

Colecciones de cultivos de levaduras como infraestructuras: Entre referencias, cultivos, secuencias y ecología

Santiago M. Kaderian

 <https://orcid.org/0000-0002-4748-8862>

Universidad Nacional de Río Negro, Instituto de Estudios en Ciencia, Tecnología, Cultura y Desarrollo (CITECDE)

Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Sociales

Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)

smkaderian@unrn.edu.ar

RESUMEN

Las colecciones de cultivos pueden interpretarse como infraestructuras cuyo rol es la preservación, clasificación e investigación de microorganismos. Las colecciones de referencia son citadas en artículos científicos, son fuentes de materiales e información en actividades de investigación, desarrollo y producciones industriales. En este trabajo se comienza abordando su uso como referencia en los artículos científicos y luego se analiza la problematización de encargados de las colecciones en cuanto a las implicancias de las tecnologías asociadas a la identificación de levaduras y la emergencia de la biodiversidad y la ecología como temáticas. El eje conceptual del artículo se basa en conceptualizaciones de infraestructura desde los estudios sociales de la ciencia y la tecnología. A nivel metodológico el abordaje es cualitativo y se utiliza análisis de documentos, artículos científicos y handbooks. Además, se realizaron consultas a investigadores como guía técnica. Los hallazgos tienen que ver con lo transversal del problema de los datos insuficientes respecto a ecología y otras dimensiones por parte de los científicos encargados de colecciones de referencia, la emergencia de la biodiversidad como noción asociada a políticas internacionales y problemas globales, así como los efectos científicos y técnicos de las nuevas tecnologías de identificación en modalidades de investigación.

Palabras clave: *Levaduras, Microorganismos, Colecciones de cultivo, Genómica, Biodiversidad, Estudios sociales de la ciencia y la tecnología*



Yeast Culture Collections as Infrastructures: Between References, Cultures, Sequences, and Ecology

ABSTRACT

Culture collections can be interpreted as infrastructures whose role is the preservation, classification and research of microorganisms. Reference collections are cited in scientific articles and are sources of materials and information in research, development activities and in the industrial sector. This paper begins by addressing its use as a reference in scientific articles and then analyzes the problematization of collection managers in terms of the implications of the technologies associated with yeast identification and the emergence of biodiversity and ecology as themes. The conceptual axis of the article is based on the conceptualizations of infrastructure from Social Studies of Science and Technology. The article has a qualitative approach and uses document analysis, in scientific articles and handbooks, as well as consultations with researchers as a technical guide. The findings have to do with the transversal nature of the problem of insufficient data regarding ecology and other dimensions as pointed out by scientists in charge of reference collections, the emergence of biodiversity as a notion associated with international policies and global problems, and the scientific and technical effects of new identification technologies in research modalities.

Keywords: Yeasts, Microorganisms, Culture collections, Genomics, Biodiversity, Social Studies of Science and Technology

INTRODUCCIÓN

El mundo de los microbios ha tomado renovado interés en las ciencias sociales en temáticas como: los microbiomas humanos (Lorimer, 2016; Greenhough *et al.*, 2020; Nuñez Casal, 2024), los biobancos genéticos y colecciones (Tarkkala, 2019; Keck, 2023; Grünfeld & Tybjerg, 2023), la resistencia antimicrobiana (Cañada *et al.*, 2022), la levadura como organismo modelo y la genómica (Szymanski *et al.*, 2019), el pospasteurianismo y los alimentos artesanales fermentados (Paxson, 2008; Hey, 2020; Furness, 2022) y la producción de biocombustibles (Ehrenstein & Rudge, 2024). Las colecciones de microorganismos han sido definidas como centrales en las modernas ciencias biológicas y biomédicas, en el seguimiento de material genético y enfermedades y en la preservación de material en peligro (Grünfeld & Tybjerg, 2023). Las temporalidades que surgen de la conservación, cuidado y mantenimiento de objetos obtenidos en diferentes espacios y tiempos abren posibilidades para la producción de conocimiento (Grünfeld & Tybjerg, 2023). Las colecciones más reconocidas se asocian a bancos de semillas, muestras genéticas humanas y virus, y su importancia es relativa a su incidencia en alimentación, salud y catástrofes como epidemias y pandemias (Bonneuil, 2019; Tarkkala, 2019; Keck, 2023). Hacia los años 2000, emergen proyectos orientados a la integración de datos de agencias gubernamentales, laboratorios científicos y coleccionistas aficionados a nivel mundial (Bowker, 2006). Según Bowker (2006), los grandes proyectos de infraestructura paradójicamente continúan los «archivos imperiales» y, al mismo tiempo, posibilitarían la actuación sobre los problemas mundiales como la pérdida de biodiversidad y la destrucción ambiental. Por su parte, la investigación bioinformática y computacional, así como la inversión en infraestructuras de datos, han hecho crecer y consolidar las bases de datos biológicas (Lenoir, 1999; Leonelli, 2016; Strasser, 2019). Sin embargo, las entidades biológicas, y no solo la información en formato digital, poseen relevancia.

Las colecciones de microorganismos están generalmente asociadas a universidades, agencias gubernamentales, centros de investigación o a empresas e

industrias. La mayoría de las colecciones llamadas «de referencia» se encuentran en países centrales, y son reconocidas por revistas y comunidades científicas, organizaciones internacionales regulatorias de biodiversidad y de comercio. Su centralidad se basa en su prestigio, estándares, seguridad, financiamiento, servicios, sus equipos de trabajo y organización. Los laboratorios o grupos de investigación poseen colecciones para uso local que varían en grado de institucionalidad, cantidad de recursos y trayectoria.

En este trabajo se exploran y analizan problemáticas relacionadas con las colecciones de referencia de levaduras a partir de discursos de encargados de colecciones. Para ello, se aborda su función como referencia en los artículos científicos y luego la problematización de encargados de las colecciones de levaduras. Esto comprende los efectos de tecnologías en modalidades de investigación y en las bases de datos, así como la emergencia de la biodiversidad y la ecología como temáticas en las investigaciones de levaduras. Las colecciones de microorganismos pueden interpretarse como infraestructuras, este concepto forma parte de conceptualizaciones como los sistemas tecnológicos, las redes sociotécnicas y tecnoeconómicas, los centros de cálculo y paquetes estandarizados (Latour, 1987, 1990; Callon, 1990; Fujimura, 1992; Callon, 2002; Loconto & Busch, 2010; Hughes, 2012; Slota & Bowker, 2017). Desde la economía de la innovación se ha caracterizado a las infraestructuras como recursos colectivos para la producción que aprovechan las «externalidades de red» por su uso masivo (Smith, 1997). Siguiendo a Star y Ruhleder (1996) y Star (2010), las infraestructuras pueden definirse como estructuras mantenidas por arreglos de trabajo y utilizadas por múltiples usuarios. Las mismas se encuentran dentro de otras estructuras sociales y tecnológicas y se construyen en capas sobre una base instalada. Estas pueden encontrarse relacionadas al conocimiento de ciertas comunidades y pueden conformar, y ser conformadas, por convenciones de la comunidad. Su carácter sistémico puede brindarle alcance temporal, espacial y la transparencia de funcionamiento que se torna visible en momentos de cambios, fallos y averías.

En la primera sección del artículo se trata la metodología y fuentes utilizadas y en la segunda sección se brinda un contexto histórico sintético de la microbiología, bases de datos y las colecciones microbiológicas. En la tercera sección se presentan problematizaciones por parte de encargados de colecciones de levaduras, sus funciones y recursos. La cuarta sección trata el uso de las colecciones como referencias en artículos. En la quinta sección se tratan los cambios y problemas que emergen de nuevas tecnologías y modalidades de investigación en levaduras.

Y en la sexta y última sección se trata la relación de ambientes naturales y la noción de biodiversidad y ecología en la investigación en levaduras.

METODOLOGÍA Y FUENTES

Este artículo surge de inquietudes de proyectos de investigación y el trabajo en una tesis doctoral, desde abordajes de los estudios sociales de la ciencia y la tecnología, donde se ha detectado la importancia de las colecciones de cultivos microbiológicos para el trabajo en taxonomía, biotecnología y la industria de alimentos y bebidas.¹ El estudio de casos realizado se ha centrado en la trayectoria de grupos de investigación microbiológica de universidades públicas nacionales localizadas en la provincias de Neuquén y de Río Negro, en Argentina. Estos grupos se encontraban dedicados a temas como la microbiología de levaduras de ambientes naturales y artificiales y biotecnología de alimentos y bebidas. De sus trabajos se toman algunos ejemplos para observar el uso de las colecciones en artículos científicos y se han realizado consultas a investigadores a modo de guía técnica.

