están enfermos (figura 1), lo cual no es tan simple, porque se trata de una enfermedad nueva y que no “se ve” ya que en buena parte de los casos es asintomática. En segundo lugar, hay que convencer a las autoridades de que hay una nueva enfermedad, producto de las condiciones de vida de

esas poblaciones que hacen posible el contagio a través de la transmisión vectorial. En tercer lugar, y tal vez lo más importante, le dice “somos nosotros”, los “médicos infectólogos”, quienes tenemos la llave para intervenir sobre este problema.

Figura 1. Primer artículo de Chagas en donde informa de la nueva enfermedad



Fuente: Memórias do Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, 1(2):159-218.

Podríamos decir que en el acto mismo de construir el problema en el espacio público, en la advocación a las autoridades, está también la fabricación de una promesa. De este modo, primero Carlos Chagas en Brasil y luego Salvador Mazza en la Argentina se sitúan como intermediarios que conocen la naturaleza del *Trypanosoma cruzi*, entre los políticos y tomadores de decisión (aquellos que, según Chagas, uno tendrá en contra, si pretende “hablarles de esta enfermedad”), los pobres rurales y los parásitos sin voz (Callon, 1986; Latour, 1983). La carta

de Chagas también podría leerse como una búsqueda de conseguir aliados para su causa, tanto enrolando a su colega como movilizándolo a los campesinos para dotar de legitimidad a su posicionamiento en el campo².

Esta operación, desde mi punto de vista, excede a estos actores específicos y aún a las redes que estos articulan. Lo que están legitimando en este modo de construcción del problema público es *un campo de conocimientos* que aparece como legítimo para definir los términos del problema y, al mismo tiempo, los modos en que otros actores habrán de intervenir, sustentados en la base cognitiva previamente construida por ese saber, fuertemente disciplinario o propio de una comunidad de especialistas.

En las décadas siguientes se sucedieron diversas reconfiguraciones de este problema, desde la epidemiología, que determinó su alcance y extensión (geográfica y social); la cardiología, que investigó las lesiones cardíacas causadas por la enfermedad; la bioquímica, que identificó la composición del parásito; la entomología, que estudió al insecto vector (*Triatoma infestans*); los estudios sobre hábitat, que trabajaron sobre las condiciones de vida de las poblaciones afectadas y su interacción con parásitos e insectos; y la biología molecular, que formuló una fuerte promesa basada en la búsqueda de blancos moleculares donde atacar al parásito y generar compuestos con los cuales desarrollar nuevas drogas. He trabajado en detalle estas reconfiguraciones en otros trabajos³, pero me interesa aquí observar cómo se enuncia la más moderna de las promesas sobre la enfermedad de Chagas, relacionada con el secuenciamiento del genoma del *T. cruzi*.

El 15 de julio del 2005 se publicó un artículo en la revista *Science*, firmado por 81 autores de diferentes nacionalidades, en el que se anunciaba el secuenciamiento completo del genoma del *T. cruzi*, agente etiológico de la enfermedad de Chagas (figura 2). El trabajo fue el resultado de un consorcio conformado por 21 laboratorios de diferentes países (la mayoría, latinoamericanos: siete de Brasil, cuatro de Argentina y dos de Venezuela. El resto se repartían entre Europa y Estados Unidos) y fue impulsado (y parcialmente financiado) por la Organización Mundial de la Salud, a través del Programa de Investigación y Formación sobre Enfer-

medades Tropicales (TDR), entre otras instituciones. Se trató de un verdadero ejemplo de puesta en práctica de lo que podemos definir como “Mega Science” (Jacob y Hallonsten, 2012; Kreimer, 2019): decenas de laboratorios que trabajan, en forma coordinada, para un programa común, cuya complejidad –técnica, en este caso– supera las posibilidades de la organización tradicional de grupos de investigación en laboratorios públicos. Así lo señalaba uno de los integrantes, cuando el proyecto llevaba la mitad de su desarrollo:

La secuenciación de GSSs ya comenzada tiende a la obtención de 20.000 secuencias para finales del 1999, con lo que se habrá obtenido un número total de bases secuenciadas de 9.000.000, o sea, aproximadamente un 20% del genoma haploide total (“expression sequence tags”). Este número obtenido en los últimos 2 años es más de cien veces superior a todos los genes identificados previamente al inicio del proyecto genoma del *T. cruzi*. (Frasch *et al.*, 1999)

El artículo, publicado cuando el proyecto ya había finalizado, nos define ante todo el problema con cifras muy impactantes que pretenden llamar la atención sobre la importancia del problema mismo (muy conocido en América Latina):

El *Trypanosoma cruzi* causa la enfermedad de Chagas en humanos. La infección aguda puede ser letal, pero la enfermedad generalmente evoluciona a una etapa crónica, que está acompañada, en un 25 a 30% de los casos, por debilitamiento severo y finalmente la muerte. Se estima que entre 16 y 18 millones de personas están infectadas, principalmente en América Central y del Sur, con 21,000 muertes reportadas cada año. El *T. cruzi* normalmente se transmite por insectos reduvid a través de las heces del vector después de una picadura de insecto y también después de una transfusión de sangre. Los intentos de desarrollar vacunas para enfermedades parasitarias han sido inútiles, y existe una falta crítica de métodos para el diagnóstico y el tratamiento. (El Sayed *et al.*, 2005, p. 409)

Luego de la descripción técnica del trabajo desarrollado y de las características generales del genoma, viene la parte de lo que llamaré la “promesa moderna”: implicaciones para nuevas terapias.

La elucidación de las vías críticas en la reparación del ADN, la replicación del ADN y la meiosis y la identificación de

numerosas proteínas quinasas y fosfatasa que ofrece el análisis de los genomas de *Trypan* *prometen proporcionar nuevos objetivos farmacológicos*. Las diferencias con la maquinaria eucariota típica para la escisión / reparación de nucleótidos, el inicio de la replicación del ADN y la presencia de ADN polimerasas similares a las bacterias utilizadas en la replicación del genoma mitocondrial *proporcionan puntos potenciales de ataque contra los parásitos*. Además, la presencia de varios PKs con poca similitud con los de otros eucariotas presenta *nuevas posibilidades para el desarrollo de fármacos dirigidos*. La actividad superficial de TS, que es, al menos en *T. cruzi*, esencial para la incorporación del ácido siálico del huésped en los glicoconjugados de parásitos, es *otro objetivo para la intervención quimioterapéutica*. La elucidación del repertorio completo de TS *cruzi* activos debería ayudar en este esfuerzo. (El Sayed *et al.*, 2005, p. 414, énfasis agregado)

