

# CLASSIFICAÇÃO DA INFORMAÇÃO ARQUIVÍSTICA SEGUNDO MÉTODOS FÍLOMEMÉTICOS: METADADOS COMO UNIDADES FENOTÍPICAS?

L. S. Ascensão de Macedo

*Universidade de Coimbra, orcid.org/0000-0001-7251-7314, laureanomacedo@student.fl.uc.pt*

**Resumo:** Este artigo explora métodos filogenéticos aplicados à classificação da informação arquivística. Analisam-se paralelismos discursivos baseados na ‘metáfora biológica’ existente na literatura arquivística e na CI, bem como as aplicações deste método nas Humanidades Digitais, conhecida como filomemética. Para obter resultados que nos permitam analisar do ponto de vista evolucionista a estrutura de um sistema de informação arquivístico, analisamos uma amostra descrita numa matriz de distâncias/similaridade baseada em propriedades do Records in Context. Em resultado disto, efetua-se neste artigo uma análise em torno dos outputs das aplicações utilizadas no âmbito da análise filogenética. O contributo deste estudo exploratório visa contrapor os modelos top-down (base funcional) de representação da informação arquivística face a um modelo de representação científica e evolucionista dos conjuntos informacionais. Conclui-se que os metadados podem constituir-se como unidades fenotípicas por permitirem apresentar padrões de (dis)similaridade entre as unidades informacionais analisadas.

**Palavras-chave:** Classificação arquivística, metáfora biológica, filogenética cultural, metadados, traços fenotípicos.

## PHYLOMEMETIC METHODS APPLIED IN ARCHIVAL INFORMATION CLASSIFICATION: ARE METADATA PHENOTYPIC TRAITS?

**Abstract:** This paper explores phylogenetic methods applied to archival information and knowledge classification. We analyse discourses about the “biological metaphor” in the archival and information science literature, and their methodological applications in the Digital Humanities, known also as phylomemetics. We adopt an exploratory method using metadata as phenotypic traits and RiC properties to build distance/similarity matrices with dendritic visualizations based on set of taxa (typological records). This study analyses the outputs of phylogenetic tools to support our interpretation of the data. The importance of this study shows us alternative methods to functional analysis in archival classification theory to an evolutionary classification of archival information systems.

**Keywords:** Archival classification, biological metaphor, cultural phylogeny, metadata, phenotypic traits.

## INTRODUÇÃO

A classificação arquivística consiste numa atividade de organização sistemática e estruturada de conjuntos informacionais arquivísticos, com o objetivo de controlar e proporcionar meios para descrever, representar e recuperar informação (Mokhtar & Yusof, 2015; Ribeiro, 2013; Sales, 2016; Simões & Freitas, 2013; Simões, Freitas, & Rodríguez-Bravo, 2016). A representação da informação arquivística materializa-se em instrumentos de pesquisa, *u. g.*, roteiros, guias, inventários, catálogos, índices, *thesauri* e bases de dados relacionais (MacNeil, 2012), podendo conter *instrumenta* sintéticos como planos, grelhas, quadros ou tabelas de seleção, com objetivos distintos de utilização. Enquanto os planos de classificação (igualmente, grelhas e tabelas de seleção) visam representar sinteticamente a estrutura de um sistema de informação orientada para uma gestão prospetiva em contexto de arquivo administrativo, os quadros de classificação, por outro, constituem uma representação retrospectiva e/ou reconstitutiva de sistemas informacionais (extintos ou existentes), tendo como unidade máxima de representação os arquivos ou fundos. No entanto, a classificação arquivística não se cinge às necessidades de recuperação de informação, mas constitui a ‘coluna vertebral’ indispensável tanto para a tomada de decisão no âmbito da avaliação da informação (análise axiológica, estabelecimento de

prazos de retenção e destino), como na definição de níveis de acesso, de proteção de dados, de confidencialidade, de preservação e conservação, inclusa a (re)engenharia dos processos de trabalho (Mokhtar & Yusof, 2015). De acordo com Lourenço, Henriques, & Penteado (2011), a necessidade de um modelo de interoperabilidade semântica materializado num instrumento comum para a representação da informação arquivística na administração pública portuguesa, como o MEF e ASIA, visa propor uma solução para fazer face às *folksonomias* administrativas praticadas na generalidade dos serviços públicos. Ainda assim, a maioria dos instrumentos de pesquisa adotou uma visualização hierarquizada e multinível das classes informacionais ou documentais (Gartner, 2016), de acordo com determinadas regras e convenções adotadas a nível internacional e nacional para a sua descrição (cf. Portugal. DGARQ, 2011), com forte penetração em sistemas de informação eletrónicos, como o ISAD(G) e o seu correspondente EAD (Gross, 2013; Niu, 2013). Estes *instrumenta* sustentam-se em preceitos arquivísticos que remontam desde finais do século XVIII (u. g., Spiess, 1777) e que transformaram a arquivística como disciplina científica por direito próprio a partir de finais do século XIX (Jenkinson, 1922; Muller, Feith, & Fruin, 1898), como os princípios da proveniência, do respeito pela ordem original, do respeito pela estrutura e da organicidade (Biblioteca Nacional de Portugal, 2010).

Ainda que muitos sistemas nacionais de arquivos tenham adotado uma perspetiva patrimonialista, historicista e custodial na estruturação de sistemas de informação arquivísticos (Ribeiro, 2011), estes princípios foram objeto de novas interpretações no presente contexto pós-moderno e pós-custodial, devido ao incremento e diversificação dos *media* e ecossistemas digitais, cujas críticas podem ser aprofundadas em Bailey (2013), Lemieux (2016), Sweeney (2008), Tognoli (2012), Tognoli e Guimarães (2011). Independentemente destas posições, a representação da informação arquivística, segundo as convenções normativas supramencionadas, continua a ser configurada de forma hierarquizada, estática, unidimensional, idiossincrásica, onde o fundo/arquivo é descrito como um sistema fechado, qual “silo”, e tratado como resíduo da atividade das organizações.

Os mais recentes estudos apontam para a representação multidimensional da informação arquivística segundo modelos conceituais e sua transposição para ontologias formais para suporte à descrição. Esta perspetiva aproxima-se dos pressupostos da ISO 21.127 (2014), como é o caso do *RiC: Records in Context* (Gueguen et al., 2013; ICA.EGAD, 2016). Apesar de este modelo constituir um avanço no âmbito da interoperabilidade em instituições de memória, alguns autores têm explorado novas formas de representação computacional da informação arquivística quer do ponto de vista cognitivo (Esteva, Tang, Xu, & Padmanabhan, 2013; Lemieux, 2015) quer baseada na teoria rizomática de Deleuze-Guattari (Duff & Haskell, 2015; Greetham, 1995). De qualquer forma, a perspetiva conceitual e ontológica aplicada aos arquivos radica na tradição de decomposição de classes segundo a perspetiva aristotélico-escolástica de *genus* e *differentiae specifica*, o qual tem sido também a base para a classificação hierarquizada de base funcional (Barros, 2012; Bountouri & Gergatsoulis, 2011; Foscarini, 2009; Simões, Freitas, & Rodríguez-Bravo, 2016). Apesar de a literatura arquivística referir-se à ‘metáfora biológica’ como um traço distintivo em relação aos modelos de classificação em bibliotecas, esta perspetiva carece de uma análise à luz da Teoria Evolucionista.

Este artigo efetua um estudo exploratório aos métodos filomeméticos enquanto modelos de classificação científica aplicáveis à representação da informação arquivística. Analisar-se-ão os conceitos operatórios associados à ‘metáfora biológica’, com uma contextualização das aplicações de modelos filomeméticos aplicados nas Humanidades Digitais, seguido de uma exemplificação de aplicação em torno de unidades informacionais.

# CONTEXTUALIZAÇÃO

## *A 'metáfora biológica' na arquivística e o discurso evolucionista em CI*

As comparações inspiradas em processos biológicos para explicar fenómenos na arquivística não são espúrias. Autores fundamentais da arquivística, como Muller, Feith & Fruin (1898), Jenkinson (1922), Casanova (1928) estabeleciam analogias em torno do processo de formação e natureza dos arquivos baseadas em 'metáforas biológicas' (Adell, 2010; Bak, 2012; Hurley, 1993). Na terminologia arquivística, existem vários conceitos definidos com base no símile biológico, materializado em termos como arquivo, fundo, série e, designadamente, organicidade (cf. Quadro 1).

**Quadro 1. Arquivo e Organicidade na terminologia arquivística (português).**

| Entrada terminológica | Definição*   | Fonte                            |
|-----------------------|--|----------------------------------|
| <i>Arquivo</i>        | <i>Conjunto <b>orgânico</b> de documentos, independentemente da sua data, forma e suporte material, produzidos ou recebidos por uma pessoa jurídica, singular ou colectiva, ou por um organismo público ou privado, no exercício da sua actividade e conservados a título de prova ou informação. É a mais ampla unidade arquivística. A cada proveniência corresponde um arquivo.</i> | (BNP, 2010, p. 379)              |
| <i>Organicidade</i>   | <i>Característica que decorre do facto de os arquivos reflectirem, enquanto <b>produto natural</b> da actividade de uma administração – no seu todo ou em cada uma das suas unidades, bem como nas relações entre elas – a vontade e o funcionamento dessa administração. Fundamenta os princípios da proveniência e do respeito pela ordem original.</i>                              | (BNP, 2010, p. 379)              |
|                       | <i><b>Relação natural</b> entre documentos de um arquivo em decorrência das actividades da entidade produtora.</i>   | (Brasil. Arquivo Nacional, 2005) |

\* Sublinhados nossos.