En el presente trabajo el relevamiento de información y su análisis tienen un enfoque cualitativo y se utiliza análisis de documentos (Hodder, 2000; Creswell, 2007; Bowen, 2009). A nivel conceptual y contextual se tienen en cuenta estudios de caso y de historia de la ciencia y la tecnología relacionados con las infraestructuras sobre la investigación científica-tecnológica, la biotecnología, la microbiología y las bases de datos biológicas. Los materiales (véase sección Fuentes) utilizados como fuentes son artículos científicos y capítulos de libros de texto (*handbooks*) de biodiversidad, ecología y taxonomía de levaduras pertenecientes a encargados de colecciones de referencia y especialistas en temáticas como la ecología o las técnicas de identificación. Como actores con posiciones relevantes en un campo, sus producciones señalan y constituyen problemas, objetos y sujetos e inscriben relaciones, límites y dominios (Nimmo, 2011). Los materiales son tomados como fuentes primarias, aunque en parte también son fuentes secundarias en relación con datos contextuales fehacientes, como podría ser el número de colecciones o su ubicación. Los materiales poseen distintos años de publicación (2006 a 2022) y se combinan en secciones temáticamente vinculadas junto con las conceptualizaciones y contextos para constituir una narrativa descriptiva y explicativa.

¹ La tesis doctoral fue realizada en el marco del Doctorado de Ciencias Sociales de la Facultad de Ciencias Sociales de la Universidad de Buenos Aires. Para una síntesis del caso analizado véase Kaderian y Aguiar (2022).

A partir de ello, se trata de analizar lo social y lo técnico entramado o, en otras palabras, cómo los actores problematizan aspectos sociales, institucionales y técnicos en el marco de su campo disciplinar e institucional y su asociación a aspectos tecnológicos y de producción de conocimiento. Las problematizaciones en los discursos de técnicos y científicos establecen escenarios donde los conocimientos y tecnologías pueden o podrían actuar (Law, 1986; Latour, 1987; Callon, 1998). Además de los problemas que podrían resolver y sus escenarios de acción, también buscan interesar a distintos actores como colegas, empresas o hacedores de política pública de su país o a nivel internacional. En el análisis se relevan discursos y narrativas que tienen que ver con las funciones de las colecciones, sus problemas, nuevas tecnologías y abordajes de la ecología y biodiversidad en levaduras.

CONTEXTO HISTÓRICO: MICROBIOLOGÍA, BIOTECNOLOGÍA Y COLECCIONES DE CULTIVOS

Las colecciones de cultivo comienzan a fines del siglo XIX con las emergentes técnicas microbiológicas. Por su actividad de preservación y clasificación remiten a museos, colecciones naturalistas y académicas de entidades biológicas, piezas arqueológicas, paleontológicas o geológicas. Las primeras colecciones tuvieron un rol aplicado para la industria y la academia en salud, agricultura, producción de alimentos, bebidas y compuestos químicos. Durante y luego de la Segunda Guerra Mundial, las colecciones tuvieron un rol preponderante con el desarrollo de la penicilina y antibióticos provenientes de hongos y su escalado (Bud, 2007).² A nivel de investigación biológica, hacia década de 1940, la microbiología entra en la corriente principal de la biología molecular y la genética (O'Malley & Dupré, 2007).³ Y dentro de la biotecnología la microbiología industrial era el campo principal (Bud, 1991). Esto cambia en la década de 1970, cuando los campos predominantes pasan a ser la biología molecular y la ingeniería genética (Abir-Am, 2003). En la década de 1990, los microorganismos vuelven al primer

² Este rol se enmarca en proyectos militares y posteriormente es tomado por corporaciones farmacéuticas (Bud, 2007).

³ Véase Bud (1991) y Amsterdamska (2008) para análisis históricos donde se muestra que parte de la microbiología no-médica en Europa y Estados Unidos se institucionaliza en departamentos universitarios de agricultura, botánica, fitopatología, suelos, veterinaria y micología, además de estaciones experimentales. En ciertos casos, están asociados a actividades económicas regionales como la agricultura, a bebidas como la cerveza o el vino o la producción de lácteos.

plano por ser los primeros en ser secuenciados posibilitando avances en la biología evolutiva y por su uso como organismos modelo. Según O' Malley y Dupré (2007), esto ha tenido un énfasis en cultivos puros dejando en un rol periférico los estudios ecológicos de microbios, tanto por la ecología general como por las corrientes principales en microbiología.

Una de las primeras colecciones microbiológicas fue un museo bacteriológico privado que también comercializaba cultivos, creado en el año 1890 por Frantisek Král en lo que hoy es República Checa, esta fue la «primera colección en peligro» del mundo por ser desatendida (Kocur, 1990). En hongos y levaduras se destacan las colecciones europeas creadas a fines del siglo XIX y principios del XX (Hennebert, 2010; Taylor, 2016; Stewart, 2017) como la Mycothèque de l'Université Catholique de Louvain (MUCL) de Bélgica fundada en 1894 y la Centraalbureau voor Schimmelcultures (CBS) de Países Bajos fundada en 1904.⁴ En Estados Unidos se crea la hoy llamada Phaff Yeast Culture Collection en 1890.⁵ En Asia, la primera colección de levaduras es japonesa y tiene sus orígenes en el año 1904 (Komagata, 2004). También se crearon colecciones en India y China que se consolidan luego de la Segunda Guerra Mundial. En la Unión Soviética, en lo que hoy es la Federación Rusa, se crearon colecciones de levaduras en los años treinta, una de las más importantes surge de las expediciones de Kudryavtsev. En Sudamérica, tomando el caso de Argentina, se puede afirmar que el desarrollo histórico de colecciones está asociado a centros de microbiología y salud como el Instituto Bacteriológico Argentino (Zabala & Rojas, 2021); y también a estaciones experimentales agropecuarias surgidas a fines del siglo XIX y principios del XX (Graciano, 2004; Rodríguez Vásquez, 2009; Moyano *et al.*, 2011; Djenderedjian, 2020). Hacia mediados del siglo XX, las colecciones se pueden asociar a las industrias farmacéuticas y la investigación biomédica, agropecuaria y veterinaria en las universidades. Alineado a una tendencia internacional, hacia

⁴ En Países Bajos, en los años 1920 emerge fuertemente la investigación taxonómica donde se destaca la Escuela de Delft.

⁵ Otras importantes colecciones en Estados Unidos son la Northern Regional Research Laboratory (NRRL) y American Type Culture Collection (ATCC). Y en Europa el Centre for Agriculture and Bioscience International (CABI) y la National Collection of Yeast Cultures (NCYC) del Reino Unido. En Francia las colecciones Collection de l'Institut Pasteur (CIP) y la Centre International de Ressources Microbiennes (CIRM) del Institut National de la Recherche Agronomique (INRA) y de Alemania el Leibniz Institut Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH (DSMZ).

los setenta emergen colecciones asociadas laboratorios industriales, plantas piloto e institutos públicos dedicados a la microbiología industrial.⁶

A nivel institucional, hacia la década de 1970, organizaciones internacionales comienzan a apoyar la creación y mantenimiento de colecciones gracias a los Microbiological Resource Centers (MIRCEN) en países del tercer mundo financiados por la Organización de las Naciones Unidas para la Educación, la Ciencia y la Cultura (UNESCO) (DaSilva, 1997). Esto en un contexto donde la biotecnología y la microbiología industrial prometían solucionar problemas energéticos y de alimentación (Bud, 1991; Kaderian, 2020). Y, hacia la década de 1980, comienzan tendencias al patentamiento de microorganismos y material genético (Carolan, 2010). En este periodo se crea la World Federation of Culture Collections (WFCC), a partir de la reorganización de la International Association of Microbiological Societies (IAMS).⁷ Con esta organización comienza la centralización de información sobre colecciones del mundo en la World Data Center of Microorganisms (WDCM) en el instituto de Investigación en Física y Química (RIKEN) de Japón (Uruburu, 2003), que actualmente está a cargo de China (Wu *et al.*, 2017). En Latinoamérica se pueden mencionar instituciones como la Federación Latinoamericana de Colecciones de Cultivos (FELACC), creada en 2004, que según el último relevamiento de 2014 poseía 67 colecciones públicas y privadas asociadas. En la actualidad, las colecciones de cultivos de levaduras más importantes se encuentran en países como China y Estados Unidos y en Latinoamérica en Brasil (CCInfo WDCM, 2023; Tabla 1, 2 y 3).

RECURSOS Y FUNCIONES DE LAS COLECCIONES DE LEVADURAS: MANTENIMIENTO, BASES DE DATOS Y CURADURÍA

Un informe publicado en 2010 por la Federación Internacional de Colecciones de Cultivo (WFCC) señala la relevancia de las colecciones asociándolas a problemas globales: económicos, de seguridad y ambientales. En el texto se pueden

⁶ Véase el ejemplo de la Planta Piloto de Procesos Microbiológicos Industriales (PROIMI) en Provincia de Tucumán, Argentina (Kaderian, 2020).