Figura 2. Secuenciamiento del genoma del *T. cruzi*

The Genome Sequence of *Trypanosoma cruzi*, Etiologic Agent of Chagas Disease

Najib M. El-Sayed,^{1,2*} Peter J. Myler,^{3,4,5*} Daniella C. Bartholomeu,¹ Daniel Nilsson,⁶ Gautam Aggarwal,³ Anh-Nhi Tran,⁶ Elodie Ghedin,^{1,2} Elizabeth A. Worthey,³ Arthur L. Delcher,¹ Gaëlle Blandin,¹ Scott J. Westenberger,^{1,7} Elisabet Caler,¹ Gustavo C. Cerqueira,^{1,8} Carole Branche,⁶ Brian Haas,¹ Atashi Anupama,³ Erik Arner,⁶ Lena Åslund,⁹ Phillip Attipoe,³ Esteban Bontempi,^{6,10} Frédéric Bringaud,¹¹ Peter Burton,¹² Eithon Cadag,³ David A. Campbell,⁷ Mark Carrington,¹³ Jonathan Crabtree,¹ Hamid Darban,⁶ Jose Franco da Silveira,¹⁴ Pieter de Jong,¹⁵ Kimberly Edwards,⁶ Paul T. Englund,¹⁶ Gholam Fazelina,³ Tamara Feldblyum,¹ Marcela Ferella,⁶ Alberto Carlos Frasch,¹⁷ Keith Gull,¹⁸ David Horn,¹⁹ Lihua Hou,¹ Yiting Huang,³ Ellen Kindlund,⁶ Michele Klingbeil,²⁰ Sindy Kluge,⁶ Hean Koo,¹ Daniela Lacerda,^{1,21} Mariano J. Levin,²² Hernan Lorenzi,²² Tin Louie,³ Carlos Renato Machado,⁸ Richard McCulloch,¹² Alan McKenna,⁶ Yumi Mizuno,⁶ Jeremy C. Mottram,¹² Siri Nelson,³ Stephen Ochaya,⁶ Kazutoyo Osoegawa,¹⁵ Grace Pal,¹ Marilyn Parsons,^{3,4} Martin Pentony,³ Ulf Pettersson,⁹ Mihai Pop,¹ Jose Luis Ramirez,²³ Joel Rinta,³ Laura Robertson,³ Steven L. Salzberg,¹ Daniel O. Sanchez,¹⁷ Amber Seyler,³ Reuben Sharma,¹³ Jyoti Shetty,¹ Anjana J. Simpson,¹ Ellen Sisk,³ Martti T. Tammi,^{6,24} Rick Tarleton,²⁵ Santuza Teixeira,⁶ Susan Van Aken,¹ Christy Vogt,³ Pauline N. Ward,¹² Bill Wickstead,¹⁸ Jennifer Wortman,¹ Owen White,¹ Claire M. Fraser,¹ Kenneth D. Stuart,^{3,4} Björn Andersson^{6*}

Whole-genome sequencing of the protozoan pathogen *Trypanosoma cruzi* revealed that the diploid genome contains a predicted 22,570 proteins encoded by genes, of which 12,570 represent allelic pairs. Over 50% of the genome consists of repeated sequences, such as retrotransposons and genes for large families of surface molecules, which include trans-sialidases, mucins, gp63s, and a large novel family (>1300 copies) of mucin-associated surface protein (MASP) genes. Analyses of the *T. cruzi*, *T. brucei*, and *Leishmania major* (*Trypan*) genomes imply differences from other eukaryotes in DNA repair and initiation of replication and reflect their unusual mitochondrial DNA. Although the *Trypan* lack several classes of signaling molecules, their kinomes contain a large and diverse set of protein kinases and phosphatases; their size and diversity imply previously unknown interactions and regulatory processes, which may be targets for intervention.

Trypanosoma cruzi causes Chagas disease in humans. Acute infection can be lethal, but the disease usually evolves into a chronic stage, accompanied in 25 to 30% of cases by severe debilitation and ultimately death. It is estimated that 16 to 18 million people are infected, primarily in Central and South America, with 21,000 deaths reported each year (1). *T. cruzi* is normally transmitted by reduviid bugs via the vector feces after a bug bite and also after blood transfusion. Attempts to develop vaccines for parasitic diseases have been futile, and there is a critical lack of methods for diagnosis and treatment.

The taxon *T. cruzi* contains two defined groups, *T. cruzi* I and *T. cruzi* II, as well as additional groups yet to receive a designation (2). *T. cruzi* I is associated with the silvatic transmission cycle and infection of marsupials (3). *T. cruzi* II consists of five related subgroups, termed IIa, IIb, IIc, IId, and IIe (4), and is associated with the domestic transmission cycle and infection of placental mammals

www.sciencemag.org SCIENCE VOL 309 15 JULY 2005 409

Fuente: El Sayed *et al.* (2005).

En los años siguientes a la publicación de esta secuencia completa, numerosos artículos avanzaron en diferentes cuestiones relativas con el genoma del *T. cruzi*, casi siempre comenzando con una descripción

de la enfermedad de Chagas como problema público o de salud. Aunque la cantidad de artículos es gigantesca, haremos una breve selección de un puñado de ellos⁴. El biólogo argentino Martín Vázquez (2007) comenzó diciendo que el *Trypanosoma cruzi* es el causante de la enfermedad de Chagas en humanos, endémica en los países de América Latina, donde hay de 16 a 18 millones de personas afectadas, con más de 20.000 reportadas por año⁷. Y hacia el final de su investigación, formuló la promesa:

Los futuros de la genética de *T. cruzi* y el desarrollo de fármacos están en un camino de colisión [...]. He presentado varios ejemplos que sitúan a los tripanosomas en el límite de la evolución eucariótica con varios aspectos inusuales de su biología molecular y celular como regla general mientras que estas características son, en el mejor de los casos, la excepción de la regla en otros organismos. Con tal plétora de potenciales dianas farmacológicas derivadas de estos aspectos y una secuencia genómica terminada,

¿por qué no tenemos una serie de fármacos eficaces en ensayos clínicos para la enfermedad de Chagas? Esperemos que los genomas impulsen este proceso. (p. 9, traducciones mías)

Unos cuatro años después, un grupo del Department of Cell and Molecular Biology, del Karolinska Institutet en Estocolmo, Suecia comenzó con el mismo estribillo:

... el parásito protozoario *Trypanosoma cruzi*, agente causante de la enfermedad de Chagas, infecta a 7,7 millones de personas en América Latina y causa 12.500 muertes al año. La transmisión del parásito se produce sobre todo si las heces infectadas del insecto vector triatómico hematófago entran en contacto con las mucosas o con la piel erosionada. (Franzen *et al.*, 2011)