Na terminologia inglesa, vários termos exararam esta perspectiva biológica, *u. g. records aggregation* (IP2, 2008), *archival bond* (Duranti, 2015), *archival sedimentation* (Mata Caravaca, 2015), *archival nature, accumulation, organic collection* (Pearce-Moses, 2005), para referir alguns. Para expressar a organicidade de um arquivo, a representação hierarquizada e multinível de um sistema informação aproximava-se mais das estruturas orgânico-funcionais. Esta perspectiva foi criticada pela escola de Ciência da Informação (CI) da Universidade do Porto, por “confundir orgânico com administrativo, de onde resulta considerar a organicidade propriedade exclusiva de entidades dotadas de aparelho jurídico-administrativo ou burocrático” (Universidade do Porto, 2007).

A estrutura hierarquizada das classes arquivísticas – arquivo/fundo, secção, série, documento composto/simples – tem sido entendida como uma conexão entre unidades informacionais (Adell, 2010). Podemos encontrar em Jenkinson, em 1943, a formulação de uma estrutura inspirada na taxonomia lineana:

*In the case of Archives Species, Genera and Orders are represented by Classes, Groups and Categories of Records: which are, to an almost equal extent, natural, not artificial, divisions.* (Jenkinson, 1943/2003, p. 200)

Descendo até ao nível hierárquico de série, esta unidade arquivística constitui a materialização da informação no “exercício de uma mesma função ou actividade, dentro de uma mesma área de actuação” (Biblioteca Nacional de Portugal, 2010). O símile entre série e a *species* lineana também não é espúrio (Adell, 2010; Hurley, 1993; Janzen, 1994; Mai, 2011; Rieppel, 2010; Wilkins, 2009), apesar de estas associações terem permanecido no domínio concetual e latentes na literatura arquivística.

O discurso evolucionista no âmbito da CI conta com importantes contributos que permitem dispor de

uma base teórica e interdisciplinar no âmbito da filogenia cultural (Bentley & O'Brien, 2012; Gnoli, 2006; Knappett, 2016; Mendoza Straffon, 2016; Renzi & Napolitano, 2011). Alguns autores têm rejeitado símiles biológicos para explicar fenómenos na arquivística (Cook, 2011). Por um lado, temos o diferendo Bearman *versus* Eastwood (Bearman, 1989; Eastwood, 1995) no âmbito da avaliação da informação arquivística, que resultou de um equívoco em torno de uma expressão cunhada por Gerald Ham, “archival darwinism” (Ham, 1993) ou “neo-Darwinian construction” (Cook, 2011). Por outro lado, no âmbito da organização do conhecimento, as divergências entre Bates *versus* Hjørland (Bates, 2005, 2008, Hjørland, 2007, 2008, 2011) baseiam-se na definição metateórica de informação quer como processo biológico-comportamental quer como construto social e cultural. Bates defendeu uma perspectiva hilomorfista em que considera *information as simply pattern* (Bates, 2005), perspectiva com conexões aos modelos de Floridi (2016) e de *information as thing* de Buckland (1991), enquanto Hjørland rejeitou categoricamente esta posição de *information being an objective phenomenon* (Hjørland, 2008).

No entanto, assiste-se a uma aplicação de modelos filomeméticos para explicar processos evolutivos em sistemas de informação como uma abordagem emergente, baseado na aplicação de algoritmos evolucionistas (Eiben & Smith, 2012; Ventura & Luna, 2016), designadamente

- no âmbito da curadoria digital (Thomer & Weber, 2014; Weber, 2015; Weber & Thomer, 2016);
- na reconstituição forense de unidades informacionais (Costa et al., 2015; Lanterna & Barili, 2017; Oliveira et al., 2016);
- no âmbito da estematologia ou crítica textual (Andrews & Macé, 2012; Heikkilä, 2007; Reenen, Hollander, & Mulken, 2004), em alternativa aos métodos de aglomeração automatizada de documentos (*document clustering*) (Huang, 2008).

### ***Filogenética / filomemética nas Humanidades e Ciências Sociais***

A classificação biológica provém de uma longa tradição aristotélico-escolástica, baseada num modelo hierarquizado de classes decompostas por género (*γένος/genus*), espécie (*εἶδος/species*), diferença (*διαφορά/differentia*), propriedade (*ἴδιον/proprium*) e acidente (*συμβεβηκός/accidens*) e representada pela estrutura dendrífica conhecida por *arbor Porphyrii* (Evangelidou, 1996).

A partir do século XVIII, Lineu estabeleceu um modelo taxonómico que se constituiu como referência metodológica para a Biologia. No entanto, este modelo radicava na visão essencialista e divinizada da *scala naturae*, baseada mais na similaridade morfológica do que na hereditariedade (Ereshefsky, 2001a, 2001b, Queiroz, 1997, 2007; Queiroz & Gauthier, 1992). Desde inícios do século XIX, o pensamento evolucionista ganhava maior proeminência. Darwin defendeu que *all true classification is genealogical* (1859, p. 420), para reforçar a validade dos princípios da descendência com modificação e da hereditariedade. Tais princípios darwinianos constituem um dos pilares da filogenética sistemática (Lecointre, 2015).

No entanto, a filogenética não se tornou numa disciplina exclusiva da Biologia Evolutiva: as suas potencialidades transdisciplinares tiveram larga aplicação, por exemplo, na classificação de macrofamílias linguísticas (Atkinson, 2006; Fangerau, Geisler, Halling, & Martin, 2013; List, 2014), na crítica textual (Andrews & Macé, 2012; Heikkilä, 2007; Reenen, Hollander, & Mulken, 2004; Spencer, Davidson, Barbrook, & Howe, 2004), na arqueologia evolutiva (García Rivero, 2013, 2016; Mendoza Straffon, 2016; O'Brien & Lyman, 2003), na teoria organizacional (McCarthy, 2005), nos processos evolutivos em tecnologias industriais (AlGeddawy & ElMaraghy, 2011; Lee, Jung, Yoon, Kim, & Jung, 2013; Rose-Anderssen, 2014) e na evolução cultural (Currie & Mace, 2011; Mace, Holden, & Shennan, 2005; Mesoudi, 2011, 2016). A transposição de métodos filogenéticos para o domínio das Humanidades e Ciências Sociais constitui uma abordagem emergente sobre a aplicação de métodos baseados na epistemologia evolucionista (Gontier, 2012) e na exploração de modelos algorítmicos meta-heurísticos (Eiben & Smith, 2012).

Os modelos de classificação da Sistemática Filogenética derivaram de três escolas filosóficas: a fenética, a cladística e a taxonomia filogenética (García Rivero, 2010; Pérez Aguilar, 2011). A diferença entre estas três escolas, exemplificadas sinteticamente *infra* (Quadro 2), consiste no facto de a fenética não se basear no princípio de descendência com modificação e, por essa razão, foi abandonada pelos biólogos por apenas centrar-se na similaridade morfológica e gerar analogias e homoplasias, i. e., similaridades não resultantes de relações de descendência. Enquanto a cladística considerava apenas os grupos monofiléticos como válidos, por partilharem caracteres homólogos, a taxonomia evolutiva, por seu turno, evidenciou a importância tanto dos grupos monofiléticos como parafiléticos (ibid.). A visualização das relações entre os *taxa* em dendrogramas, os quais constituem hipóteses de visualização, depende de modelos estatísticos e da seleção tipológica de genomas e fenómenos (Khanafiah & Situngkir, 2006; Morrison, 2014; O'Malley, Martin, & Dupré, 2010).

**Quadro 2. Escolas filogenéticas pós-síntese**

| <i>Escola</i>                                | <i>Método de classificação</i>  | <i>Modelo de visualização</i> | <i>Procedimentos</i>   | <i>Autores fundamentais</i>         | <i>Problemas</i>  |
|--|---|-------------------------------|--|-------------------------------------|---|
| <i>Fenética (numerical taxonomy)</i>         | <i>Similaridade morfológica</i><br><i>Unidade: OTU</i>  | <i>Fenograma</i>              | <i>Estatístico (análise fatorial, análise de conglomerados, análise coordenadas principais).</i>               | (Sneath & Sokal, 1973; Sokal, 1986) | - não explica a história evolutiva;<br>- gera paralelismos, convergências evolutivas.                           |
| <i>Cladística (sistemática filogenética)</i> | <i>abordagem "descendência com modificação":</i><br><i>carateres análogos, homologia, sinapomorfias, autapomorfias, simplisimorfia.</i> | <i>Cladograma</i>             | <i>Estatístico (máxima verossimilhança, de inferência bayesiana, método dos mínimos quadrados, parsimónia)</i> | (Hennig, 1975)                      | - critério da parsimónia insuficiente;<br>- desvalorização da anagéneses<br>- ausência de critérios de ranking. |
| <i>Taxonomia evolutiva</i>                   | <i>Similitude entre classes, grupos monofiléticos e parafiléticos, anagéneses.</i>  | <i>Filograma</i>              | <i>Estatístico (máxima verossimilhança, de inferência bayesiana, método dos mínimos quadrados, parcimónia)</i> | (Mayr, 1981; Mayr & Bock, 2002)     | - critério de semelhança e genealogia não é passível de ser representada simultaneamente.                       |

Fonte: adaptado a partir de García Rivero (2010).

Embora o conceito de espécie não seja consensual entre taxónomos (Queiroz, 1997, 2007; Samadi & Barberousse, 2015; Wilkins, 2009; Zander, 2013), a análise geno-fenotípica sobre uma população de *taxa* constitui a base para o estudo filogenético. Dawkins criou o neologismo *memes*, por oposição a genes (1976), para diferenciar princípios hereditários de transmissão cultural face aos processos biológicos, designado também por filomemética (Howe & Windram, 2011). Esta metodologia aplicada no âmbito da cultura material evidenciou paralelismos entre traços fenotípicos e traços culturais como unidades de descrição mínimas (O'Brien et al., 2010; Panebianco & Serrelli, 2016; Woodward, 2007). Sendo os fenótipos o conjunto de propriedades morfológicas de um organismo (Mahner & Kary, 1997), em CI tem como possíveis equivalentes os metadados, ativos semânticos e propriedades significativas, uma vez que constituem elementos descritivos de artefactos informacionais (Gartner, 2016). Entende-se por propriedades significativas como metadados contextuais aplicados aos objetos informacionais para fins de preservação e que se estruturam a nível de conteúdo, contexto, renderização, estrutura e comportamento (Faniel & Yakel, 2011; Knight, Grace, & Montague, 2008).