⁷ Posteriormente, en 1982 se conforma como unión independiente de la Union of Biological Sciences (IUBS) dentro de la International Science Union (ISU) y pasa a llamarse International Union of Microbiological Societies (IUMS). Específicamente en la microbiología de levaduras en el año 1966 se forma un consejo internacional de expertos en levaduras: el Council for Yeast Research. Este publicaba un *newsletter* con noticias científicas e institucionales del campo, a partir de este se crea la International Commission on Yeasts (ICY) que forma parte de la IUMS.

encontrar temáticas como el agotamiento de recursos naturales, la bioseguridad y el cambio climático. Las colecciones posibilitarían la preservación *ex situ*, es decir, fuera de los lugares tanto naturales como artificiales de donde se aíslan los microorganismos. El informe «Recomendaciones para el establecimiento y funcionamiento de colecciones de cultivos de microorganismos» refiere:

La inversión cada vez menor en la taxonomía tradicional, la demanda creciente a una aproximación molecular, el continuo agotamiento de los recursos naturales y las preocupaciones sobre bioseguridad y cambios climáticos lleva a una mayor concientización acerca del valor de las colecciones de microorganismos. La conservación de los recursos genéticos y la biodiversidad proveen el soporte esencial para la biotecnología emergente basada en productos e industrias ecoeficientes tanto en el mundo desarrollado como en vías de desarrollo (OECD, 2001); un elemento esencial en el desarrollo de una bioeconomía basada en el conocimiento (OECD, 2009) (Comité Ejecutivo WFCC, 2010, p. 6).

En el año 2016 se publicó un artículo en la revista *Yeast* cuyos autores son un conjunto de curadores de colecciones de referencia de levaduras, que trata sobre la situación contemporánea de las colecciones de levaduras y las funciones principales, como la preservación de la biodiversidad y la taxonomía. Para ello, los autores (Boundy-Mills *et al.*, 2016) afirman que las colecciones poseen una configuración de recursos interdependientes como: el stock de levaduras, las bases de datos asociadas a levaduras y los curadores que asisten a los usuarios. En cuanto al primer recurso, los autores destacan la importancia de la práctica de depositar las levaduras en colecciones de referencia para un mantenimiento a largo plazo. Por su parte, señalan que los locus de aislamientos más importantes son reservas, ambientes naturales y las prácticas humanas donde se domesticaron microorganismos específicos. Los motivos esgrimidos se basan en la pérdida de diversidad en alimentos con el uso de iniciadores de cultivos (*starters*) y organismos modificados genéticamente (OGM).⁸ En estos últimos, es relevante la preservación para la evaluación de los efectos de las actividades humanas en procesos biotecnológicos o en el ambiente. En cuanto a la segunda y la tercera función, las bases de datos y la curaduría, las colecciones permiten identificar nuevas especies o variantes y realizar trabajos en biología sistemática. Los autores (Boundy-Mills *et al.*, 2016) refieren a los métodos de filogenética y la

⁸ *Starters* o iniciadores de cultivos, son productos industriales estandarizados, su utilización reemplazaría por ejemplo a fermentaciones realizadas con microorganismos salvajes o cultivados por los mismos productores.

filogenómica como los abordajes actualmente utilizados para construir marcos filogenéticos robustos y realizar revisiones de nomenclatura. Otras funciones tienen que ver con los servicios como el depósito seguro, la autenticación de cultivos, como repositorio de patentes, la identificación, los servicios de búsqueda y muestreo (*screening*) en las colecciones. Al igual que el texto de la WFCC citado previamente, los autores afirman que, a pesar del uso extensivo de la información taxonómica en salud e industria, el trabajo taxonómico sufre de «financiamiento insuficiente» por «su carácter descriptivo más que innovativo» y por no estar «alineada» con las aspiraciones de los financiamientos industriales cortoplacistas ya que la investigación taxonómica es de larga duración (Boundy-Mills *et al.*, 2016, p. 250). A nivel metodológico, los autores destacan la «desalineación» entre métodos y tecnologías y afirman que no surgen cultivos referenciados de tecnologías como *next-generation sequencing* (NSG) y *metabolic fingerprint* (Boundy-Mills *et al.*, 2016). Sumado a esto, notan una descoordinación en las bases de datos y las colecciones, con entradas sin información taxonómica e información errónea, donde las descripciones completas incluirían datos como distribución geográfica, ecología y fisiología.

La lectura realizada en esta sección permite un panorama general sobre las funciones, recursos y problemáticas de las colecciones de levaduras de referencia. En la siguiente sección se aborda una de las funciones de las colecciones de referencia en su trabajo taxonómico en términos de infraestructuras.

LA ESTABILIZACIÓN DE LA REFERENCIA ENTRE COLECCIONES Y ARTÍCULOS CIENTÍFICOS

Las prácticas de clasificación científica fueron analizadas con conceptos como centros de cálculo, que permiten la centralización de materiales, la estabilización de nomenclaturas y de inscripciones y la circulación de referencias (Latour, 1987, 1990, 1999). Tanto conceptos de infraestructura como de redes refieren a conexiones a partir de coordinaciones de estándares, regulaciones y actores (Callon, 1990; Star, 2010; Slota & Bowker, 2017).

En el caso de las colecciones de cultivos de referencia, una de las formas en que estas pueden conectarse a artículos científicos, informes técnicos y patentes es a partir de citar sus siglas. De esta manera aparecen como dadas o transparentes (Star & Ruhleder, 1996), sin embargo, son fruto de una trayectoria histórica, la tradición de uso de la colección, la cantidad de depósitos y su calidad, sus estándares, los recursos financieros, el prestigio de sus curadores y la cantidad de

usuarios. Los artículos científicos que utilizan microorganismos pueden requerir, de ser necesaria, una referencia a un microorganismo depositado físicamente en algún sitio o mencionar de dónde se obtuvo.⁹ Si pertenece a una colección se presenta en forma de siglas y números; por ejemplo «CBS 1503» corresponde a una cepa de la levadura *Saccharomyces pastorianus* utilizada en la producción de cerveza. Los investigadores la utilizan para que otros investigadores puedan saber de qué levadura específica se trata y, llegado el caso, replicar un experimento, reclasificar o incluso referir a parte de su secuencia genética. Al mencionar una cepa de una especie de microorganismo en ponencias o artículos, los científicos suelen citar una colección de cultivos autenticadas y reconocidas, aunque localmente utilicen una versión propia equivalente. Esto permite, por ejemplo, la generación de equivalencias (Latour, 1999) entre las referencias: «two novel species, for which the names ‘Nombre ESPECIE X’ and ‘Nombre ESPECIE Y’ are proposed, with CBS 1111T (= PYCC 2222K= CRUB 3333M) and CBS 4444L (= PYCC 5555R= CRUB 6666Z) as the type strains, respectively».

En el fragmento modificado utilizado como ejemplo, se observa la sigla de la colección CBS como la principal o de referencia donde se depositan los microorganismos como cepas tipo y luego entre paréntesis se indican las siglas de otras colecciones con microorganismos equivalentes como CRUB y PYCC. En este caso, la sigla CBS refiere a una colección de referencia de Países Bajos, la siguiente corresponde a una universidad argentina y detrás una colección portuguesa. El número detrás indica el código del organismo en esa colección, siguiendo las inscripciones (Latour, 1987, 1990) se llegaría a un organismo preservado. Esta etiqueta funciona porque la infraestructura funciona y se presenta como dada para los usuarios, pero esto no es siempre así, a veces la infraestructura se «hace visible al fallar» o al cambiar (Star & Ruhleder, 1996). Esto puede ser observado cuando en los textos intentan trazar la trayectoria de un microorganismo para reclasificarlo o agregar nueva información. Allí podrían ser útiles las comunicaciones personales con curadores de colecciones que poseen información de

⁹ Por ejemplo, una jefa de grupo de microbiología de suelos consultada refería: «Si yo quiero describir la función de ese microorganismo o el uso de ese microorganismo normalmente, no es que lo tengo que hacer, pero hoy se estila poder guardarlo en varios lugares para poder seguirlo teniendo. Sería como la caja fuerte de un dinero. Entonces en qué lugar uno podría depositar un microorganismo, bueno, ahí empieza a ver reglas de algunas revistas en donde te piden que los microorganismos que vos vas a publicar, especialmente si pertenecen a patentes o si pertenecen a producciones importantes, tienen que estar en ‘cajas fuertes’ que tengan ciertas seguridades de que ese microorganismo persista en el tiempo. Y ahí algunas veces se usan ceparios internacionales» (comunicación personal, 2017).

primera mano. Estas comunicaciones muchas veces dejan marcas en los artículos con la frase «comunicación personal» al trazar qué le sucedió a una cepa de un cultivo. El siguiente ejemplo refiere a una identificación de una cepa de levadura en bosques nativos, que es comparada con una de colecciones, en relación con si posee o no estadio sexual:

Golubev (9) reported that VKM Y-2274 (type strain of *P. rhodozyma*) could form basidia and basidiospores. The VKM strain was obtained from the UCD collection in 1975 (W. I. Golubev, personal communication). However, Kucsera *et al.* (14) reported that CBS 5905 could not form a sexual stage. We confirmed that CBS 5905 is asexual and that PYCC 4172 and CBS 9090 are sexually fertile. Another possible explanation is that prolonged maintenance in culture collections resulted in a divergence of CBS 5905 from the other two strains (Libkind *et al.*, 2007, p. 1125).