Y luego avanzó en algunas pistas para entender que el *T. cruzi* funciona como un organismo modelo:

Este estudio representa un avance significativo en el desentrañamiento de la diversidad de *T. cruzi* y fomenta la genómica comparativa de los linajes de *T. cruzi* y las especies relacionadas del subgénero *Schizotrypanum*. En la actualidad nos dedicamos a secuenciar otros representantes de TcI, y el tripanosoma *T. cruzi marinkellei*, aparentemente específico de los murciélagos. (Franzen *et al.*, 2011, traducción mía)

Otro artículo, más reciente, de investigadores de la School of Public Health and Tropical Medicine de la Tulane University (Estados Unidos), recuperó una hipótesis que había sido largamente abandonada desde hace varios años, la del desarrollo de una vacuna contra la enfermedad de Chagas. Según los autores:

Tripanosoma cruzi puede controlarse mediante vacunas en modelos animales, pero la identificación de antígenos eficaces representa uno de los pasos más críticos en el desarrollo de vacunas. Por ello, solo se ha probado empíricamente una diversidad limitada de antígenos del parásito como candidatos a vacunas. Más recientemente, los enfoques de genoma a vacuna, basados principalmente en la predicción de epítomos de células T, han surgido como poderosas estrategias para acelerar el desarrollo de vacunas. Paralelamente, la mayor disponibilidad de amplia información genómica sobre múltiples cepas de *T. cruzi* ofrece un importante recurso para la extracción de datos y la identificación de antígenos. Aquí presentamos algunas de las estrategias clave para la extracción del genoma de *T. cruzi* para el descubrimiento de antígenos y el desarrollo de vacunas. (Teh-Poot y Dumonteil, 2019, p. 23, traducción mía)

Veamos finalmente el más reciente (publicado hace unos pocos meses), de investigadores del Departamento de Biología Celular de la Universidad de Georgia (Estados Unidos). Como es habitual, comienza haciendo alusión a la enfermedad de Chagas: “El protozoo *Tripanosoma cruzi* establece casi siempre infecciones de por vida en los seres humanos y otros mamíferos, a pesar del desarrollo de potentes respuestas inmunitarias del huésped que limitan el número de parásitos”. Y avanza luego en cómo el análisis de las secuencias del genoma del *T. cruzi* podría servir para extrapolar los hallazgos sobre variabilidad genética hacia otros desafíos cognitivos:

Los eventos de amplificación de genes también producen variaciones significativas en el número de copias en un número sustancial de genes que presumiblemente no son necesarios o no están involucrados en la evasión inmune, formando así un segundo nivel de variación dependiente de la cepa en esta especie. La extrema flexibilidad del genoma evidente en *T. cruzi* también parece crear desafíos únicos con respecto a la preservación de las funciones centrales del genoma y la expresión génica que diferencia a esta especie de los kinetoplastidos relacionados [...]. Con estos genomas de alta calidad en la mano para estas cepas, ahora podemos probar las hipótesis modificando aún más estos conjuntos de genes y exponiendo tanto las líneas de parásitos de tipo salvaje como las modificadas a varios niveles de presión de selección y observando los genomas de los linajes que emergen. (Wang *et al.*, 2021, traducción mía)

El contexto de la promesa moderna: los genomas como Santo Grial

La promesa moderna se encabalga sobre un movimiento más amplio que tiene que ver con un nuevo abordaje para comprender la vida: el genoma completo de un organismo. Este enfoque es superior a los desarrollos previos de la biología molecular, dirigidos a encontrar genes –o proteínas– específicos para comprender o resolver cuestiones o preguntas particulares. Sin embargo, habiendo llegado a este punto, necesitamos hacer un desvío porque esta cuestión necesita un contexto: el Proyecto del Genoma Humano (HGP - Human Genome Project).

El HGP comenzó el “1 de octubre de 1990 y completado en abril del 2003 [...] nos dio la capacidad, por primera vez, de leer el plan genético completo de la naturaleza para construir un ser humano” (NIH, 2020). Su desarrollo técnico fue posible gracias a los avances que Sanger y Gilbert (entre otros) habían producido en el secuenciamiento de porciones de ADN a través de la introducción de métodos novedosos que luego serían automatizados por Leroy Hood en California (García, 2012; Dick y Jones, 2017).

Ya la primera definición suena, como mínimo, grandilocuente: uno de los protagonistas de la historia, el biólogo molecular, biotecnólogo y Premio Nobel Walter Gilbert señaló que el Proyecto del Genoma Humano podía responder a las preguntas: “¿qué es realmente lo específico del organismo humano?, ¿qué nos hace humanos? y

¿qué nos diferencia de los animales?” (Gilbert, 1992). Aún más, este desarrollo fue caracterizado por este mismo investigador (y retomado por muchos otros, vale agregar) como la búsqueda del Santo Grial, aquello que las ciencias de la vida habían estado buscando durante décadas, aunque sin duda con mayor énfasis desde 1953, cuando Watson y Crick dieron el conocido paso de la famosa “hélice de oro”, proponiendo la estructura del ADN bajo la forma de una doble hélice de pares de nucleótidos (Rose y Rose, 2012).

Las manifestaciones en torno de las promesas que se avecinaban con el secuenciamiento completo del genoma humano han estado, posiblemente, entre las mayores de la historia de la ciencia moderna, haciendo alusión a invocaciones que, a veces, bordean la ciencia ficción. Por ejemplo, un artículo publicado recientemente en la prestigiosa revista *Cell* señala que “vale la pena recordar que, independientemente de su impacto en la medicina, la secuenciación del genoma humano representa un logro monumental. Es el modelo que *literalmente específica cómo construir un ser humano*, incluso si aún no entendemos completamente los medios por los cuales lo hace” (Shendure *et al.*, 2019). Cualquier semejanza con el Frankenstein de Mary Shelley, publicado hace dos siglos, no parece una mera coincidencia. Yendo a cuestiones más precisas, otros autores señalaron que el HGP parecía avanzar hacia casi todos los terrenos:

La promesa del HGP va mucho más allá de la medicina hacia otras áreas de la ciencia. Además de sus muchas implicaciones para la medicina y la salud humana, lo cual incluye la detección de mutaciones, una evaluación del riesgo más exacta, diagnósticos de enfermedades más precisos, caracterización de daño genético y de los procesos de reparación mucho más veloz, y la identificación de fármacos de precisión basados en un conocimiento biológico más profundo, este proyecto internacional está creando tecnologías y recursos que serán aplicados a la caracterización de genomas de otros organismos vivos. Esta información nos proporcionará, a su vez, nuevas e importantes aplicaciones prácticas en energía, protección ambiental, agricultura y procesos industriales. (Debnath *et al.*, 2010)