## MATERIAIS E MÉTODOS

Se postularmos o facto de os arquivos constituírem extensões fenotípicas das atividades das organizações e, como tal, expressão de uma cultura material, os sistemas de informação arquivísticos evoluem *pari passu* com as organizações produtoras. Sendo o documento de arquivo a unidade mínima de um fundo na hierarquia de classes, a análise documental através dos métodos da diplomática

contemporânea consiste na identificação de caracteres externos e internos das tipologias documentais (Rogers, 2015, 2016). Posto que a análise diplomática se centre em questões sobre autenticidade da informação arquivística, a análise formal dos caracteres externos e internos dos documentos estrutura-se num esquema de metadados e das suas propriedades significativas.

Os esquemas de metadados – tanto de tipo descritivo, administrativo, técnico como de preservação, além da variedade e diversidade de esquemas (cf. Riley, 2010) – podem ser analisados segundo processos evolutivos: *some metadata are re-used (inheritance)*, *other metadata are eliminated (extinction)* and *still others are updated or newly generated (mutation)* (Niu, 2013). De modo similar, os traços fenotípicos culturais são objeto de *recombination, copying error, and [...] can be the foundation for the production of new traits* (O’Brien et al., 2010).

Se considerarmos o facto de os processos de negócio/séries documentais serem produto de eventos concatenados e materializados em unidades informacionais (Niu, 2015), alguns estudos demonstraram modelos de reconstituição de processos de negócio segundo métodos filogenéticos baseados em eventos (Bose & Van Der Aalst, 2011), enquanto outros sustentaram a sua análise em *datasets* arquivísticos (artefactos digitais) a partir de *propriedades significativas* (Thomer & Weber, 2014; Weber & Thomer, 2016).

Com base no exposto, propomos a seguinte questão de investigação: os metadados e propriedades significativas possibilitam reconstituir um sistema de informação arquivístico segundo uma perspetiva evolucionista, constituindo-se como hipótese de classificação científica desse sistema informacional? Para tal, adotamos um método misto segundo uma abordagem *bottom-up* (sustentado em dados). Para possibilitar um estudo filomemético, adotamos o seguinte fluxo de trabalho:

- (i) **Coleta de dados e processamento.** Seleccionámos aleatoriamente 9 documentos compostos, num total de 41 peças de tipologia diversa classificados segundo MEF/ASIA (DGLAB, 2016; Lourenço, Ramalho, & Pentead, 2015) de acordo com a Quadro 3, proveniente do sistema de informação do Governo Regional da Madeira (GRM), referente ao período de registo de 2014 a 2016.

**Quadro 3. Classes MEF/ASIA**

| Classe MEF/ASIA  | Nota de definição   | Relação com outros PN  |
|--|---|--|
| 300.10.302<br>Eliminação de documentos e informação    | Destruição controlada de documentação e informação administrativa, independentemente do suporte, decorridos os prazos legais. Inicia com a proposta e termina com a comunicação da eliminação à entidade competente. Inclui análise da documentação ou informação, verificação de prazos legais de conservação administrativa e de destino final, autorização de eliminação e elaboração de auto de eliminação. | Complementar#300.30.008#Registo de documentos e informação#<br>Complementar#300.30.602#Avaliação de informação arquivística#   |
| 300.10.600 Depósito de bens                            | Aquisição da responsabilidade da gestão de bens de terceiros. Inicia com o pedido de depósito ou entrega de bens e termina com a devolução ou decisão sobre o destino dos bens. Inclui o registo dos bens a depositar, a sua receção e confirmação de depósito.   | 300.30.008#Registo de documentos e informação# Síntese(sintetizado)  |
| 300.30.008 Registo de documentos e informação          | Inserção de dados relativos a documentos e informação, independentemente da sua natureza ou suporte. Inicia com a recolha de dados e termina com o seu registo. Inclui atualização de dados.  | Complementar#300.30.602#Avaliação de informação arquivística#<br>Complementar#300.10.302<br>Eliminação de documentos e informação#   |
| <b>300.30.602 Avaliação de informação arquivística</b> | Atribuição de um valor informacional, de acordo com critérios de valorimetria aplicáveis, para efeitos de determinação do destino final da informação/documentação. Inicia com a identificação do objeto a avaliar e termina com a produção de instrumento de avaliação. Inclui estudo do contexto de produção, criação de estrutura de organização intelectual e justificação dos valores atribuídos.          | Complementar#300.10.302<br>Eliminação de documentos e informação#<br>Complementar#300.30.008 Registo de documentos e informação#<br>Complementar#300.40.501<br>Conservação e proteção de informação# |

Fonte: extraído de DGLAB (DGLAB, 2016).

Dado que o tamanho desta amostra é meramente experimental, constituímos uma matriz binária,

acessível em Macedo (2017), onde se descreve cada documento simples pelas suas tipologias documentais, a saber: ofícios (NP 5:1992, *apud* BNP, 2010); informações internas (formulários internos); relatório de avaliação (DGLAB); auto de eliminação, guia de remessa, auto de entrega (Portugal.RAM, 1999); auto de incorporação, instrumento de pesquisa (formulários internos). Na matriz binária atribuíram-se valores em que 0 significa que uma tipologia documental não possui determinada propriedade *RiC* e 1 possui essa propriedade, conforme se exemplifica nos Quadros 4 e 5.

**Quadro 4. Relação de tipologias documentais**

| Abreviatura      | Descrição   | Tradição  | Taxon                          | Obs.             |
|------------------|---|-----------|--------------------------------|------------------|
| auto_ceden       | Auto de cedência a título devolutivo                            | original  | I4                             |                  |
| auto_elim_d_pdg  | Auto de eliminação, por via de portaria de gestão de documentos | cópia     | C2, H2                         |                  |
| auto_elim_o_pdg  | Auto de eliminação, por via de portaria de gestão de documentos | original  | C1, H1                         |                  |
| auto_elim_rada_d | Auto de eliminação, por via de relatório de avaliação           | duplicado | B2                             |                  |
| auto_elim_rada_o | Auto de eliminação, por via de relatório de avaliação           | original  | B1                             |                  |
| auto_de_entre    | Auto de entrega   | original  | E1                             |                  |
| auto_incorp_d    | Auto de incorporação  | duplicado | F2                             |                  |
| auto_incorp_o    | Auto de incorporação  | original  | F1                             |                  |
| guia-r_d_rada    | Guia de remessa, por via de relatório de avaliação              | duplicado | D2                             |                  |
| guia-r_o_rada    | Guia de remessa, por via de relatório de avaliação              | original  | D1                             |                  |
| inf_int_o        | Informação interna  | original  | A3, B3, C3, D3, G3, H3, I1     |                  |
| idd_d            | Instrumento de pesquisa   | cópia     | G2                             |                  |
| idd_o            | Instrumento de pesquisa   | original  | G1                             |                  |
| ofic_c           | Ofício  | cópia     | A5, B5, C5, D5, F5, G5, H5     |                  |
| ofic_o           | Ofício  | original  | A4, B4, C4, D4, F4, G4, H4, I2 |                  |
| ofic_rem         | Ofício  | original  | I3, F3, A6                     | Entidade externa |
| oficio_rem_o     |   |           |                                |                  |
| O_resp_oGA       |   |           |                                |                  |
| rada_d           | Relatório de avaliação  | duplicado | A2                             |                  |
| rada_o           | Relatório de avaliação  | original  | A1                             |                  |

Fonte: extraído de Macedo (Macedo, 2017), através de doi:10.7910/DVN/ERE8HL.

**Quadro 5. Extrato de matriz binária**

| Taxa     | A1  | A2  | A3  | A4  | A5  | A6  | B1  | B2  | B3  | B4  | B5  | C1  | C2  | C3  | C4  | C5  | D1  | D2  | D3  | D4  | D5  | E1  | F1  | F2  | F3  | F4  | F5  | G1  | G2  | G3  | G4  | G5  | H1  | H2  | H3  | H4  | H5  | I1  | I2  | I3  | I4  |     |
|----------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| RiC-R074 | 0   | 0   | 1   | 0   | 0   | 0   | 0   | 1   | 0   | 0   | 0   | 0   | 1   | 0   | 0   | 0   | 0   | 1   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 1   | 0   | 0   | 0   | 0   | 1   | 0   | 0   | 1   | 0   | 0   | 0   |     |     |
| RiC-R075 | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   |     |
| RiC-R078 | 1   | 1   | 0   | 0   | 0   | 0   | 1   | 1   | 0   | 0   | 0   | 1   | 1   | 0   | 0   | 0   | 1   | 1   | 0   | 0   | 0   | 1   | 1   | 0   | 0   | 0   | 1   | 1   | 0   | 0   | 0   | 1   | 1   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 1   |
| RiC-R079 | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   |
| RiC-R080 | 1   | 1   | 0   | 0   | 0   | 0   | 1   | 1   | 0   | 0   | 0   | 1   | 1   | 0   | 0   | 0   | 1   | 1   | 0   | 0   | 0   | 0   | 1   | 1   | 0   | 0   | 0   | 1   | 1   | 0   | 0   | 0   | 1   | 1   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   |
| RiC-R082 | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   | 1   |
| RiC-R085 | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   | 0   |
| RiC-R086 | 1   | 1   | 1   | 0   | 0   | 1   | 1   | 1   | 0   | 0   | 1   | 1   | 1   | 0   | 0   | 1   | 1   | 1   | 0   | 0   | 1   | 1   | 1   | 1   | 0   | 0   | 1   | 1   | 1   | 0   | 0   | 1   | 1   | 1   | 0   | 0   | 1   | 0   | 0   | 0   | 0   |     |
| ...      | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... |

Fonte: extraído de Macedo (Macedo, 2017), através de doi:10.7910/DVN/ERE8HL.