Otro ejemplo de marcas de uso de las infraestructuras (Star & Ruhleder, 1996) se puede encontrar en ciertos artículos científicos que trabajan con taxonomía y sistemática en identificación y caracterización de organismos. De ser necesario, se desarrolla la trayectoria histórica que ha seguido un microorganismo en las infraestructuras e investigaciones. Como ejemplo, un artículo que hace el seguimiento de la bacteria *E. coli B* y a su mantenimiento refiere:

We also obtained CIP 103914, the *E. coli B* deposited in the American Type Culture Collection (ATCC) by Luria in 1961 (ATCC 11303) and acquired by CIP from ATCC in 1993. In addition, the B strains BB, BE, B40 sul, and S/6 were provided by D. Belin from the collection of the University of Geneva. These strains were maintained over the years by A. Bolle by monthly streaking onto fresh nutrient agar slants, incubation at 37 °C, and storage in the refrigerator (Daegelen *et al.*, 2009, p. pp. 639-640).

A nivel discursivo, los artículos pueden exponer narrativas de innovaciones técnicas y metodológicas, casos ejemplares, investigadores célebres y publicaciones que encuadran hitos en el área y se argumenta sobre lo que se ha hecho hasta el momento para luego presentar su aporte (Law, 1986). En el caso de realizar una entrada novedosa, es necesario recurrir al estado de la cuestión a partir de lo que existe, y también para renombrar o actualizar clasificaciones. Además de ello, se deben seguir leyes internacionales, estándares, bioseguridad y normativas. Las revistas científicas juegan un rol crucial al imponer estas prácticas y al hacer que se sigan las normativas a partir de exigencias específicas para la publicación, como citar ciertas colecciones de referencia de acceso público. Por

otro lado, también existen códigos de nomenclatura para nombrar nuevas especies, definidos por la International Association for Plant Taxonomy (IAPT).¹⁰ Una falta al cumplir con el código de nomenclatura puede invalidar el nombre, y esto puede llevar a una publicación no reconocida por una revista científica o una patente. Con ello, se pueden observar los esfuerzos mutuos de instituciones para normalizar las acciones.

En esta sección se observan algunos ejemplos de cómo una colección de referencia forma parte de la alineación y coordinación (Callon, 1990) de prácticas científicas y de publicación. En el trazado de microorganismos es clave la membresía (Star & Ruhleder, 1996) a un campo científico y sus prácticas, ya que ciertos seguimientos requieren conocer las infraestructuras y a los investigadores implicados. En la siguiente sección, se analiza la emergencia de nuevas técnicas y tecnologías en la identificación de levaduras y sus problemáticas a partir de textos de científicos y encargados de colecciones.

NUEVAS TECNOLOGÍAS DE IDENTIFICACIÓN ENTRE LOS CULTIVOS Y SECUENCIAS

El desarrollo de bases de datos biológicas y biomédicas comienza hacia fines de la década de 1960 en conjunto con tecnologías de inteligencia artificial, automatización y robótica para la investigación (Lenoir, 1999). La memoria organizacional (Bowker, 2006) de la taxonomía de levaduras se encuentra distribuida materialmente en discos rígidos, servidores, bibliotecas, colecciones y laboratorios del mundo. Su mantenimiento requiere arreglos de trabajo y los objetos sobre los que se trabaja pueden poseer múltiples usos y usuarios (Star, 2010). Las bases de datos con información, imágenes y datos de contexto también distribuyen la autoría del trabajo realizado (Slota & Bowker, 2017) como son los aislamientos e identificaciones. La introducción de técnicas moleculares y bases de datos han suscitado cambios en la identificación de levaduras. A partir de los textos de los taxónomos Kurtzman y Fell (2006) y Kurtzman *et al.* (2011) se puede realizar un repaso esquemático por las formas de identificación molecular. Hacia

¹⁰ En el 18avo Congreso Bóntanico Internacional en Melbourne, Australia, en julio de 2011 se estableció el «International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants (Melbourne Code)» que estipula: «The nomenclature of algae, fungi, and plants is independent of zoological and bacteriological nomenclature. This Code applies equally to names of taxonomic groups treated as algae, fungi, or plants, whether or not these groups were originally so treated (see Pre. 8)» (IAPT, 2018, Article I, DIVISION I. PRINCIPLES, Principle I.).

mediados de la década de 1970 se desarrollaron técnicas de determinación de ratios de *guanina* y *citocina* del núcleo del ADN lo cual permitió la transición de la identificación fenotípica a la molecular. Posteriormente, en la década de 1990, un evento importante fue el desarrollo de la identificación de levaduras basada en una secuencia genética. La utilización de la difundida técnica de PCR (*polymerase chain reaction*) y bases de datos permitió la identificación de especies conocidas, la detección de nuevas especies y su posicionamiento filogenético. La identificación molecular se realizó a partir de genes conservados, es decir, genes que no mutan, o con poca variación, en distintas especies con los cuales pudieron construir una base de datos. Este proceso puede interpretarse como una simplificación (Latour, 1987, 1990), al traducir la complejidad de las secuencias de ADN, para la diferenciación a partir de un gen específico. También como paquetes estandarizados (Fujimura, 1992)¹¹, para identificar especies de manera precisa, que permitieron expandir los usuarios más allá de los especialistas en taxonomía, aunque no sin inconvenientes.

La masa de datos generados a partir de nuevas tecnologías de secuenciación cambió en pocos años modalidades de trabajo, experticias y recursos necesarios para poder aportar a estas bases de datos. A la identificación por secuencias en el campo de las levaduras se suma la conexión e interoperabilidad entre infraestructuras como las bases de datos biológicas genéticas como GenBank (Leonelli, 2016; Strasser, 2019). La potencia y la rapidez de estos abordajes de identificación mediados por computadora desplazaron a segundo plano abordajes como la investigación en medios de cultivo que necesitaban otro conjunto de habilidades y trabajos. Aún con la acumulación de información de las entidades biológicas, su preservación continúa teniendo importancia y su durabilidad es crucial. Los métodos actuales de preservación son los medios de cultivo, la liofilización y la criopreservación en nitrógeno líquido o en *ultra-freezers* (Kurtzman *et al.*, 2011). Según un conjunto de curadores de colecciones (Boundy-Mills *et al.*, 2016; Prakash *et al.*, 2013) las técnicas de cultivo de microorganismos han sido desarrolladas a lo largo de un siglo y «parecen superadas» por las «omics».¹² Estos cambios se basan en la accesibilidad de las secuenciaciones, las grandes bases de datos, los métodos moleculares de identificación y los profesionales en

¹¹ Los paquetes estandarizados son definidos como «cajas grises» (Fujimura, 1992), donde hay una combinación de objetos epistémicos (entidades biológicas, genes, enfermedades, etc.) con métodos estandarizados (como técnicas de PCR), lo cual permite acotar las múltiples definiciones y la cooperación de diferentes grupos.

¹² En referencia a campos como la genómica, proteómica, metabolómica y transcriptómica.

bioinformática y genómica. Sin embargo, estos abordajes no están exentos de problemas como las especies no descritas detectadas solamente por ADN:

For example, unprecedented biological diversity is being revealed in many ecosystems through molecular methods such as the polymerase chain reaction (PCR) followed by hybridization or sequencing. Huge numbers of undescribed species are being detected solely on the basis of ribosomal DNA sequences (Boundy-Mills, 2006, p. 69).

Según Prakash *et al.* (2013), citado en Boundy-Mills *et al.* (2016), solo una fracción pequeña de los microorganismos identificados han sido cultivados y la eficacia de los métodos moleculares ha dado nacimiento a una etiqueta llamada «no cultivables» o «incultivables» (*unculturable*), también llamados recalcitrantes. A pesar de esto, los autores afirman que aún se realizan y publican trabajos sobre «innovación en cultivos» de organismos «ecológicamente valiosos». Esto puede interpretarse, siguiendo a Bowker y Star (1996), a partir de los intentos de estandarización y clasificación en bases de datos que afectan las prácticas profesionales de diferentes maneras, por ejemplo, las categorías residuales como «otro» o «no clasificado», lo cual se asemeja a la categoría de «no cultivable». Además, Prakash *et al.* (2013) identifica algunos factores organizacionales para que los cultivos y microorganismos se pierdan: retiro de los empleados, finalización de proyectos, reducción de fondos, cambio en los intereses de los investigadores, estudiantes que migran a otros lugares luego de su estadía, entre otros. Dada esta inestabilidad en la preservación, los curadores de colecciones hacen hincapié en la importancia de depositar en colecciones públicas y no solamente en las locales para usos a corto plazo.

También hay referencias a las problemáticas que generan las descripciones en el prefacio del libro *Biodiversity and Ecophysiology of Yeasts* de los científicos Rosa y Péter (2006), de Brasil y Hungría respectivamente. En el texto refieren a la falta de descripciones ecológicas y fisiológicas y de la variabilidad genética al describir especies y a que parte de las descripciones de los microorganismos están basadas en «una sola cepa»:

Studies on «yeast biodiversity» are more focused on taxonomic inventories, with emphasis on the description of novel species. Approximately 30 % of known yeast species were described from a single strain, and information about the ecology and the genetic and physiological variability of these yeasts is missing or incomplete (Rosa & Peter, 2006, p. 5).

En el mismo libro, Robert *et al.* (2006), cuyo primer autor es el jefe bioinformático del Westerdijk Institute al cual pertenece la colección de referencia CBS, brinda importancia al mantenimiento de datos relacionados a las cepas:

Known taxonomic information associated with the species is not always relevant or sufficient for workers in other disciplines. For example, people working in industry, in ecology, in biotechnology or in clinical settings may not be satisfied with a species name. [...] As many properties can be variable within a given species, it is of the utmost importance to record and keep data related to the strains and to be able to dynamically create homogeneous groups of strains that share the same phenotypic profiles (Robert *et al.*, 2006, p. 32).