Naturalmente, los cuestionamientos, tanto desde el campo CTS como desde el interior mismo del campo biomédico, se ocuparon de poner ciertos límites a estas promesas hiperbólicas. Así, Rose y Rose (2012) señala-

ron cierta “genetización” de la sociedad, denunciando con ironía que “hay genes para todo, desde la criminalidad hasta las compras compulsivas”, y agregaron que los genetistas del comportamiento han considerado que los genes son responsables desde la orientación sexual, la timidez femenina y la violencia masculina hasta las intenciones de voto, el respeto a la realeza y la inevitabilidad de una economía neoliberal. Los autores concluyeron señalando los peligros de que lo propio del ser humano sea subsumido en el material genético o que el genoma completo sea visto como aquello que constituye la identidad humana, retomando la conocida frase de Donna Haraway, “Genes R Us” (somos genes). Lewontin (2001), por su parte, reconoció que la mayor parte de los científicos que alimentan la promesa del HGP se preocupan por despegarse de todo determinismo genético. Sin embargo, parecen escribir más basados en las posibilidades teóricas que en su propia convicción. Hay, por lo tanto, un doble juego en el que la promesa avanza hacia todos los terrenos, como mecanismo de legitimación de sus avances y, digámoslo francamente, también como estrategia para la obtención de fondos, mientras que en lo que respecta a las posibilidades técnicas se muestran mucho más cautos.

Sin embargo, Lewontin, junto con otros autores, como Daniel Kevles (1992), Dorothy Nelkin y Lawrence Tancredi (1994), plantean que la importancia y los riesgos del Proyecto del Genoma Humano están menos en las promesas explícitas, como los nuevos tratamientos o las múltiples aplicaciones, que en el nacimiento (o el reforzamiento) de un nuevo determinismo biológico. Evelyn Fox Keller (2000) comparte parcialmente estas prevenciones, pero, con cierta ironía, les “baja el tono”. Celebra los logros alcanzados, pero considera, junto con algunos científicos, que en realidad el HGP es más bien un punto de partida para una nueva generación de investigaciones que un punto de llegada para la completa identificación del ser humano. De algún modo, el secuenciamiento del genoma de los diversos organismos fue “preparando el terreno” para el HGP, pero el sentido, las dimensiones que lo componen, los imaginarios y, sobre todo, sus objetivos y consecuencias me parecen bien diferentes. No he encontrado en la literatura ninguna alusión a la “identidad del ratón” y mucho menos de la mosca de la fruta en los importantes desarrollos de secuenciamiento de estos organismos, aunque la verdadera noción de organismo es puesta en cuestión a través del secuenciamiento de estas genomas (Fujimura y Fortun, 1996).

El secuenciamiento de diversos genomas puede estar basado en cuatro tipos de intereses diferentes, portadores, cada uno, de diversas “promesas”: 1) un interés *per se* en el organismo cuyo genoma se secuencia (por ejemplo, el caso del covid-19 y su uso en el desarrollo de vacunas); 2) un interés en la extrapolación de los resultados de esa especie sobre otras especies (generalmente hacia humanos); 3) un interés en identificar mecanismos biológicos que ayuden a comprender problemas teóricos o técnicos más o menos generales (el caso más frecuente es el de la mosca de la fruta o el pez cebra); 4) un interés en el genoma identificado y la interacción de ese organismo con otros (es lo más común en organismos patógenos, como virus, bacterias o parásitos). Estos objetivos, a pesar de ser enunciados en forma explícita por los propios investigadores, no son tan lineales como parecen, porque se encuentran entrelazados con las motivaciones cognitivas de largo plazo inscriptas en las tradiciones de investigación (no necesariamente explícitas), así como con las dimensiones políticas que las atraviesan.

Análisis y conclusión: lo que las promesas dicen y lo que ocultan

En las formulaciones sobre el secuenciamiento del *T. cruzi* observamos que el problema parece haberse despegado completamente de su contexto de origen: al margen de la referencia inicial a los muchos millones de infectados en América Latina con el que comienzan casi todos los *papers*, el estudio del *T. cruzi* reconvirtió un problema local, anclado en los ranchos, hacia un parásito manipulable en el laboratorio. Ni siquiera hace falta la sangre infectada de los humanos: para los fines del estudio, los parásitos han sido cultivados en ratones (en Minas Gerais y en São Paulo). Así, la más moderna de las promesas, organizada en torno del secuenciamiento del genoma del *T. cruzi*, nos dice:

1. No tiene sentido pensarlo como un problema de pobreza, ni de estructura social, puesto que no podemos hacer nada al respecto. Es mejor dejarlo de lado y proponer soluciones más eficaces. Esta formulación excluye, de facto, tanto las soluciones basadas en otros conocimientos científicos, y otras formas de intervención social, como la fumigación de las viviendas rurales, las estrategias de concientización de las poblaciones o el control diagnóstico sistemático de los recién nacidos.
2. En segundo lugar, frente a todos los abordajes que, en términos de conocimientos, se produjeron en el pasado (y que no lograron aportar una solución definitiva), venimos a proponer un enfoque que es claramente más avanzado: este nuevo abordaje permite *comprender la vida*. ¿Cómo oponerse a un enfoque que promete develarnos los secretos de la vida? Incluso los enfoques de la biología molecular, la genética o las biotecnologías solo podían analizar segmentos del ADN del parásito (genes o proteínas específicos) para encontrar “blancos en dónde atacarlo con moléculas específicas”. Pero eran enfoques parciales. Ahora estaremos en condiciones de comprender al organismo en su conjunto (el genoma es su “esencia”) y por lo tanto de diseñar una estrategia más exhaustiva. Gracias a estos desarrollos, podemos ver “todo el mapa” del *T. cruzi* y, por lo tanto, atacarlo con una estrategia “racional” y no dando golpes de ciego en las zonas iluminadas del paradigma, como diría el viejo Kuhn.
3. Estamos trabajando en las *fronteras más modernas de la Ciencia*, con las técnicas más avanzadas y en grandes redes con los grupos más prestigiosos del mundo. Las soluciones que pertenecen a los abordajes y disciplinas tradicionales deben ser excluidos. El secuenciamiento de genomas completos se ubica en la punta de las investigaciones actuales, en la convergencia de diversos campos disciplinarios y en modos de organización de la ciencia que son claramente superiores a las dinámicas “tradicionales”: la organización de grandes redes para acometer tareas de mayor complejidad técnica, con equipos localizados en diferentes partes del planeta, trabajando en forma colaborativa y compartiendo sus resultados en tiempo real, forma parte de la emergente “Mega Science”, y ello es portador de un potencial mucho mayor que las formas previas de organización del trabajo (Feld y Kreimer, 2019; Kreimer, 2019).
4. Nuestros trabajos se inscriben en *nuevos campos disciplinarios*, que pueden dar cuenta de problemas más complejos: la genómica (grandes bases de datos de genes) y la proteómica (grandes bases de proteínas) son las disciplinas emergentes que habrán de reconfigurar el campo de la biología y generar nuevos tipos de promesas de un horizonte mucho mayor. En efecto, como ya señalamos, *los campos científicos y las promesas tecnocientíficas se*