**Quadro 6. Relação de entidades e de propriedades do RiC**

| Set of Properties                                  | Properties                            | Set of Properties  | Properties                        |
|--|---------------------------------------|--|-----------------------------------|
| Shared Properties of all Entities                  | RiC-P1 Global Persistent Identifier   | Additional Property Specific to Person and Person Assumed Identity                   | RiC-P36 Gender                    |
|  | RiC-P2 Local Identifier               | Additional Property Specific to Delegate-Agent                                       | RiC-P37 Technical Characteristics |
|  | RiC-P3 Name                           | Additional Properties Specific to Corporate Body and Corporate Body Assumed Identity | RiC-P38 Services to the Public    |
|  | RiC-P4 General Note                   |  | RiC-P39 Contact Information       |
| RiC-P5 Authenticity and Integrity Note             | RiC-P40 Operating Hours               |  |                                   |
| Content Information                                | RiC-P6 Content Type                   | Properties of Position   | RiC-P41 Facilities                |
|  | RiC-P7 Content Extent                 |  | RiC-P42 Type                      |
|  | RiC-P8 Quality of Information         |  | RiC-P43 Description               |
|  | RiC-P9 Scope and Content              |  | RiC-P44 History                   |
|  | RiC-P10 Encoding Format               |  | RiC-P45 Type                      |
|  | RiC-P11 Language Information          |  | RiC-P46 Description               |
|  | RiC-P12 Media Type                    |  | RiC-P47 History                   |
|  | RiC-P13 Production Technique          |  | RiC-P48 Type                      |
| Information about Carrier                          | RiC-P14 Medium                        | Properties of Function   | RiC-P49 Description               |
|  | RiC-P15 Physical or Logical Extent    |  | RiC-P50 History                   |
| Information about Management and Use               | RiC-P16 Physical Characteristics Note | Property of Function (Abstract)  | RiC-P51 Description               |
|  | RiC-P17 Classification                | Properties of Activity   | RiC-P52 Type                      |
|  | RiC-P18 Conditions of Access          |  | RiC-P53 Description               |
|  | RiC-P19 Conditions of Use             |  | RiC-P54 History                   |
|  | RiC-P20 History                       | Properties of Mandate  | RiC-P55 Type                      |
|  | RiC-P21 Record State                  |  | RiC-P56 Description               |
| RiC-P22 Authenticity and Integrity Note            | RiC-P57 History                       |  |                                   |
| Properties of Record Set                           | RiC-P23 Type                          | Properties of Documentary Form   | RiC-P58 Type                      |
|  | RiC-P24 Accrual Note                  |  | RiC-P59 Description               |
|  | RiC-P25 Accrual Status                |  | RiC-P60 History                   |
|  | RiC-P26 Arrangement                   | Properties of Date   | RiC-P61 Type                      |
|  | RiC-P27 Classification                |  | RiC-P62 Calendar                  |
|  | RiC-P28 History                       |  | RiC-P63 Type                      |
| Properties Summarizing the Members of a Record Set | RiC-P29 Content Extent                | Properties of Place  | RiC-P64 Geographic Coordinates    |
|  | RiC-P30 Physical or Logical Extent    |  | RiC-P65 Address                   |
|  | RiC-P31 Scope and Content             |  | RiC-P66 Type                      |
| Properties Shared by All Agents                    | RiC-P32 Type                          | Properties of Concept/Thing  | RiC-P67 Description               |
|  | RiC-P33 Identity Type                 |  |                                   |
|  | RiC-P34 Language Information          |  |                                   |
|  | RiC-P35 History                       |  |                                   |

Fonte: extraído de ICA.EGAD (ICA.EGAD, 2016)

Conforme exposto, nas linhas encontram-se discriminadas as tipologias documentais (*taxa*) integrantes dos documentos compostos (num total de 9, de A a I). Nas colunas, as propriedades *RiC-R* (ICA.EGAD, 2016). Refira-se que o esquema *RiC* possui 67 propriedades, verificável no Quadro 6, e 792 relações multientidades de acordo com o *RiC-R*. As propriedades *RiC* foram reduzidas a 143 propriedades (marcadas em inglês pelo presente do indicativo) para poder-se estabelecer relações biunívocas simétricas entre propriedades *RiC*, que recebem o valor de 1 (*u. g., has copy/is copy of, is part of/has part, etc.*).

De acordo com os Quadros 4 e 5 *supra* exarado, as referências aos documentos (*taxa*) são representadas na sequência de dois dígitos alfanuméricos em que a letra maiúscula representa o processo documental pertencente a um processo de negócio concreto e o número a tipologia documental (*u. g., A1* decompõe-se em A equivale à classe 300.30.602 *Avaliação da Informação Arquivística*, e 1 corresponde a tipologia documental *relatório de avaliação*; A4: A = 300.30.602 *Avaliação da Informação Arquivística*; 4 = *ofício*). Ampliámos a matriz para maior especificação de propriedades que inclui datas, classes MEF/ASIA e tipo de suporte.

Assim, para exemplificar, o *taxon* A1 corresponde a um *relatório de avaliação*, integrado em A (300.30.602 *Avaliação da Informação Arquivística*) e que constitui uma peça de um documento composto (1 de 6). Para aplicar relações de propriedades *RiC-R* com valor de 1,



então o *taxon* A1 consiste num *Record Component* (RiC-R075) que é parte de (*is part of*) de *Record* (RiC-R14), e inversamente (RiC-R14-*Record has part* RiC-R075-*Record Component*). No caso de não ser explícita a presença de uma propriedade, recebe valor de 0. Por exemplo, o *taxon* A1 não é um *Record Set* (RiC-R135) que tem como membro (*has member*) um *Record* (RiC-R18). O exercício inverso não significa o mesmo (RiC-R18-*Record is member of* RiC-R13-*Record Set*), recebendo o valor 1. Assim, do conjunto de propriedades *RiC* contidos num *taxon*, obteremos uma sequência binária do tipo:

```
> A1
01101101111010111011011111110101011010011111110101010010101011110
10100000110100001100000000001101101110000111111100101101001111110
00111111000001000000000000010000000001000000000000000000000000100010
100010.
```

- (ii) **Análise e visualização de dados.** Seleccionámos as aplicações *web DendroUPGMA* (Garcia-Vallve, Palau, & Romeu, 1999) para processamento de dados binários e para extração de *outputs* e *iTOL* (Letunic & Bork, 2016), para visualização dendrífica. Para converter automaticamente os *datasets* binários em matrizes de distâncias, é mais apropriado o coeficiente de Sørensen–Dice e converter em formato interoperável, por exemplo, o formato Newick (Cardona, Rosselló, & Valiente, 2008). A partir destes dados, cujos *outputs* são acessíveis em Macedo (Macedo, 2017), optámos por um método de agrupamento hierarquizado UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), cujo resultado consiste num dendrograma baseado na (dis)similaridade entre *taxa* (Pavlopoulos, Soldatos, Barbosa-Silva, & Schneider, 2010), apesar de existirem vários tipos de algoritmos evolucionistas que possibilitam testar hipóteses diversas de filogenia, dependendo dos objetivos de análise (Yu & Gen, 2010). A (dis)similaridade entre *taxa* possibilita uma visualização dendrífica sobre como se distribuem os traços fenotípicos baseados nas propriedades *RiC*. Para entender a distribuição dos fenótipos, alguns autores recomendam a integração de um *taxon* que sirva de bitola para a análise do processo de especiação entre *taxa*, que designam por *outgroup* (Schillinger, Mesoudi, & Lycett, 2016). Trata-se de um elemento de análise essencial para efetuar uma comparação entre cada *taxon* a partir das propriedades partilhadas entre si. Consideramos o *taxon* A6 (ofício recebido do órgão de gestão dos arquivos no âmbito da 300.30.602 *Avaliação da Informação Arquivística*) como *outgroup*. Efetuámos testes através de uma sequência de dendrogramas, permitindo-nos visualizar a estrutura das unidades informacionais a partir dos seus traços fenotípicos descritos em *RiC*.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Da análise efetuada a cada tipologia documental de cada documento composto resultou numa matriz de binária 201 variáveis (*RiC* propriedades-relações) em 41 *taxa*. Obtivemos três tipos de *outputs*, calculado automaticamente por *DendroUPGMA* através do coeficiente de Sørensen-Dice, que resultou (i) numa matriz de distâncias, (ii) numa matriz de similaridade e (iii) correspondente formato Newick e respetivo cladograma (Quadro 7). O algoritmo UPGMA constituiu um parâmetro pré-definido em *DendroUPGMA* para a constituição de *clusters* e visualização dendrífica.