Los artículos más recientes, orientados a la investigación genómica y bioinformática, también dan importancia a la cuestión de los datos limitados sobre ecología, fisiología y metabolismo. Esto se puede observar en un artículo publicado en 2016 por expertos en diversidad de levaduras en la revista *Current Opinion in Genetics & Development*: «Yeast ecological niches require more study, especially in natural settings, but what limited information exists suggests that yeast niches are partitioned by many parameters, including temperature, pH, radiation, insect and plant hosts, and metabolism» (Hittinger *et al.*, 2015, p. 102.).

Esto implica que los estudios genómicos tendrían que relacionarse a las características de las levaduras y su ambiente ecológico que podrían ir desde los azúcares de la savia de árboles y de frutas hasta el intestino de escarabajos, y también a ambientes artificiales como distintos tipos de industrias o producciones artesanales. El rol de los metadatos, es decir datos sobre datos, fue señalado en estudios sobre el desarrollo de bases de datos (Lenoir, 1999; Bowker, 2006; Leonelli, 2016; Strasser, 2019). Estos permitieron realizar búsquedas significativas a los investigadores en biología y tuvieron implicancia industrial.

Sobre las secuencias genéticas y su relación con los cultivos, los curadores de colecciones de levaduras de referencia argumentan que las bases de datos de secuencias genéticas que se utilizan para hacer investigaciones independientes de cultivos son en realidad cultivo-dependientes (Prakash *et al.*, 2013; Boundy-Mills *et al.*, 2016). Esto significa que sin cepas de referencia la «autenticación» y la «verificación cruzada basada en fenotipos» no son posibles y la investigación puede ser cuestionada (Prakash *et al.*, 2013; Boundy-Mills *et al.*, 2016). Por ende, afirman que la innovación en métodos de aislamiento y medios de cultivo sigue siendo relevante: «Despite tremendous progress in transcriptomics and proteomics, the physiology and metabolism of specific microbial groups cannot

be determined based solely on omics data in complex ecosystems. Thus, it becomes increasingly important to cultivate and preserve representative organisms» (Prakash *et al.*, 2013, p. 53).

En los textos analizados se han señalado problemáticas relacionadas con prácticas científicas de descripción que generan inconvenientes en las colecciones y sus bases de datos para otros usuarios. Se observó cómo las descripciones moleculares pueden ir en detrimento de las investigaciones de cultivos lo cual tiene también bases organizacionales y económicas de inestabilidad. Como refiere Keck (2023), para los «cazadores de virus» el objetivo es replicar mundos exteriores en interiores, como también refería Latour (1987) para los centros de cálculo. Lo mismo se puede decir de los expertos en levaduras, se pueden observar llamamientos a obtener datos ecológicos para replicar mundos en las colecciones. En relación con ello, en la próxima sección se trata la emergencia de la biodiversidad y la ecología como temática.

COLECCIONES, BIODIVERSIDAD Y ECOLOGÍA EN LEVADURAS

Las colecciones como «panópticos de la biodiversidad» (Bowker, 2006) e infraestructuras poseen alcance temporal y espacial (Star & Ruhdeler, 1996). Los ambientes naturales son uno de los lugares principales de donde se han aislado nuevas especies de levaduras. Otros sitios de interés son los ambientes productivos como los alimentos y bebidas «tradicionales», artesanales e industriales. Las exploraciones de ambientes poseen diferentes motivaciones y fines, de la taxonomía a la biotecnología. En los últimos 30 años se han creado regulaciones sobre biodiversidad como el Convenio de Diversidad Biológica de 1993, y más recientemente el Protocolo de Nagoya de 2010 sobre la utilización de recursos genéticos en actividades de investigación y desarrollo y el reparto de beneficios derivados de esto.¹³ Los encargados de colecciones (Boundy-Mills *et al.*, 2016) refieren que estos acuerdos internacionales tienen mandato legal por lo que las

¹³ El Convenio sobre Diversidad Biológica es un acuerdo con fuerza legal entre partes (países) integrantes de la Naciones Unidas. Como dice en su introducción: «El Convenio sobre Diversidad Biológica (CDB) entró en vigor el 29 de diciembre de 1993. Tiene los siguientes tres objetivos principales: 1) La conservación de la diversidad biológica, 2) La utilización sostenible de los componentes de la diversidad biológica, 3) La participación justa y equitativa de los beneficios que se deriven de la utilización de los recursos genéticos» (CBD, s. f.). Véase Carolan (2010) para relación biotecnología, patentamiento y CDB, así como Cabrera Medaglia y Perron-Welch (2019) para un análisis legal internacional sobre el Protocolo de Nagoya y el acceso a reparto de beneficios.

colecciones e investigadores deben respetarlos, incluso si su país no ha ratificado el protocolo. Esto sucede porque los grupos suelen trabajar en redes internacionales y con infraestructuras de referencia internacional.

El texto de Robert *et al.* (2006), mencionado previamente, lista tres motivos de porqué emergió una nueva tendencia a aislar cepas de levadura del ambiente. En primer lugar, refiere a los métodos de secuenciación de ADN más baratos y a las bases de datos disponibles para la identificación. En segundo lugar, el incremento en la destrucción del ambiente a nivel global hace importante investigar «nichos no convencionales» y, en tercer lugar, refiere al trabajo de compañías biotecnológicas que aíslan y muestrean grandes números de cepas buscando compuestos. Según Robert *et al.* (2006) la ubicación geográfica de las colecciones también tiene relación a las habilidades y recursos necesarios para los aislamientos y las regulaciones, por ejemplo, de propiedad y protección. Esto está en línea con las conceptualizaciones de infraestructuras como sitios de arreglos de trabajo asociadas a un campo de conocimiento y habilidades de sus miembros (Star & Ruhdeler, 1996; Star, 2010). En otras palabras, los arreglos de trabajo (Star, 2010) relacionados con la identificación necesitan y crean las infraestructuras. Según estos autores (Robert *et al.*, 2006), la distribución de las colecciones al 2006 se concentraba en Europa, Japón, Estados Unidos y Sudáfrica, y según la base de datos de la colección CBS se correlacionan los orígenes de las cepas con las colecciones del mundo.

Tabla 1. Colecciones, cultivos por continentes

Continentes	Cultivos	Colecciones de cultivo	Países y regiones
Asia	1 557 749	308	21
Europa	1 210 467	268	34
América	615 762	212	11
Oceanía	126 764	42	4
África	21 472	24	8

Fuente: CCIInfo WDCM (2023).

Tabla 2. *Primeros 20 países en cantidades preservadas*

País	Cantidad preservada	País	Cantidad preservada
China	385 555	Dinamarca	112 066
Estados Unidos	343 835	Alemania	107 532
Bélgica	296 555	Países Bajos	106 275
Japón	265 863	Francia	103 085
India	224 699	Australia	92 207
Corea	213 561	Canadá	88 741
Taiwán	162 468	Reino Unido	87 669
Brasil	137 673	Rusia	74 021
Tailandia	121 889	Italia	54 132
Irán	113 589	Suecia	53 020

Fuente: CCInfo WDCM (2023).

Tabla 3. *Colecciones y cultivos en países latinoamericanos*

País	Cultivos	Colecciones
Brasil	137.673	91
Argentina	10.283	15
México	9.757	18
Ecuador	4.715	3
Venezuela	3.476	3
Chile	2.692	6
Cuba	644	13
Colombia	811	4
Uruguay	40	2

Fuente: CCInfo WDCM (2023).

Siguiendo el argumento de Robert *et al.* (2006) pero observando datos más actuales y el crecimiento de cultivos de microorganismos de países como China o Brasil (Tabla 1, 2, 3), se podría suponer que se debe a sus ambientes naturales, a su disponibilidad de trabajo e infraestructuras. En levaduras, según Boekhout *et al.* (2022) se produjo un aumento de aislamientos en países asiáticos, principalmente en China y Tailandia, y en Brasil y Argentina en Sudamérica.

Para finalizar la sección, se abordan los textos de Marc André Lachance (2006, 2014) un reconocido taxónomo de levaduras de Canadá. Lachance (2014) refiere que en el año 2006 se había propuesto que existan entre 1 500 y 15 000 especies de levaduras. La estimación más baja había sido superada en 2014 y se estimaba que eran conocidas solo un 10 % de todas las especies de levaduras ascomicetes (Lachance, 2014). Según Lachance (2006) el impulso de la temática de biodiversidad en microbiología era reciente bajo esta denominación. El autor sugiere que 15 años antes de 2006 las publicaciones que mencionaban biodiversidad en levaduras habrían utilizado términos como ecología, taxonomía, prospección o enzimología (*ecology, taxonomy, survey, enzymology*). El ambiente ecológico de las levaduras es clave en su caracterización por su interdependencia con otros seres biológicos: «By their very nature as unicellular heterotrophs, yeasts are inexorably dependent on other fungi, bacteria, animals, and plants for their existence, and ideally species descriptions should include data on these interactions» (Lachance, 2006, p. 5). Por otro lado, estos cambios se relacionan con cuestiones políticas internacionales como las definiciones de la Convención de la Diversidad Biológica (CDB):

The Convention on Biological Diversity (1992) defines biological diversity as «the variability among living organisms from all sources including, inter alia, terrestrial, marine and other aquatic ecosystems and the ecological complexes of which they are part; this includes diversity within species, between species and of ecosystems» (Lachance, 2006, p. 9).