coproducen mutuamente. Por un lado, la formulación de nuevas promesas, “trayendo el futuro al presente”, legitima el papel de estos nuevos campos como medios adecuados para el logro de dichas construcciones de futuro. Recíprocamente, la capacidad de transmitir innovación y modernidad por parte de los campos emergentes otorga mayor verosimilitud a las promesas.

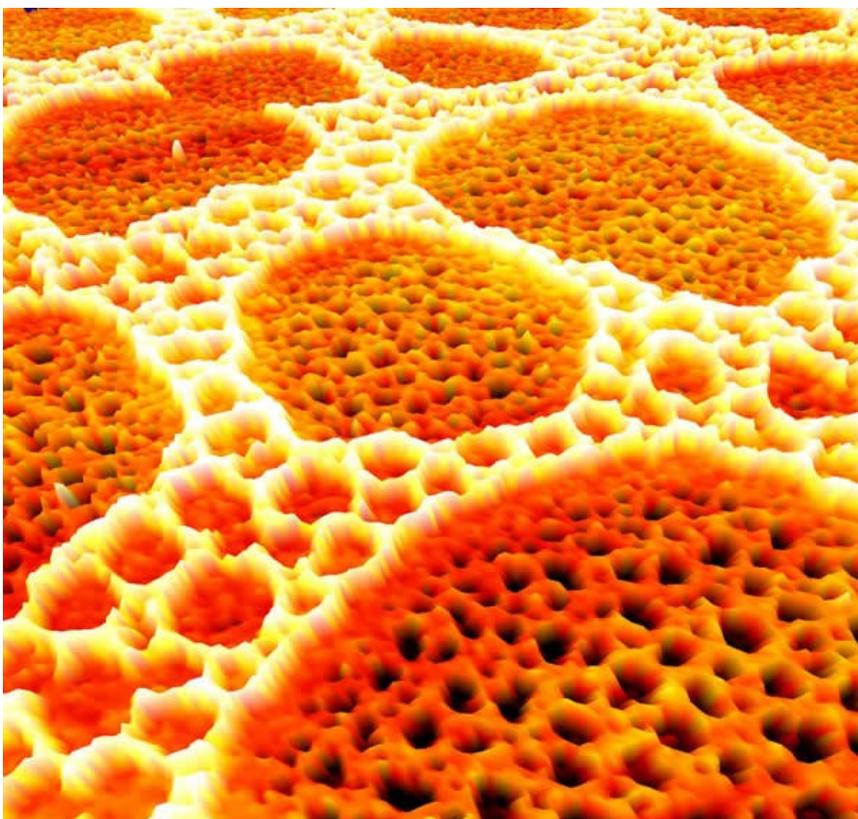
5. Si todo lo previo se confirma, entonces estaremos en condiciones de proveer nuevas herramientas para resolver el problema social: podremos obtener los conocimientos para generar una nueva generación de diagnósticos, tratamientos y, sobre todo, de fármacos, que permitan luchar en forma mucho más eficiente contra la enfermedad.
6. Finalmente, la promesa llega a su punto crucial: a través del secuenciamiento del genoma del *T. cruzi* podremos curar a los enfermos y resolver el problema de la enfermedad de Chagas.

Sin embargo, el abordaje del *T. cruzi* no se refiere a un problema universal. La enfermedad de Chagas afecta, en su transmisión vectorial, casi exclusivamente a los países de América Latina, si bien esta situación parece estar cambiando como producto de la globalización y las migraciones⁵. Cuando uno observa la composición del consorcio de SGTc, advierte que más de la mitad de los laboratorios participantes son latinoamericanos (13 sobre 21) y que la mayor parte de esos investigadores forman parte de las élites científicas de sus respectivos países. Es más, el clon elegido para el secuenciamiento fue el desarrollado por el parasitólogo brasileño Zigman Brener en Minas Gerais, Brasil. Sin embargo, la coordinación del proyecto fue realizada por Najib El Sayed, del TIGR (The Institute for Genomic Research), de la Universidad de Washington, en Seattle, y Bjorn Andersson, del Instituto Karolinska, de Suecia.

Uno debe preguntarse, por lo tanto, ¿cuál es el interés de estos grupos en liderar un proyecto sobre el agente causal de la enfermedad de Chagas, que en principio parece tan lejano de sus riesgos y de sus preocupaciones? La respuesta debe ir en varios niveles: el primero, acerca de los procesos de industrialización del conocimiento. Suponiendo que el secuenciamiento de este genoma pueda llevar a la producción de nue-

vos fármacos, cabe interrogarse sobre dónde podrían llevarse a cabo estos desarrollos. Sabemos acerca de las dificultades crónicas de los países en desarrollo para industrializar conocimientos científicos, cuyas causas son de índole variable, desde el desinterés de las empresas localizadas en estos contextos por hacer inversiones intensivas en conocimientos, la falta de un tejido industrial en condiciones de acometer la tarea, la ausencia o debilidad de los incentivos propios del contexto, hasta la baja relevancia social y económica de los conocimientos producidos localmente. Sea por alguna de estas razones, o por la combinación de varias de ellas, lo cierto es que esta deficiencia crónica –salvo algunas excepciones– no se ha podido revertir. Así, es plausible conjeturar que, de obtenerse un conocimiento industrializable, este sería mucho más probablemente desarrollado por laboratorios industriales con vínculos en los países hegemónicos (Estados Unidos, Suecia, etc.) que en América Latina. Refuerza esta presunción el hecho de que el sitio actual adonde deriva la búsqueda del TIGR es el J. Craig Venter Institute, en cuyo sitio de internet, bajo la rúbrica “Research-Health-Parasitology” encontramos la siguiente descripción: “Nuestros investigadores se centran en estudios que involucran mecanismos de infección de parásitos, diagnóstico y vigilancia de parásitos, desarrollo de medicamentos antiparasitarios y vacunas, inmunidad del huésped y control de la infección”. Es difícil imaginar que pequeños laboratorios latinoamericanos puedan competir con un gigante como J. Craig Venter. De todos modos, ese no parece ser un problema, por ahora, como veremos a continuación.