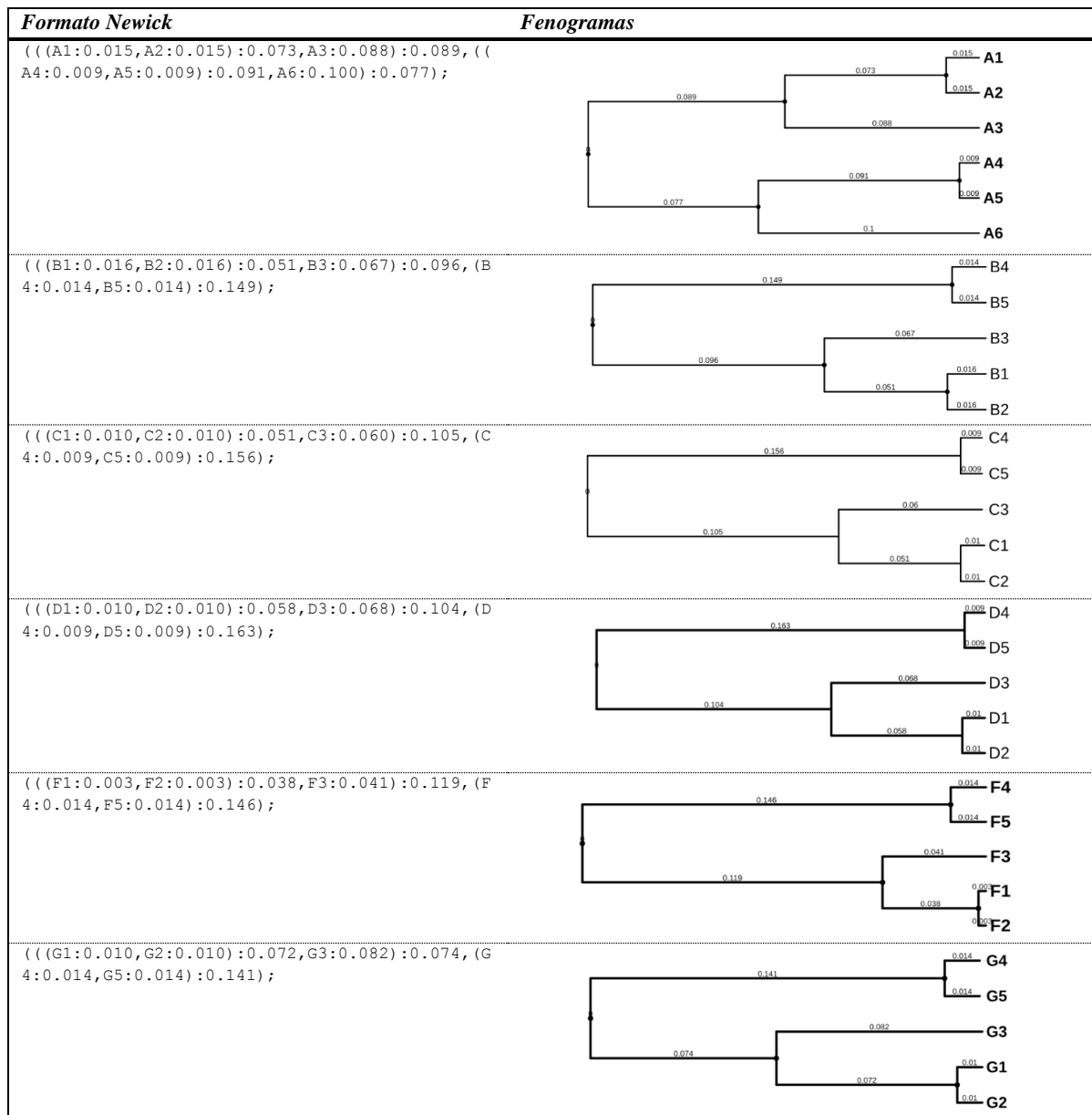
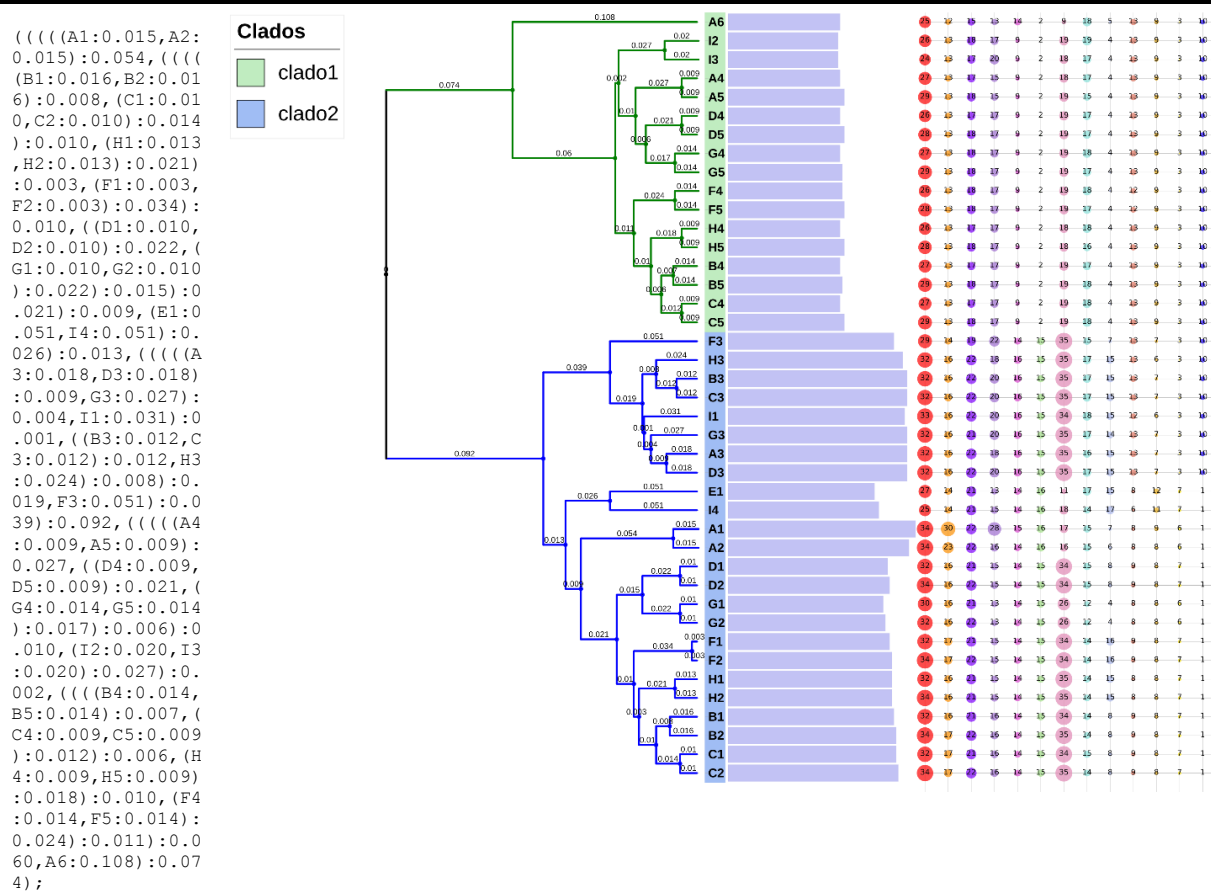


Figura 1. Fenogramas de relações entre taxa (tipologias documentais), por processos documentais, processado em *DendroUPGMA* (Garcia-Vallve et al., 1999)

A partir da Quadro 7, verifica-se que a metainformação do *RiC*, assumida aqui como traços fenotípicos, permitem uma diferenciação entre os *taxa* a partir das suas (dis)similaridades. As relações entre os *taxa* de cada dendrograma evidenciam relações de similaridade, como A1-A2, B1-B2, C1-C2, D1-D2, F1-F2 e G1-G2 (cf. *supra* Quadro 4), distinguindo-se entre si não apenas ao nível das tipologias documentais como também do suporte e da tradição documental (analógico/digital/híbrido). A mesma leitura pode ser feita para os pares A4-A5, B4-B5, C4-C5, D4-D5, F4-F5, G4-G5 (ofícios). No caso das informações internas (A3, B3, C3, D3 e F3), verifica-se que se encontram em ramos isolados mas vinculados a um *cluster*, respetivamente A1-A2, B1-B2, C1-C2, D1-D2, F1-F2 e G1-G2, numa relação, por exemplo, de tipo “*RiC-R18-Record*” *is member of* “*RiC-R13-Record Set*”, que determina a formação de agregações de documentos. No entanto, refira-se que os dendrogramas apresentados resultam de um exercício fenético, *i. e.*, baseado apenas na (dis)similaridade morfológica entre os *taxa*, portanto não indiciador de filogenia (Khanafiah & Situngkir, 2006; Morrison, 2014).



As barras do cladograma correspondem ao somatório das propriedades RiC por *taxon* e desdobrados em 13 esferas coloridas na seguinte sequência (esquerda/direita): Record, Record Component, Record Set, Agent, Occupation, Position, Function, Activity, Mandate, Documentary Form, Date, Place, Concept/Thing.