Paralelamente, según Lachance, a fines de la década de 1990 surgen proyectos de inventarios de la vida en la Tierra que tenían prioridad por parte de agencias de financiamiento, tanto por la desaparición de los hábitats como por su importancia económica:

The fact that the construction of a comprehensive inventory of life on Earth is seen as a priority by an increasing number of researchers, governments, and granting agencies (Mulongoy *et al.*, 1999) should be viewed with optimism.[...] It is now accepted that the extent of microbial diversity has not

been adequately characterized and there is an immense mismatch between knowledge of that diversity and its importance in both ecosystem processes and economic development (Hawksworth & Colwell, 1992; Zedan, 1993) (2006, p. 9).

Sin embargo, los problemas y definiciones del Convenio de Diversidad Biológica y luego su influencia en políticas de financiamiento y gobiernos debieron ser traducidas a la especificidad del mundo de las levaduras en términos técnicos y metodológicos. A partir de la emergencia del estudio de la biodiversidad y de la ecología de levaduras se ha necesitado la traducción de la ecología general a la especificidad del mundo de las levaduras. Lachance (2006) hace propuestas metodológicas y teóricas para limitar el concepto general de «variación» de los seres vivos a conceptos más restrictivos de ecología y variación evolucionaria en levaduras. La propuesta se basa en adaptar modelos ecológicos y biogeográficos frente a la problemática de «contar especies» y «medir su variación» en levaduras, lo cual se diferencia técnica y metodológicamente del mundo microbiológico.¹⁴ Según el autor, el resultado de estos posibles modelos podría interesar a potenciales formuladores de políticas al brindar «medidas coherentes» de la pérdida de biodiversidad de microorganismos. Entre aspectos técnicos relevantes, Lachance (2006) refiere a que gracias a las secuenciaciones genéticas se ha logrado un avance muy grande y esto será aún mayor con «grandes muestras» de genomas completos (Lachance, 2014). Sin embargo, remarca la «excesiva energía» de las investigaciones en realizar árboles filogenéticos «correctos» en comparación con la dedicada a datos del «contexto ecológico» (Lachance, 2014). Como a lo largo del artículo, se señala la problemática relacionada a nuevas prácticas de identificación que no aportan suficientes datos y metadatos. Además, se puede observar influencias entre la tendencia a explorar ambientes naturales, las nuevas tecnologías, el interés de organizaciones internacionales en biodiversidad, así como los cambios en las prácticas científicas y en sus infraestructuras y arreglos de trabajo.

¹⁴ El concepto de especies para las levaduras no está exento de debates ya que el concepto de «aislamiento sexual» (Biological Species Concept, BSC) genera problemas a la hora de delinear especies con auto fertilidad o con reproducción por sus mismas «esporas» (Lachance, 2014). Véase para un resumen de la discusión sobre especie en registro filosófico a Ereshefsky (2017).

CONCLUSIONES

En este trabajo se han abordado problemáticas relacionadas a las colecciones de referencia de levaduras como infraestructuras. En particular, se ha abordado su uso en los artículos científicos, problematizaciones e implicancias de nuevos usuarios y tecnologías en las formas de investigar y caracterizar levaduras, así como la emergencia de la biodiversidad como temática y los abordajes ecológicos. Los textos seleccionados para el análisis realizan llamamientos y señalamientos de problemáticas a los investigadores de su campo y usuarios de colecciones. La mirada de este trabajo ha sido transversal y centrada en seguir a los actores, en este caso sus textos, y el análisis se realizó a partir de interpretar las colecciones como infraestructuras. A nivel temático, se siguen las problematizaciones de los textos analizados y las funciones principales de las colecciones señaladas, como la preservación de la biodiversidad y la taxonomía. Y sus recursos asociados para hacerlo: el mantenimiento de las levaduras, las bases de datos y la curación.

El artículo comienza analizando la relación entre artículos y colecciones a nivel citación y como parte de un trabajo taxonómico. Esto se ha relacionado a la circulación de las referencias ya que permiten conectar desde la representación escrita en un artículo hasta el microorganismo utilizado, preservado en la colección misma. Particularmente se tomaron ejemplos de equivalencias entre colecciones locales y de referencia y otros que realizan un seguimiento de la trayectoria de microorganismos. Ya que la infraestructura deja de ser transparente ante cambios, se utilizaron ejemplos que reclasifican y utilizan comunicaciones personales, trayectorias y citas a colecciones. Allí es posible observar ciertas marcas de uso de colecciones en las revistas científicas. Además, los textos analizados refieren a la importancia de su depósito público que también son generalmente solicitados por revistas científicas, regulaciones internacionales y por normativas de instituciones científicas.

Uno de los temas que atraviesa el análisis es el de las caracterizaciones insuficientes de las levaduras al realizar aislamientos, identificaciones y depósitos, problema que surge a partir de nuevas tecnologías y habilidades. Estas permitieron la caracterización de microorganismos por muchos más usuarios que antes, lo cual, en parte, se debe a la creación de bases de datos y las técnicas moleculares de identificación ampliamente difundidas. La masa de datos generados a partir de nuevas tecnologías de secuenciación, como paquetes estandarizados, permitieron el acceso a profesionales e investigadores de otras áreas. El efecto de entradas con datos insuficientes en el nivel de escala de las infraestructuras ha generado

problemas de metadatos, lo cual redundaría en problemas para realizar búsquedas significativas. En términos de infraestructuras, la externalidad de la red que le brinda su utilidad también genera problemas de escala. Sería interesante estudiar usos y prácticas de caracterización y búsqueda para ver cómo impacta este problema en grupos de investigación y en otros actores como los industriales y tecnológicos. Sumado a esto, indagar cómo se conectan infraestructuras de alcance local a las de alcance global en casos particulares. Otro problema, según lo analizado, tiene que ver con el impacto de las técnicas moleculares y las «omics» en el rezago de otras líneas como la investigación en cultivos. Esta tensión entre nuevas habilidades, tecnologías y modalidades de investigación fue detectada por los estudios sociales de la ciencia y la tecnología en la década de 1970. Allí comenzaba una división del trabajo científico entre investigación de mesa y la investigación *in silico*. Con estos cambios, las habilidades de investigación de medios de cultivo fueron en parte relegadas de la primera línea. Además de ello, el material analizado y los estudios de las infraestructuras convergen en el señalamiento del efecto de los cambios de los arreglos de trabajo y las clasificaciones producidas. Esto es el caso de algunos microorganismos etiquetados como no cultivables y caracterizados solo a partir de técnicas moleculares, estas etiquetas a su vez tienen efectos en el trabajo.

En cuanto a la emergencia de la biodiversidad como temática se destaca la manera en que las regulaciones y organizaciones internacionales influyen en las investigaciones y se muestra esquemáticamente ciertas traducciones de nociones generales a la especificidad del campo de las levaduras y su ecología. Esta especificidad es la que permitiría medir variaciones de especies, allí las colecciones y las caracterizaciones ecológicas serían clave desde el planteo de los investigadores. Los lugares señalados como principales para el aislamiento son los ambientes naturales y ambientes de producción tradicional y artesanal. Sería interesante indagar cómo se definen estos ambientes y la interacción de los actores que producen en, o habitan, los ambientes.

Por otra parte, hay en los datos analizados un enmarque a nivel nacional que muestra cantidades de cultivo por país. La cantidad preservada por las colecciones tiene que ver, según los autores analizados, con la capacidad y las habilidades disponibles. Es notable el ascenso de países como China y Brasil en las cantidades de sus colecciones preservadas. Esto podría relacionarse al acceso a recursos, infraestructuras y habilidades, como señalan encargados de colecciones citados. Aunque se debería profundizar qué implica esta cantidad, su origen, las habilidades, su proceso de mantenimiento y usos. Además, los autores señalan que,

a pesar de la identificación de nuevas especies, existe una falta de información contextual ecológica y fisiológica de los microorganismos. La emergencia de la biodiversidad en el campo de las levaduras tiene un correlato con políticas y regulaciones internacionales. La medición de la variación de especies y la pérdida de biodiversidad requeriría de nuevas metodologías adaptadas y traducidas al micromundo ecológico de las levaduras. A su vez se señala que estas mediciones a nivel ecológico podrían ser utilizadas como insumo para decisiones de políticas. Esto en conjunto con el resguardo de microorganismos en colecciones son las estrategias de actuación por parte de las colecciones y los investigadores sobre los problemas ecológicos y de biodiversidad. Estas problemáticas también abarcan aspectos económicos y legales, relacionados a la biotecnología y los posibles usos industriales, los cuales no fueron abordados en el trabajo. Sería relevante estudiar qué acciones se llevan o se han llevado a cabo para la preservación en la ecología de las levaduras tanto a nivel de lo local como a escala global.