El segundo nivel de análisis nos lleva a interrogarnos por la verdadera naturaleza de la construcción del *T. cruzi* como objeto de estudio. Señalamos antes que, en paralelo con el desarrollo del secuenciamiento del genoma humano, se fueron secuenciando los genomas de diversos organismos llamados “modelos”, como la mosca de la fruta, la *Arabidopsis*, *Escherichia coli*, el ratón, etc. El *T. cruzi* no parecería encajar dentro de esta categoría. Sin embargo, veamos un ejemplo muy ilustrativo: en el 2005, en una reunión organizada por el TDR (Tropical Diseases Research Program) de la Organización Mundial de la Salud (participaban allí los mayores especialistas mundiales en Chagas), tuve la oportunidad de preguntarles –en una charla informal– a diversos investigadores cuál era el interés de trabajar tan intensamente sobre el *T. cruzi*. Varios de ellos me respondieron que era un punto de observación par-



▪ *Redes multiescala de nanopartículas de oro sobre silicio, 2009* | Capturada por: Mathew Blunt, Universidad de Nottingham (Reino Unido). Exposición "Un paseo por el nanomundo": icmm.csic.es

ticamente interesante para estudiar mecanismos y procesos biológicos significativos, al tiempo que era un recurso relativamente fácil de conseguir, ya que había suficientes muestras disponibles, y también de fácil mantenimiento y provisión. Le pregunté entonces a un biólogo argentino residente en Estados Unidos si lo que se podía investigar en este parásito, por ejemplo, en términos de la regulación de la expresión genética, podría ser extrapolable a otros organismos o problemas, y me respondió “¡ese es, exactamente, el interés biológico!”.

Esto nos lleva al tercer nivel de análisis. El proyecto SGTc, al igual que otras megaredes en las que participan grupos latinoamericanos, está organizado sobre la base de profundas asimetrías que se observan en el acceso al financiamiento, la capacidad diferenciada de imponer los temas de la agenda, las dimensiones técnicas, los recursos conceptuales, así como en la desigual división del trabajo al interior de dichas redes. Dicho de otro modo, los grupos latinoamericanos tienen escasas capacidades para incidir sobre los aspectos sustantivos del funcionamiento de dichas redes, así como –esencial en el caso que nos ocupa– para industrializar el conocimiento resultante de ellas, por las razones apuntadas más arriba. La dinámica de los campos científicos en los contextos no hegemónicos suele organizarse de un modo imitativo en relación con los centros más desarrollados. Así, si las promesas

tecnocientíficas se coproducen junto con la emergencia y consolidación de nuevos campos en la escala internacional, la capacidad de orientar esas promesas como parte de los programas de investigación de los nuevos campos emergentes es muy limitada y, consecuentemente, el riesgo de generar “promesas incumplidas” es mucho mayor.

Por otro lado, se podría argumentar que los nuevos campos emergentes, como la genómica y la proteómica, presentan un carácter mucho más abierto en cuanto a la puesta en disponibilidad de sus resultados de investigación que lo que ocurría en épocas anteriores. Esto es muy discutible, y ha sido hartamente discutido, tanto en sus potencialidades como en las restricciones reales que comprometen la propiedad intelectual. En el caso del genoma del *T. cruzi*, en efecto, todas las secuencias se encuentran disponibles en línea, de forma abierta y, en principio, son accesibles para todo aquel que se interese en ello. Sin embargo, una vez más, esta formulación nos oculta algo: ¿cuáles son las competencias necesarias para poder identificar aquello que resulta significativo en dichas bases de datos? Naturalmente, solo un pequeño grupo de expertos está en condiciones de hacerlo, ya que las barreras cognitivas a su entrada son muy altas y se requiere de la acumulación de conocimiento experto y sofisticado. Digamos, como ejemplo, que las bases de datos pueden estar abiertas tanto a parasitólogos africanos como a todo tipo de laboratorios farmacéuticos industriales internacionales. ¿Quiénes de ellos podrán sacar mayor provecho en términos de la industrialización de dichos conocimientos? En consecuencia, el análisis de las promesas tecnocientíficas es un campo fértil para observar diversas cuestiones que están enmarañadas en un tejido de discursos, prácticas, representaciones, relaciones de poder y recursos materiales y simbólicos, pero debemos observar tanto aquello que aparece en forma explícita como aquello que se omite.