**Figura 2. Dendrograma de relações entre *taxa* (tipologias documentais), processado em iTOL (Letunic & Bork, 2016)**

Se agregarmos os *taxa* num único dendrograma, com os mesmos processos de cálculo atrás mencionados, é possível observar a constituição de dois ramos, visível na Quadro 8. Em primeiro lugar, o *clado 1* representa a comunicação interinstitucional por meio de ofícios, verificando-se o A6 como a correspondência recebida (em ramo isolado) e os restantes *taxa* como correspondência expedida. No *clado 2*, verifica-se a preparação da comunicação interna e da informação de suporte. A título exemplificativo, o caso do par A4-A5 (300.30.602 Avaliação de informação arquivística) aparece vinculado aos *taxa* D4-D5 (*idem*) e G4-G5 (300.30.008 Registo de documentos e informação), constituindo um *continuum* que deriva de um processo que nasce da avaliação de informação sobre conjuntos informacionais acumulados, em que o auto de entrega e guia de remessa e o envio de instrumentos de pesquisa partilham propriedades similares entre si. Igualmente, no *clado 2*, verificam-se relações de similaridade entre pares D1-D2 (300.30.602 Avaliação de informação arquivística) e G1-G2 (300.30.008 Registo de documentos e informação), pelo facto de o relatório de avaliação partilhar propriedades comuns ao IDD. Nesta sequência de exemplos, os pares B1-B2, C1-C2, H1-H2 derivam de procedimentos similares de eliminação de informação arquivística (300.10.302), independentemente se resultante de um relatório de avaliação ou da execução de uma portaria de gestão de documentos. No caso de E1 (sem classificação MEF) e I4 (300.50.202 Cedência de bens móveis culturais) apresentam-se no mesmo nó do ramo, em que constituem tipologias documentais que partilham alguma similaridade entre si (respetivamente, *auto de entrega* e *auto de cedência a título devolutivo*). Apesar de estes resultados constituírem uma aproximação preliminar aos métodos filogenéticos,

contamos com aspetos positivos e com limitações, a saber:

- (i) O recurso a uma matriz binária permite-nos, em princípio, descrever a informação a partir da identificação de propriedades observáveis em unidades informacionais arquivísticas (tipologias documentais de nível de documento). Tendo como exemplo o Quadro 7, verifica-se a presença de relações hierárquicas entre os *taxa*, que poderão indiciar uma hipótese de relação de ordem física entre tipologias documentais inferida a partir da matriz binária. Contudo, as propriedades *RiC* não significam que sejam suficientes para estabelecer relações de filogenia. Conforme Quadro 8, os *clusters* representam apenas (dis)similaridades morfológicas entre os *taxa*, mais próximo dos métodos fenéticos do que cladísticos, por o algoritmo UPGMA proporcionar este tipo de resultados (Khanafiah & Situngkir, 2006). Estaremos, portanto, perante a uma hipótese de classificação baseada a partir de tipologias documentais. A título de exemplo, autos de eliminação (H1-H2, B1-B2, C1-C2) e os autos de incorporação (F1-F2) dissemelham-se em relação ao *cluster* H3, B3, C3, I1, G3, A3, D3 (informações internas) e não se encontram vinculados entre si conforme a ordem “natural” ou “original” atribuída pelo produtor (como no Quadro 7).
- (ii) Os ramos constituídos pelo algoritmo UPGMA revelam aspetos pertinentes sobre as relações funcionais entre os *taxa*. Por exemplo, podemos ver no Quadro 8 que os ofícios (clado 1) encontram-se em ramo distinto por a sua função consistir na comunicação externa entre agentes, enquanto que no clado 2 observam-se dois ramos relacionados entre si baseados na produção informacional de âmbito interno. Thomer e Weber utilizaram algoritmos distintos (máxima verossimilhança) para identificar “eventos de especiação” a partir de metadados com fins de preservação digital (Thomer & Weber, 2014; Weber & Thomer, 2016). O recurso a outros algoritmos depende da granularidade informativa dos metadados e dos objetivos de análise filogenética, que terá resultados distintos em função da questão de investigação e da natureza do objeto de estudo. A questão fundamental consiste em determinar que metainformação, perante a diversidade de esquemas, poderá ser significativa para uma classificação filogenética da informação arquivística baseada no princípio de hereditariedade (Niu, 2013). Importa, por conseguinte, indagar as potencialidades e as limitações sobre os algoritmos meta-heurísticos aplicáveis à prospeção e reconstituição evolucionista da informação arquivística (Ventura & Luna, 2016; Yu & Gen, 2010). Contudo, a principal limitação deriva do facto de a maior parte das aplicações informáticas para o estudo filogenético está desenhada apenas para processar informação sobre entidades bióticas.

## CONCLUSÃO

O objetivo deste artigo visou efetuar uma aproximação preliminar aos métodos filomeméticos aplicados à classificação da informação arquivística. Procuramos responder a uma questão atual que afeta à gestão e organização do conhecimento em sistemas de informação arquivísticos, face à ausência de outros modelos disponíveis: de que modo podemos aplicar modelos de classificação científica, de base evolucionista, em sistemas de classificação arquivísticos? Propusemos uma análise em torno da “metáfora biológica” como traço distintivo dos arquivos como sistemas de informação orgânicos e adotamos uma abordagem empírica baseada em métodos filomeméticos. Recorremos, assim, a uma amostra de documentos de arquivo a partir da análise das tipologias documentais que, com base numa matriz binária assente em propriedades do projeto de norma *RiC*, permitiu obter várias hipóteses de vínculos de (dis)similaridade entre as unidades informacionais de nível de documento (*taxa*). As potencialidades deste modelo de prospeção de informação, independentemente da sua materialização,

permitirão analisar conjuntos informacionais arquivísticos sob uma perspectiva evolucionista em torno de ecossistemas informacionais distintos. Várias técnicas de classificação continuam a ser exploradas *ad haustum* no âmbito da aglomeração de dados por inferência computacional (Hirsch, 2006; Huang, 2008; Janssens, Zhang, Moor, & Glänzel, 2009; Jung, Bae, & Liu, 2008; Steinbach, Karypis, & Kumar, 2000), mas os modelos baseados em algoritmos evolucionistas aproximam-se mais aos princípios arquivísticos, como proveniência, organicidade e ordem original.

Em última análise, o conjunto destas assunções permitir-nos-á explorar várias questões no quadro da teoria evolucionista aplicada à informação arquivística. A título de exemplo, os processos de replicação de dados entre unidades informacionais arquivísticas até que ponto poderá suportar, por exemplo, a avaliação de informação arquivística, a análise forense de informação, a preservação ou curadoria digital?

Para concluir, apesar da natureza preliminar deste estudo, encontramos-nos perante um contexto em que o tratamento de grandes volumes de informação arquivística (*big e dark data*) constitui um dos grandes desafios no âmbito da organização do conhecimento. Os modelos vigentes promovidos por órgãos públicos responsáveis por políticas arquivísticas não conseguem responder aos problemas de acumulação indiscriminada de documentos e de dados, persistindo múltiplas interpretações do princípio da organicidade na arquivística.

Neste estudo, explorámos uma forma distinta das abordagens interpretivistas, de base funcional, e encetámos uma metodologia filomemética sustentada em dados. Revela-se cada vez mais necessário explorar no âmbito da organização do conhecimento na arquivística um discurso mais computacional, dado que nos permite dispor de ambientes controlados para o processamento e interpretação da informação.

## REFERÊNCIAS

- Adell, J. I. (2010). Clasificación de documentos y clasificación en biología. *Tábula*, 13, 105–124.
- AlGeddawy, T., & ElMaraghy, H. (2011). A model for co-evolution in manufacturing based on biological analogy. *International Journal of Production Research*, 49(15), 4415–4435. <https://doi.org/10.1080/00207543.2010.497780>
- Andrews, T. L., & Macé, C. (2012). Trees of Texts – Models and methods for an updated theory of medieval text stemmatology | Digital Humanities 2012. *Digital Humanities*.
- Atkinson, Q. D. (2006). *From species to languages : a phylogenetic approach to human prehistory*. ResearchSpace@ Auckland.
- Bailey, J. (2013). Disrespect des fonds: Rethinking arrangement and description in born-digital archives. *Archive Journal*, 3.
- Bak, G. (2012). Continuous classification: Capturing dynamic relationships among information resources. *Archival Science*. <https://doi.org/10.1007/s10502-012-9171-8>
- Barros, T. H. B. (2012). A classificação funcional em Arquivística: uma análise da colaboração científica nos periódicos “Archivaria” e “American Archivist.” In *20 Años del Capítulo Español de ISKO. Actas del X Congreso ISKO Capítulo Español (Ferrol, 2011)* (pp. 157–169). Ferrol.
- Bates, M. J. (2005). Information and knowledge: an evolutionary framework for information science: PART 1: Development of Basic Concepts and Framework. *Information Research*, 10(4).
- Bates, M. J. (2008). Hjørland’s critique of bates’ work on defining information. *Journal of the American Society for Information Science and Technology*, 59(5), 842–844. <https://doi.org/10.1002/asi.20796>
- Bearman, D. (1989). *Archival Methods. Archives & Museum Informatics*.
- Bentley, R. A., & O’Brien, M. J. (2012). Cultural evolutionary tipping points in the storage and transmission of information. *Frontiers in Psychology*, 3(DEC), 569. <https://doi.org/10.3389/fpsyg.2012.00569>
- Biblioteca Nacional de Portugal. (2010). *Normas portuguesas de documentação e informação CT 7*. Lisboa: BNP : IPQ.
- Bose, R. P. J. C., & Van Der Aalst, W. M. P. (2011). When process mining meets bioinformatics. In *CEUR Workshop Proceedings*. [https://doi.org/10.1007/978-3-642-29749-6\\_14](https://doi.org/10.1007/978-3-642-29749-6_14)
- Bountouri, L., & Gergatsoulis, M. (2011). The Semantic Mapping of Archival Metadata to the CIDOC CRM Ontology. *Journal of Archival Organization*, 9(3–4), 174–207. <https://doi.org/10.1080/15332748.2011.650124>
- Buckland, M. K. (1991). Information as thing. *Journal of the American Society for Information Science (1986-1998)*, 42(5), 351–360.
- Cardona, G., Rosselló, F., & Valiente, G. (2008). Extended Newick: it is time for a standard representation of phylogenetic networks. *BMC Bioinformatics*, 9(532). <https://doi.org/doi.org/10.1186/1471-2105-9-532>
- Casanova, E. (1928). *Archivistica*. Siena: Stab. arti grafiche Lazzeri.
- Cook, T. (2011). We Are What We Keep; We Keep What We Are’: Archival Appraisal Past, Present and Future. *Journal of the Society of Archivists*, 32(2), 173–189. <https://doi.org/10.1080/00379816.2011.619688>