Para finalizar, el análisis de las problematizaciones abre la puerta a indagaciones en los escenarios y herramientas específicas que proponen los investigadores del campo específico de las levaduras. Las colecciones en levaduras como infraestructuras son afectadas y afectan a otros entramados sociales y analíticamente son un objeto que permite observar las articulaciones de lo social y lo técnico.

REFERENCIAS

- Abir-Am, P. G. (2003). The Molecular Transformation of Twentieth-century Biology. En J. Krige & D. Pestre (Eds.), *Companion to Science in the Twentieth Century* (pp. 495-524). Routledge.
- Amsterdamska, O. (2008). Microbiology. En P. Bowler & J. Pickstone (Eds.), *The Modern Biological and Earth Sciences* (pp. 317-341). Cambridge University Press.
- Bonneuil, C. (2019). Seeing Nature as a ‘Universal Store of Genes’: How Biological Diversity Became ‘Genetic Resources’, 1890-1940. *Studies in History and Philosophy of Science Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 75, 1-14. <https://doi.org/10.1016/j.shpsc.2018.12.002>
- Bowen, G. A. (2009). Document Analysis as a Qualitative Research Method. *Qualitative Research Journal*, 9(2), 27-40. <https://doi.org/10.3316/QRJ0902027>
- Bowker, G. C. (2006). *Memory Practices in the Sciences*. MIT Press.
- Bud, R. (1991). Biotechnology in the Twentieth Century. *Social Studies of Science*, 21(3), 415-457. <https://doi.org/10.1177/030631291021003002>

- Bud, R. (2007). *Penicillin: Triumph and Tragedy*. Oxford University Press.
- Cabrera Medaglia, J., & Perron-Welch, F. (2019). The Benefit-sharing Principle in International Law. *Journal of Intellectual Property Law & Practice*, 14(1), 62-76. <https://doi.org/10.1093/jiplp/jpy162>
- Callon, M. (1990). Techno-Economic Networks and Irreversibility. *The Sociological Review*, 38(1), 132-161. <https://doi.org/10.1111/j.1467-954X.1990.tb03351.x>
- Callon, M. (1998). El proceso de construcción de la sociedad. El estudio de la tecnología como herramienta para el análisis sociológico. En M. Domenech, F. Tirado Serrano & M. Callon (Eds.), *Sociología simétrica: Ensayos sobre ciencia, tecnología y sociedad* (pp. 143-170). Gedisa.
- Callon, M. (2002). From Science as an Economic Activity to Socioeconomics of Scientific Research: The Dynamics of Emergent and Consolidated Techno-economic Networks. En P. Mirowski & E. Sent (Eds.), *Science Bought and Sold: Essays in the Economics of Science* (pp. 277-317). University of Chicago Press.
- Cañada, J., Sariola, S., & Butcher, A. (2022). In Critique of Anthropocentrism: A More-Than-Human Ethical Framework for Antimicrobial Resistance. *Medical Humanities*, 48(4), e16-e16. <https://mh.bmj.com/content/48/4/e16>
- Carolan, M. (2010). *Decentering Biotechnology: Assemblages Built and Assemblages Masked*. Ashgate.
- Culture Collections Information Worldwide World Data Center of Microorganisms – CCInfo WDCM. (2023). *Statistics*. <https://ccinfo.wdcm.org/statistics>
- Comité Ejecutivo de la World Federation of Culture Collections – WFCC. (2010). *Recomendaciones para el establecimiento y funcionamiento de colecciones de cultivos de microorganismos*. 3rd ed. WFCC / AAM / FELACC.
- Convention on Biological Diversity – CBD. (s. f.). *Introduction*. <https://www.cbd.int/intro/>
- Creswell, J. W. (2007). Five Qualitative Approaches to Inquiry. En J. W. Creswell & C. N. Poth (Eds.), *Qualitative Inquiry and Research Design: Choosing Among Five Approaches* (pp. 53-80). Sage.
- Daegelen, P., Studier, F. W., Lenski, R. E., Cure, S., & Kim, J. F. (2009). Tracing Ancestors and Relatives of *Escherichia coli* B, and the derivation of B strains REL606 and BL21 (DE3). *Journal of Molecular Biology*, 394(4), 634-643. <https://doi.org/10.1016/j.jmb.2009.09.022>
- DaSilva, E. (1997). The MIRCEN Network: A Global Resource for International Cooperation. *World Journal of Microbiology & Biotechnology*, 13(1), pp. 1-6. <https://doi.org/10.1007/BF02770798>

- Djenderedjian, J. (2020). Del arado criollo al granero del mundo. La transformación tecnológica de la agricultura pampeana Argentina, 1840-1900. *Historia mexicana*, 70(1), 99-149. <https://doi.org/10.24201/hm.v70i1.4077>
- Ehrenstein, V., & Rudge, A. (2024). The Logic of Carbon Substitution: From Fossilised Life to «Cell Factories». *Review of Agricultural, Food and Environmental Studies*, 105, 99-123. <https://doi.org/10.1007/s41130-024-00206-z>
- Ereshefsky, M. (2017). Species. En E. Zalta (Ed.), *The Stanford Encyclopedia of Philosophy*. Stanford. <https://plato.stanford.edu/archives/fall2017/entries/species>
- Fujimura, J. H. (1992). Crafting Science: Standardized Packages, Boundary Objects, and «Translation». En A. Pickering (Ed.), *Science as Practice and Culture* (pp. 168-214). <https://doi.org/10.7208/9780226668208>
- Furness, W. W. (2022). Making Space for Yeast: Toward a Zymurpolitics. *The Geographical Bulletin*, 63(1), 39-47. <https://digitalcommons.kennesaw.edu/thegeographicalbulletin/vol63/iss1/7>
- Graciano, O. F. (2004). Los caminos de la ciencia. El desarrollo inicial de las Ciencias Agronómicas y Veterinarias en Argentina, 1860-1910. *Signos Históricos*, 12, 9-36. <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=34401201>
- Greenhough, B., Read, C. J., Lorimer, J., Lezaun, J., McLeod, C., Benezra, A., ... & Wills, J. (2020). Setting the Agenda for Social Science Research on the Human Microbiome. *Palgrave Communications*, 6(18), 1-11. <https://doi.org/10.1057/s41599-020-0388-5>
- Grünfeld, M., & Tybjerg, K. (2023). Collections, Knowledge, and Time. *Centaurus*, 65(2), 213-234. <https://doi.org/10.1484/J.CNT.5.135107>
- Hennebert, G. L. (2010). Mycotheque de L'Universite Catholique De Louvain (MUCL): 100 Years of Existence and Activity of the Fungus Culture Collection. En G. L. Hennebert (Ed.), *The 100 Years of the Fungus Collection MUCL 1894-1994. Fungal taxonomy and tropical mycology: Quo vadis? Taxonomy and Nomenclature of the Fungi* (pp. 15-24). Mycotazon.
- Hey, M. (2020). Against Healthist Fermentation: Problematizing the 'Good' of Gut Health and Ferments. *Journal of Critical Dietetics*, 5(1), 12-22. <https://doi.org/10.32920/cd.v5i1.1334>
- Hodder, I. (2000). The Interpretation of Documents and Material Culture. En N. K. Denzin & Y. S. Lincoln (Eds.), *Handbook of Qualitative Research* (pp. 703-715). Sage.
- Hughes, T. P. (2012). The Evolution of Large Technological Systems. En W. Bijker, T. P. Hughes & T. Pinch (Eds), *The Social Construction of Technological Systems: New Directions in the Sociology and History of Technology, Anniversary Edition* (pp. 45-76). MIT Press.

- International Association for Plant Taxonomy – IAPT. (2018). *International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants*. <http://www.iapt-taxon.org/nomen/main.php?page=div1>
- Kaderian, S. M. (2020). Biotecnología y microbiología industrial en Tucumán en las décadas de 1970 y 1980: La emergencia del PROIMI. *Travesía*, 22(2), 125-143. <http://www.travesia-unt.org.ar/pdf/volumen22/04-%20Kaderian.pdf>
- Kaderian, S. y Aguiar, D. (2022). Cerveza, ciencia y tecnología. Redes sociotécnicas entre un laboratorio académico, una corporación de cerveza y cerveceros artesanales en San Carlos de Bariloche. *Redes – Revista de Estudios Sociales de la Ciencia y la Tecnología*, 28(54). <https://doi.org/10.48160/18517072re54.166>
- Keck, F. (2023). Filling China’s Gaps. Viral Banks and Bird Collections as Museums for Pandemics. *Centaurus*, 65(2), 313-335. <https://doi.org/10.1484/J.CNT.5.134126>
- Kocur, M. (1990). History of the KRAL Collection, 100 years of culture collections. En B. Kirsop, L. Sly & T. Iijima (Eds), *Proceedings of the KRAL symposium to celebrate the centenary of the establishment of the first recorded service culture collection, 1990* (pp. 4-12). Institute for Fermentation.
- Komagata, K. (2004). Milestone in Japanese Culture Collections. En M. Watanabe, K. Suzuki & T. Seki (Eds), *Proceedings of the 10th International Congress on Culture Collections* (pp. 9-16). Tsukuba.
- Latour, B. (1987). *Science in Action: How to Follow Scientists and Engineers Through Society*. Harvard University Press.
- Latour, B. (1990). Drawing Things Together. En M. Lynch & S. Woolgar (Eds.), *Representation in Scientific Practice* (pp. 20-68). MIT Press.
- Latour, B. (1999). *Pandora’s Hope: Essays on the Reality of Science Studies*. Harvard University Press.
- Law, J. (1986). The Heterogeneity of Texts. En M. Callon, A. Rip & J. Law (Eds.), *Mapping the Dynamics of Science and Technology* (pp. 67-83). Palgrave Macmillan.
- Lenoir, T. (1999). Shaping Biomedicine as an Information Science. En M. Bowden, T. Hahn & R. Williams (Eds.), *Proceedings of the 1998 conference on the history and heritage of science information systems* (pp. 27-45). Information Today. <http://hdl.handle.net/10150/105436>
- Leonelli, S. (2016). *Data-Centric Biology*. University of Chicago Press.
- Libkind, D., Ruffini, A., Van Broock, M., Alves, L., & Sampaio, J. P. (2007). Biogeography, Host Specificity, and Molecular Phylogeny of the Basidiomycetous Yeast *Phaffia rhodozyma* and its sexual form, *Xanthophyllomyces dendrorhous*. *Applied and Environmental Microbiology*, 73(4), 1120-1125. <https://doi.org/10.1128/AEM.01432-06>