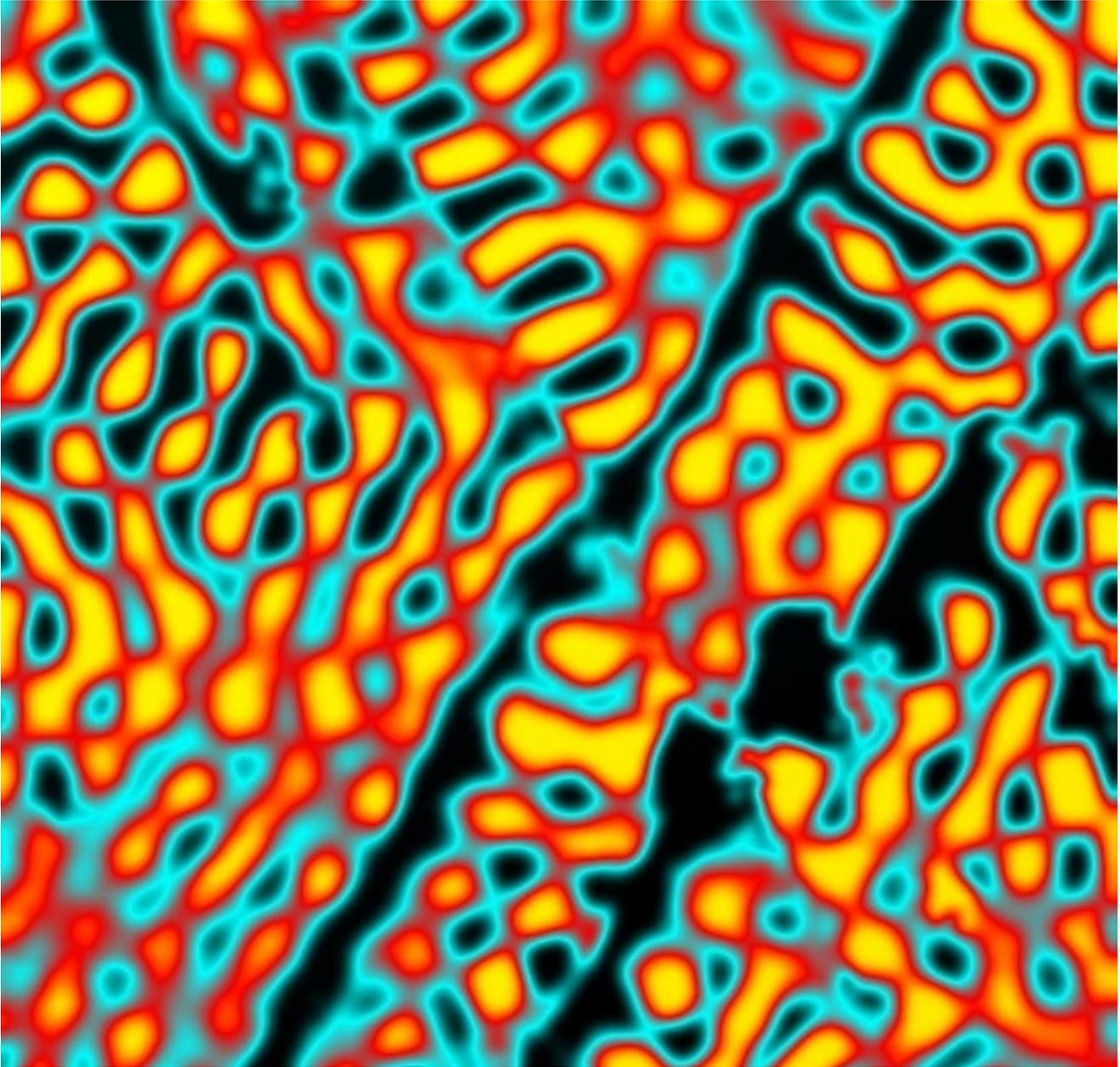
Notas

1. Hay todo un campo semiexplorado, en relación con la construcción de promesas tecnocientíficas en el cine y en la literatura. Lamentablemente, tanto por razones de espacio como de organización, debemos dejar fuera de este texto el análisis de esas apasionantes producciones.
2. Esta operación podría leerse, con el arsenal teórico de la Teoría de Actor-Red (TAR), como la fabricación de un “punto de pasaje obligado” por parte de Chagas, quien operaría como un “vocero” del parásito y reclutaría a Mazza como parte de su estrategia de ampliar la red de alianzas. No es esta la perspectiva que me interesa en este artículo, pero he realizado este ejercicio como una suerte de divertimento en relación con el *T. cruzi*, para mostrar tanto sus aportes como sus limitaciones. Véase Kreimer (2019).
3. El desarrollo de sucesivas construcciones disciplinarias socio-cognitivas, y sus respectivas estrategias de intervención pública a lo largo de un siglo se puede consultar en Kreimer (2016).
4. La cantidad de artículos publicados sobre Chagas es de más de 25.000 en los últimos años. De ellos, más de la mitad corresponden al estudio del *Trypanosoma cruzi*. Para un análisis de los *papers* publicados en las últimas décadas, véase Levin, Kreimer y Jensen (2021).
5. Es necesario notar que, en su transmisión a través bancos de sangre y de la vía intraplacentaria, su incidencia ha crecido mucho en los últimos años en contextos en los cuales antes no existía la enfermedad, como en diversos países europeos y en los Estados Unidos. En este último país se ha observado también, en forma creciente, casos de transmisión vectorial (es decir, a través de los insectos). Para un análisis de la situación en los Estados Unidos, véase Bern et al. (2020); y, para el caso europeo, Strasen et al., 2013.

Referencias bibliográficas

1. ANDERSON, W. (2009). From Subjugated Knowledge to Conjugated Subjects: Science and Globalisation, or Postcolonial Studies of Science? *Postcolonial Studies*, 12(4), 389-400.
2. AUDÉTAT, M. (2015). Why so Many Promises? The Economy of Scientific Promises and its Ambivalences. En M. Wienroth y E. Rodrigues (eds.), *Knowing New Biotechnologies. Social Aspects of Technological Convergence*. Routledge.
3. BERN, C., Messenger, L. A., Whitman, J. D. y Maguirec, J. (2020). Chagas Disease in the United States: A Public Health Approach. *Clinical Microbiology Review*, 33, e00023-19. <https://doi.org/10.1128/CMR.00023-19>.
4. CALLON, M. (1986). Some elements of a sociology of translation: Domestication of the Scallops and the Fishermen of St Brieuc Bay. En J. Law (ed.), *Power, Action and Belief: A New Sociology of Knowledge* (pp. 196-223). Routledge.
5. COLLINS, H. (1981). Stages in the Empirical Programme of Relativism. *Social Studies of Science*, 11(1), 3-10. [10.1177/030631278101100101](https://doi.org/10.1177/030631278101100101)
6. DEBNATH, M., Prasad, P. y Bisen, P. (2010). *Molecular Diagnostics: Promises and Possibilities*. Springer.
7. DICK, B. y Jones, M. (2017). The Commercialization of Molecular Biology: Walter Gilbert and the Biogen Startup. *History and Technology*. [0.1080/07341512.2017.1338554](https://doi.org/10.1080/07341512.2017.1338554)
8. DREXLER, E. K. (1992). *Nanosystems: Molecular Machinery, Manufacturing and Computation*. Wiley Interscience.
9. EL SAYED, N. et al. (2005). The Genome Sequence of *Trypanosoma cruzi*, Etiologic Agent of Chagas Disease. *Science*, 309.
10. FELD, A. y Kreimer, P. (2019), Scientific Co-operation and Centre-periphery Relations. Attitudes and Interests of European and Latin American Scientists. *Tapuya: Latin American Science, Technology and Society*. <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/25729861.2019.1636620>
11. FERPOZZI, H. (2020). Straight Outta the Tropics: Pathological Features of Techno-scientific Promises in Neglected Tropical Disease Research. *Tapuya: Latin American Science, Technology and Society*. <https://doi.org/10.1080/25729861.2020.1819078>
12. FOX KELLER, E. (2000). *The Century of the Gene*. Harvard University Press.
13. FOX KELLER, E. (2002). *Making Sense of Life. Explaining Biological Development with Models, Metaphors, and Machines*. Harvard University Press.
14. FRANZEN, S. et al. (2011). Shotgun Sequencing Analysis of *Trypanosoma cruzi* I Sylvio X10/1 and Comparison with *T. cruzi* VI CL Brener. *Plos Neglected Tropical Diseases*. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0000984>
15. FRASCH, A. C., Verdun, R. y Sanchez, D. (1999). Organización de la Red para el Estudio del Genoma de *Trypanosoma cruzi*. *Medicina*, 59(II), 4-6.
16. FUJIMURA J. y Fortun, M. (1996). Constructing Knowledge Across Social Worlds: The Case of DNA Sequence Databases in Molecular Biology. En L. Nader (ed.), *Naked Science: Anthropological Inquiry into Boundaries, Power, and Knowledge* (pp. 160-173). Routledge.
17. GARCÍA SANCHO, M. (2012). *Biology, Computing, and the History of Molecular Sequencing. From Proteins to DNA, 1945-2000*. Palgrave Macmillan.