- Costa, F. de O., Lameri, S., Bestagini, P., Dias, Z., Rocha, A., Tagliasacchi, M., & Tubaro, S. (2015). Phylogeny reconstruction for misaligned and compressed video sequences. In *Image Processing (ICIP), 2015 IEEE International Conference on* (pp. 301–305).
- Currie, T. E., & Mace, R. (2011). Mode and tempo in the evolution of socio-political organization: reconciling “Darwinian” and “Spencerian” evolutionary approaches in anthropology. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 366(1567), 1108–1117. <https://doi.org/10.1098/rstb.2010.0318>
- Darwin, C. R. (1859). *On the origin of species by means of natural selection, or the preservation of favoured races in the struggle for life*. London: John Murray.
- Dawkins, R. (1976). *The Selfish Gene*. Oxford: Oxford University Press.
- DGLAB. (2016). Projeto ASIA – documento em consulta pública [dataset]. Lisboa: DGLAB.
- Duff, W. M., & Haskell, J. (2015). New Uses for Old Records: A Rhizomatic Approach to Archival Access. *The American Archivist*, 78(1), 38–58. <https://doi.org/10.17723/0360-9081.78.1.38>
- Duranti, L. (2015). Archival bond. In L. Duranti & P. Franks (Eds.), *Encyclopedia of Archival Science* (Luciana Du, pp. 28–29). Rowman & Littlefield.
- Eastwood, T. (1995). From Practice to Theory: Fundamentals US Style. *Archivaria*, 39, 137–150.
- Eiben, Á. E., & Smith, J. E. (2012). Evolutionary Algorithms. In F. Neri, C. Cotta, & P. Moscato (Eds.), *Handbook of Memetic Algorithms* (pp. 9–27). Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg. [https://doi.org/10.1007/978-3-642-23247-3\\_2](https://doi.org/10.1007/978-3-642-23247-3_2)
- Ereshefsky, M. (2001a). Names, numbers and indentations: A guide to post-Linnaean taxonomy. *Studies in History and Philosophy of Science Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*. [https://doi.org/10.1016/S1369-8486\(01\)00004-8](https://doi.org/10.1016/S1369-8486(01)00004-8)
- Ereshefsky, M. (2001b). *The poverty of the Linnaean hierarchy: a philosophical study of biological taxonomy*. Cambridge ; New York, NY : Cambridge University Press.
- Esteva, M., Tang, J. F., Xu, W., & Padmanabhan, K. A. (2013). Data mining for “big archives” analysis: A case study. *Proceedings of the American Society for Information Science and Technology*, 50(1), 1–10. <https://doi.org/10.1002/meet.14505001076>
- Evangelidou, C. (1996). *Aristotle’s Categories and Porphyry*. Leide: E. J. Brill.
- Fangerau, H., Geisler, H., Halling, T., & Martin, W. (Eds.). (2013). *Classification and Evolution in Biology, Linguistics and the History of Science Concepts – Methods – Visualization*. Stuttgart: Franz Steiner Verlag.
- Faniel, I. M., & Yakel, E. (2011). Significant properties as contextual metadata. *Journal of Library Metadata*, 11(3–4), 155–165.
- Floridi, L. (2016). Semantic Conceptions of Information. In *The Stanford Encyclopedia of Philosophy* (Edward N.). Metaphysics Research Lab, Stanford University.
- Foscarini, F. (2009). *Function-based records classification systems: an exploratory study of records management practices in central banks*. University of British Columbia.
- García-Vallve, S., Palau, J., & Romeu, A. (1999). Horizontal gene transfer in glycosyl hydrolases inferred from codon usage in *Escherichia coli* and *Bacillus subtilis*. *Molecular Biology and Evolution*, 16(9), 1125–1134.
- García Rivero, D. (2010). Introducción a la teoría de la clasificación ya las escuelas taxonómicas (Fenética, Cladística y Taxonomía evolutiva). In et al. Escacena (Ed.), *Clasificación y Arqueología: Enfoques y métodos taxonómicos a la luz de la evolución darwiniana* (pp. 61–94). Sevilla: Universidad de Sevilla.
- García Rivero, D. (2013). *Arqueología y Evolución: a la búsqueda de filogenias culturales*. Sevilla: Universidad de Sevilla.
- García Rivero, D. (2016). Darwinian Archaeology and Cultural Phylogenetics (pp. 43–72). [https://doi.org/10.1007/978-3-319-25928-4\\_3](https://doi.org/10.1007/978-3-319-25928-4_3)
- Gartner, R. (2016). *Metadata Shaping Knowledge from Antiquity to the Semantic Web*. Heidelberg: Springer. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-40893-4>
- Gnoli, C. (2006). Phylogenetic classification. *Knowledge Organization*, 33(3), 138–152.
- Gontier, N. (2012). Applied Evolutionary Epistemology: a new methodology to enhance interdisciplinary research between the life and human sciences”. *Kairos: Revista de Filosofia & Ciência*, 4, 7–49. Retrieved from [http://www.academia.edu/download/30865351/Applied\\_Evolutionary\\_Epistemology.pdf](http://www.academia.edu/download/30865351/Applied_Evolutionary_Epistemology.pdf)
- Greetham, D. (1995). Phylum-Tree-Rhizome. *Huntington Library Quarterly*, 58(1), 99–126. <https://doi.org/10.2307/3817899>
- Gross, J. (2013). *Metadata Survey: EAD Schema Usage Review*.
- Gueguen, G., Fonseca, V. M. M. da, Pitti, D. V., Grimouard, C. S., Marques, M., Fonseca, D., ... Sibille-De Grimouard, C. (2013). Toward an International Conceptual Model for Archival Description: A Preliminary Report from the International Council on Archives’ Experts Group on Archival Description. *The American Archivist*, 76(2), 566–583.
- Ham, F. G. (1993). *Selecting and appraising archives and manuscripts*. Chicago, IL: Society of American Archivists.
- Heikkilä, T. (2007). The Evolution of Texts: Confronting Stemmatological and Genetical Methods - Research database Tuhat - University of Helsinki. *Variants - Journal of the European Society for Textual Scholarship*.
- Hirsch, L. B. (2006). *An evolutionary approach to text classification*. Royal Holloway, University of London.
- Hjørland, B. (2007). Information: Objective or subjective/situational? *Journal of the American Society for Information Science and Technology*, 58(10), 1448–1456. <https://doi.org/10.1002/asi.20620>
- Hjørland, B. (2008). The controversy over the concept of “information”: A rejoinder to Professor Bates: Letter to the Editor. *Journal of the Association for Information Science and Technology*, 60(3), 643. <https://doi.org/10.1002/asi.20972>
- Hjørland, B. (2011). Theoretical clarity is not “Manicheanism”: A reply to Marcia Bates. *Journal of Information Science*, 37(5), 546–550. <https://doi.org/10.1177/0165551511423169>
- Howe, C. J., & Windram, H. F. (2011). Phylomemetics-evolutionary analysis beyond the gene. *PLoS Biology*, 9(5), 1–5. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001069>
- Huang, A. (2008). Similarity Measures for Text Document Clustering. In *NZCSRSC 2008, April 2008, Christchurch, New Zealand* (pp. 49–56).