- Loconto, A., & Busch, L. (2010). Standards, Techno-economic Networks, and Playing Fields: Performing the Global Market Economy. *Review of International Political Economy*, 17(3), 507-536. <https://doi.org/10.1080/09692290903319870>
- Lorimer, J. (2016). Gut Buddies: Multispecies Studies and the Microbiome. *Environmental Humanities*, 8(1), 57-76. <https://doi.org/10.1215/22011919-3527722>
- Moyano, D., Campi, D., & Lenis, M. (2011). La formación de un complejo científico-experimental en el norte argentino: La estación experimental agrícola de Tucumán (1909-1922). *Prohistoria*, 16. https://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S1851-95042011000200003
- Nimmo, R. (2011). Actor-network Theory and Methodology: Social Research in a More-Than-Human World. *Methodological Innovations Online*, 6(3), 108-119. <https://doi.org/10.4256/mio.2011.010>
- Núñez Casal, A. (2024). Race and Indigeneity in Human Microbiome Science: Microbiomisation and the Historicity of Otherness. *History and Philosophy of the Life Sciences*, 46(2), 2-27. <https://doi.org/10.1007/s40656-024-00614-w>
- O'Malley, M. A., & Dupré, J. (2007). Towards a Philosophy of Microbiology. *Studies in History and Philosophy of Science Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 38(4), 775-779. <https://doi.org/10.1016/j.shpsc.2007.09.002>
- Paxson, H. (2008). Post-Pasteurian Cultures: The Microbiopolitics of Raw-milk Cheese in the United States. *Cultural Anthropology*, 23(1), 15-47. <https://doi.org/10.1111/j.1548-1360.2008.00002.x>
- Rodríguez Vázquez, F. (2009). Desarrollo científico e industria vitivinícola moderna: orígenes y consolidación de la Estación Enológica de Mendoza (Argentina), 1904- 1920. *Mundo Agrario*, 9(18). <https://www.mundoagrario.unlp.edu.ar/article/view/v09n18a11>
- Slota, S. C., & Bowker, G. C. (2017). How Infrastructures Matter. En U. Felt, R. Fouché, C. A. Miller & L. Smith-Doerr (Eds), *The Handbook of Science and Technology Studies* (pp. 529-554). MIT Press.
- Smith, K. (1997). Economic Infrastructures and Innovation Systems. En C. Edquist (Ed.), *Systems of Innovation Technologies, Institutions and Organizations* (pp. 86-106). Routledge.
- Star, S. (2010). This is Not a Boundary Object: Reflections on the Origin of a Concept. *Science, Technology, & Human Values*, 35(5), 601-617. <https://doi.org/10.1177/0162243910377624>
- Star, S. & Ruhleder, K. (1996). Steps Toward an Ecology of Infrastructure: Design and Access for Large Information Spaces. *Information Systems Research*, 7(1), 111-134. <https://doi.org/10.1287/isre.7.1.111>

- Stewart, G. G. (2017). *Brewing and Distilling Yeasts*. Springer.
- Strasser, B. J. (2019). *Collecting Experiments: Making Big Data Biology*. University of Chicago Press.
- Szymanski, E., Vermeulen N., & Wong, M. (2019). Yeast: One Cell, One Reference Sequence, Many Genomes? *New Genetics and Society*, 38(4), 430-450. <https://doi.org/10.1080/14636778.2019.1677150>
- Tarkkala, H. (2019). *Reorganizing Biomedical Research: Biobanks as Conditions of Possibility for Personalized Medicine* [Tesis de doctorado, Universidad de Helsinki].
- Taylor, D. (2016). *Transformation of an Icon: ATCC and the New Business Model for Science*. American Type Culture Collection.
- Uruburu, F. (2003). History and Services of Culture Collections. *International Microbiology*, 6(2), 101-103. <https://doi.org/10.1007/s10123-003-0115-2>
- Wu, L., Sun, Q., Desmeth, P., Sugawara, H., Xu, Z., McCluskey, K., & Robert, V. (2017). World Data Centre for Microorganisms: An Information Infrastructure to Explore and Utilize Preserved Microbial Strains Worldwide. *Nucleic Acids Research*, 45(D1), D611-D618. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw903>
- Zabala, J. P., & Rojas, N. (2021). El Instituto Bacteriológico de Argentina. Hibridación de política, ciencia y atención médica (1890-1930). En R. Viales Hurtado & C. Rodríguez Sánchez (Eds.), *Historia de la microbiología en contexto global. Estudios de caso de Costa Rica, Argentina y España* (pp. 129-171). Universidad de Costa Rica.

Fuentes

- Boekhout, T., Amend, A. S., El Baidouri, F., Gabaldón, T., Geml, J., Mittelbach, M., Robert, V., Shuhui Tan, C., Turchetti, B., Vu, D, Wang, Q. M., & Yurkov, A. (2022). Trends in Yeast Diversity Discovery. *Fungal Diversity*, 114(1), 491-537. <https://doi.org/10.1007/s13225-021-00494-6>
- Boundy-Mills, K. L., Glantschnig, E., Roberts, I. N., Yurkov, A., Casaregola, S., Daniel, H. M., Gorenwald, M., & Turchetti, B. (2016). Yeast Culture Collections in the Twenty First Century: New Opportunities and Challenges. *Yeast*, 33(7), 243-260. <https://doi.org/10.1002/yea.3171>
- Boundy-Mills, K. L. (2006). Methods for Investigating Yeast Biodiversity. En C. Rosa & G. Péter (Eds), *Biodiversity and Ecophysiology of Yeasts* (pp. 67-100). Springer.
- Hittinger, C. T., Rokas, A., Bai, F. Y., Boekhout, T., Gonçalves, P., Jeffries, T. W., Kominek, J., Lachance, M.A., Libkind, D., Rosa, C., Sampaio, J. P., & Kurtzman,

- C. P. (2015). Genomics and the Making of Yeast Biodiversity. *Current Opinion in Genetics & Development*, 35, 100-109. <https://doi.org/10.1016/j.gde.2015.10.008>
- Kurtzman, C., & Fell, J. (2006). Yeast Systematics and Phylogeny – Implications of Molecular Identification Methods for Studies in Ecology. En C. Rosa & G. Péter (Eds.), *Biodiversity and Ecophysiology of Yeasts* (pp. 11-30). Springer.
- Kurtzman, C. P., Fell, J. W., Boekhout, T., & Robert, V. (2011). Methods for Isolation, Phenotypic Characterization and Maintenance of Yeasts. En C. Kurtzman, J. Fell, & T. Boekhout (Eds.), *The Yeasts: A Taxonomic Study* (pp. 87-110). Elsevier.
- Lachance, A. (2006). Yeast Biodiversity: How Many and How Much? En C. Rosa & G. Péter (Eds.), *Biodiversity and Ecophysiology of Yeasts* (pp. 1-10). Springer.
- Lachance, M. A. (2014). The Biodiversity, Ecology, and Biogeography of Ascomycetous Yeasts. En M. Francis (Ed.), *The Ecological Genomics of Fungi* (pp. 355-370). Willey-Blackwell.
- Prakash, O., Nimonkar, Y., & Shouche, Y. S. (2013). Practice and Prospects of Microbial Preservation. *FEMS Microbiology Letters*, 339(1), 1-9. <https://doi.org/10.1111/1574-6968.12034>
- Robert, V., Stalpers, J., Boekhout, T., & Tan, S. H. (2006). Yeast Biodiversity and Culture Collections. En C. Rosa & G. Péter (Eds.), *Biodiversity and Ecophysiology of Yeasts* (pp. 31-44). Springer.
- Rosa, C., & Péter, G. (2006). Preface. En C. Rosa & G. Péter (Eds.), *Biodiversity and Ecophysiology of Yeasts*. Springer.