18. GILBERT, W. (1992). A Vision of the Grail. En D. Kevles y L. Hood (eds.), *The Code of Codes: Scientific and Social Issues in the Human Genome Project*. Harvard University Press.
19. HARDING, S. (2008). *Sciences from Below. Feminisms, Postcolonialities, and Modernities*. Duke University Press.
20. JACOB, M. y Hallonsten, O. (2012). The Persistence of big Science and Megascience in Research and Innovation Policy. *Science and Public Policy*, 39, pp. 411-415. 10.1093/scipol/scs056
21. JOLY, P. B. (2010). On the Economics Of Techno-scientific Promises. En M. Akrich, Y. Barthe, F. Muniesa y Ph. Mustar (dirs.), *Débordements. Mélanges offerts à Michel Callon*. Presses des Mines.
22. KEVLES, D. (1992). The Historical Politics of the Human Genome. En D. J. Kevles y L. Hood (eds.), *The Code of Codes: Scientific and Social Issues in the Human Genome Project* (pp. 136-63). Harvard University Press.
23. KREIMER, P. (2006). ¿Dependientes o integrados? La ciencia latinoamericana y la nueva división internacional del trabajo. *Nómadas*, 24, 199-212.
24. KREIMER, P. (2010). *Ciencia y periferia. Nacimiento, muerte y resurrección de la biología molecular en la Argentina. Aspectos sociales, políticos y cognitivos*. Eudeba.
25. KREIMER, P. (2016). Co-producing Social Problems and Scientific Knowledge: Chagas Disease and the Dynamics of Research Fields in Latin America. En M. Merz y P. Sormani (eds.), *The Local Configuration of New Research Fields. On Regional and National Diversity*. Springer.
26. KREIMER, P. (2019). *Science and Society in Latin America. Peripheral Modernities*. Routledge/Taylor & Francis.
27. KREIMER, P. y Zukerfeld, M. (2014). La explotación cognitiva: tensiones emergentes en la producción y uso social de conocimientos científicos, tradicionales, informacionales y laborales. En P. Kreimer, H. Vessuri, L. Velho y A. Arellano (eds.), *Perspectivas latinoamericanas en el estudio social de la ciencia, la tecnología y la sociedad* (pp. 178-193). Siglo XXI.
28. KRIGE, J. (2006). *American Hegemony and the Postwar Reconstruction of Science in Europe*. MIT University Press.
29. LEVIN, L., Kreimer, P. and Jensen, P. (2021) Chagas Disease across Contexts: Scientific Knowledge in a Globalized World. *Medical Anthropology*, DOI: 10.1080/01459740.2021.1946805
30. LATOUR, B. (1983). Give Me a Laboratory and I Will Raise the World. En K. Knorr Cetina y M. Mulkay (eds.), *Science observed* (pp. 141-170). Sage.
31. LATOUR, B. (1984). *Les microbes. Guerre et Paix*. Métailié.
32. LAW, J. y Lin, W. (2017). Provincializing STS: Postcoloniality, Symmetry, and Method. *East Asian Science, Technology and Society*, 11(2), 211-227.
33. LEWONTIN, R. (2001). *It Ain't Necessarily So: The Dream of the Human Genome and Other Illusions*. New York Review of Books.
34. MORANGE, M. (1998). *La part des gènes*. Odile Jacob.
35. MÜLBERGER, A. y Navarro, J. (2018). The Promises of Science. Historical Perspectives. *Centaurus*, 59, 167-172.
36. NELKIN, D. y Tancredi, L. (1994). *Dangerous Diagnostics. The Social Power of Biological Information*. University of Chicago Press.
37. NIH (2019). The Human Genome Project. <https://www.genome.gov/human-genome-project>.
38. NOWOTNY, H. (2016). *The Cunning of Uncertainty*. Polity Press.
39. MORMANN, T. (2017). Scientific worldviews as promises of science and problems of philosophy of science. *Centaurus*, DOI: 10.1111/1600-0498.12159
40. ROSE, H. y Rose, S. (2012). *Genes, Cells, and Brains: The Promethean Promises of the New Biology*. Verso.
41. SELIN, C. (2007). Expectations and the Emergence of Nanotechnology. *Science, Technology & Human Values*, 32(2), 196-220.
42. SHENDURE, J., Findlay, G. M. y Snyder, M. W. (2019). Genomic Medicine—progress, Pitfalls, and Promise. *Cell*, 177(1), 45-57. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2019.02.003>.
43. STRASEN, J., Williams, T., Ertl, G., Zoiller, T., Stich, A. y Ritter, O. (2013). Epidemiology of Chagas Disease in Europe: Many Calculations, Little Knowledge. *Clinical Research in Cardiology*. 10.1007/s00392-013-0613-y
44. TEH-POOT, C. y Dumonteil, E. (2019). Mining Trypanosoma cruzi Genome Sequences for Antigen Discovery and Vaccine Development. T. Cruzi Infection. *Methods in Molecular Biology*, 1955, 23-34. doi:10.1007/978-1-4939-9148-8_2
45. VÁZQUEZ, M. (2007). The Genetics and Genomics of Trypanosoma cruzi. *International Journal of Biomedical and Pharmaceutical Sciences*, 1(1), 1-11.
46. VERRAN, H. (2002), A Postcolonial Moment in Science Studies: Alternative Firing Regimes of Environmental Scientists and Aboriginal Landowners. *Social Studies of Science*, 32, 729-62.
47. WANG, W., Peng, D., Baptista, R. P., Li, Y. y Kissinger, J. C. (2021). Strain-specific Genome Evolution in Trypanosoma cruzi, the Agent of Chagas Disease. *PLOS Pathogens*, 17(1), e1009254. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1009254>
48. ZABALA, J. P. (2010). *La enfermedad de Chagas en la Argentina. Investigación científica, problemas sociales y políticas sanitarias*. Universidad Nacional de Quilmes.



▪ "*Psocoondas*", ondas electrónicas sobre una superficie metálica, 2009 | Capturada por: Miguel Moreno, Universidad Autónoma de Madrid (España).
Exposición "Un paseo por el nanomundo": icmm.csic.es