- Hurley, C. (1993). What, If Anything, Is A Function? *Archives & Manuscripts*, 21(2), 208–220.
- ICA.EGAD. (2016). *RiC-CM-0.1: Records in Contexts: a conceptual model for archival description*. Paris: ICA.
- IP2. (2008). The InterPARES 2 Project Dictionary. Retrieved from [http://www.interpares.org/ip2/ip2\\_terminology\\_db.cfm](http://www.interpares.org/ip2/ip2_terminology_db.cfm)
- ISO. (2014). *ISO 21127:2014 - Information and documentation -- A reference ontology for the interchange of cultural heritage information*. Geneva: International Organization for Standardization.
- Janssens, F., Zhang, L., Moor, B. De, & Glänzel, W. (2009). Hybrid clustering for validation and improvement of subject-classification schemes. *Information Processing and Management*. <https://doi.org/10.1016/j.ipm.2009.06.003>
- Janzen, L. M. (1994). *Series: History, Theory and Practice*. University of British Columbia. <https://doi.org/10.14288/1.0087494>
- Jenkinson, H. (1922). *A manual of archive administration including the problems of war archives and archive making*. Oxford: The Clarendon Press.
- Jenkinson, H. (2003). *Selected writings of Sir Hilary Jenkinson*. Chicago, IL: Society of American Archivists.
- Jung, J. Y., Bae, J., & Liu, L. (2008). Hierarchical business process clustering. In *Proceedings - 2008 IEEE International Conference on Services Computing, SCC 2008*. <https://doi.org/10.1109/SCC.2008.69>
- Khanafiah, D., & Situngkir, H. (2006). Visualizing the Phylomemetic Tree: Innovation as Evolutionary Process. *Journal of Social Complexity*, 22(22), 20–30.
- Knappett, C. (2016). Cultural Phylogenetics, 4, 97–111. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-25928-4>
- Knight, G., Grace, S., & Montague, L. (2008). *Framework for the definition of significant properties*.
- Lecointre, G. (2015). Descent (Filiation). In T. Heams, P. Huneman, G. Lecointre, & M. Silberstein (Eds.), *Handbook of Evolutionary Thinking in the Sciences* (pp. 159–207). Dordrecht: Springer Netherlands. [https://doi.org/10.1007/978-94-017-9014-7\\_9](https://doi.org/10.1007/978-94-017-9014-7_9)
- Lee, J., Jung, E., Yoon, J., Kim, S., & Jung, H. (2013). Evolutionary Patterns of an Artifact : The Mobile Phone, 1469–1478.
- Lemieux, V. L. (2015). Visual analytics, cognition and archival arrangement and description: studying archivists cognitive tasks to leverage visual thinking for a sustainable archival future. *Archival Science*. <https://doi.org/10.1007/s10502-013-9212-y>
- Lemieux, V. L. (Ed.). (2016). *Building Trust in Information Perspectives on the Frontiers of Provenance*. Springer. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-40226-0>
- Letunic, I., & Bork, P. (2016). Interactive tree of life (iTOL) v3: an online tool for the display and annotation of phylogenetic and other trees. *Nucleic Acids Research*, 1. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw290>
- List, J.-M. (2014). *Sequence Comparison in Historical Linguistics*. Düsseldorf University Press.
- Lourenço, A., Henriques, C., & Penteadó, P. (2011). Novos modelos e instrumentos de gestão da informação arquivística na administração pública : a macroestrutura funcional (MEF). In *8º Congresso Nacional de Administração Pública – Desafios e Soluções, em Carcavelos de 21 a 22 de Novembro de 2011*.
- Lourenço, A., Ramalho, J. C., & Penteadó, P. (2015). Da gestão da informação à gestão do conhecimento: uma proposta para a e-Administração em Portugal. In *VII Encuentro Ibérico EDICIC 2015*. Asociación de Educación e Investigación en Ciencia de la Información de Iberoamérica y del Caribe (EDICIC).
- Mace, R., Holden, C. J., & Shennan, S. (2005). *The Evolution of Cultural Diversity: A Phylogenetic Approach*. Walnut Creek, CA: Left Coast Press.
- Macedo, L. S. A. de. (2017). Matriz binária RiC: classificação filogenética da informação arquivística. Harvard Dataverse. <https://doi.org/10.7910/DVN/ERE8HL>
- MacNeil, H. (2012). What finding aids do: Archival description as rhetorical genre in traditional and web-based environments. *Archival Science*, 12(4), 485–500. <https://doi.org/10.1007/s10502-012-9175-4>
- Mahner, M., & Kary, M. (1997). What Exactly Are Genomes, Genotypes and Phenotypes? And What About Phenomes? *Journal of Theoretical Biology*, 186(1), 55–63. <https://doi.org/10.1006/jtbi.1996.0335>
- Mai, J.-E. (2011). The modernity of classification. *Journal of Documentation*, 67(5), 710–730. <https://doi.org/10.1108/002204111111145061>
- Mata Caravaca, M. (2015). The concept of archival “sedimentation”: its meaning and use in the Italian context. *Archival Science*, 1–12. <https://doi.org/10.1007/s10502-015-9256-2>
- McCarthy, I. P. (2005). Toward a Phylogenetic Reconstruction of Organizational Life. *Journal of Bioeconomics*, 7(3), 271–307. <https://doi.org/10.1007/s10818-005-5245-5>
- Mendoza Straffon, L. (Ed.). (2016). *Cultural Phylogenetics* (Vol. 4). Cham: Springer International Publishing. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-25928-4>
- Mesoudi, A. (2011). *Cultural Evolution: How Darwinian Theory Can Explain Human Culture and Synthesize the Social Sciences*. Chicago and London: University of Chicago Press.
- Mesoudi, A. (2016). Cultural Evolution: A Review of Theory, Findings and Controversies. *Evolutionary Biology*, 43, 481–497. <https://doi.org/10.1007/s11692-015-9320-0>
- Mokhtar, U. A., & Yusof, Z. M. (2015). Classification: The understudied concept. *International Journal of Information Management*. <https://doi.org/10.1016/j.ijinfomgt.2014.12.002>
- Morrison, D. A. (2014). Is the tree of life the best metaphor, model, or heuristic for phylogenetics? *Systematic Biology*, 63(4), 628–38. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syu026>
- Muller, S., Feith, J. A., & Fruin, R. (1898). *Handleiding voor het ordenen en beschrijven van archieven: ontworpen in opdracht van de Vereeniging van Archivarissen in Nederland*. Groningen: Erven B. van der Kamp.
- Niu, J. (2013). Recordkeeping metadata and archival description: a revisit. *Archives and Manuscripts*, 41(3), 203–215. <https://doi.org/10.1080/01576895.2013.829751>
- Niu, J. (2015). Event-based archival information organization. *Archival Science*, 15(3), 315–328. <https://doi.org/10.1007/s10502-014-9222-4>
- O’Brien, M., & Lyman, R. (2003). *Cladistics and archaeology*. Salt Lake City: University of Utah Press.

- O'Brien, M., Lyman, R., Mesoudi, A., & VanPool, T. (2010). Cultural traits as units of analysis. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 365, 3797–3806. <https://doi.org/10.1098/rstb.2010.0012>
- O'Malley, M. A., Martin, W., & Dupré, J. (2010). The tree of life: introduction to an evolutionary debate. *Biology & Philosophy*, 25(4), 441–453. <https://doi.org/10.1007/s10539-010-9208-4>
- Oliveira, A. A. de, Ferrara, P., De Rosa, A., Piva, A., Barni, M., Goldenstein, S., ... Rocha, A. (2016). Multiple parenting phylogeny relationships in digital images. *IEEE Transactions on Information Forensics and Security*, 11(2), 328–343.
- Panebianco, F., & Serrelli, E. (2016). Cultural Traits and Multidisciplinary Dialogue. In F. Panebianco & E. Serrelli (Eds.), *Understanding Cultural Traits* (pp. 1–20). Heidelberg: Springer. [https://doi.org/10.1007/978-3-319-24349-8\\_1](https://doi.org/10.1007/978-3-319-24349-8_1)
- Pavlopoulos, G. A., Soldatos, T. G., Barbosa-Silva, A., & Schneider, R. (2010). A reference guide for tree analysis and visualization. *BioData Mining*, 3(1), 1. <https://doi.org/10.1186/1756-0381-3-1>
- Pearce-Moses, R. (2005). *A glossary of archival and records terminology*. Chicago, IL: Society of American Archivists.
- Pérez Aguilar, L. G. (2011). Evolucionismos y Ciencias Históricas: darwinismo vs.lamarckismo en Arqueología. *SPAL Revista de Prehistoria Y Arqueología de La Universidad de Sevilla*, 20, 23–41. <https://doi.org/10.12795/spal.2011.i20.02>
- Portugal.DGARQ. (2011). *Orientações para a Descrição Arquivística 3.ª Versão*. Lisboa: DGARQ.
- Portugal.RAM. (1999). Portaria n.º 182/99, de 26 de outubro. *Jornal Oficial Da Região Autónoma Da Madeira, II Série*.
- Queiroz, K. de. (1997). The Linnaean Hierarchy and the Evolutionization of Taxonomy, with Emphasis on the Problem of Nomenclature. *Aliso*, 15(2), 125–144.
- Queiroz, K. de. (2007). Species concepts and species delimitation. *Syst Biol*, 56(6), 879–886. <https://doi.org/10.1080/10635150701701083>
- Queiroz, K. de, & Gauthier, J. (1992). Phylogenetic Taxonomy\*. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 23(1), 449–480. <https://doi.org/10.1146/annurev.es.23.110192.002313>
- Reenen, P. van, Hollander, A. den, & Mulken, M. van. (2004). *Studies in Stemmatology II*. <https://doi.org/10.1075/btl.59>
- Renzi, B. G., & Napolitano, G. (2011). *Evolutionary Analogies: Is the Process of Scientific Change Analogous to the Organic Change?* Newcastle: Cambridge Scholars Publishing.
- Ribeiro, F. (2011). A arquivística como disciplina aplicada no campo da ciência da informação. *Perspectivas Em Gestão & Conhecimento*, 1(1), 59–73.
- Ribeiro, F. (2013). O uso da classificação nos arquivos como instrumento de organização, representação e recuperação da informação. In Faculdade de Letras da Universidade do Porto - CETAC.MEDIA (Ed.), *I Congresso ISKO Espanha e Portugal / XI Congreso ISKO España* (pp. 528–539). Porto.
- Rieppel, O. (2010). The series, the network, and the tree: changing metaphors of order in nature. *Biology & Philosophy*, 25(4), 475–496. <https://doi.org/10.1007/s10539-010-9216-4>
- Riley, J. (2010). *Glossary of Metadata Standards*. Indiana University Libraries White Professional Development Award.
- Rogers, C. (2015). Diplomats of born digital documents – considering documentary form in a digital environment. *Records Management Journal*, 25(1), 6–20. <https://doi.org/http://dx.doi.org/10.1108/RMJ-03-2014-0021>
- Rogers, C. (2016). A Literature Review of Authenticity of Records in Digital Systems: From “Machine-Readable” to Records in the Cloud. *Acervo*, 29(2), 16–44.
- Rose-Anderssen, C. (2014). *Methodologies for Practical Applications of Linnaean and Cladistic Classification of Production Systems*. University of Sheffield.
- Sales, R. de. (2016). Classificações bibliográficas e classificações arquivísticas : diferenças e semelhanças na organização do conhecimento. *Scire*, 22(1), 65–77.
- Samadi, S., & Barberousse, A. (2015). Species. In *Handbook of Evolutionary Thinking in the Sciences* (pp. 141–157). Dordrecht: Springer Netherlands. [https://doi.org/10.1007/978-94-017-9014-7\\_8](https://doi.org/10.1007/978-94-017-9014-7_8)
- Schillinger, K., Mesoudi, A., & Lycett, S. J. (2016). Copying error, evolution, and phylogenetic signal in artifactual traditions: An experimental approach using “model artifacts.” *Journal of Archaeological Science*. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2016.04.013>
- Simões, M. da G., & Freitas, M. C. V. de. (2013). A Classificação em Arquivos e em Bibliotecas à Luz da Teoria da Classificação: pontos de convergência e de divergência. *Ponto de Acesso*, 7(1), 81–115.
- Simões, M. da G., Freitas, M. C. V. de, & Rodríguez-Bravo, B. (2016). Theory of Classification and Classification in Libraries and Archives: Convergences and Divergences. *Knowl. Org.*, 43(7), 530–539.
- Spencer, M., Davidson, E. A., Barbrook, A. C., & Howe, C. J. (2004). Phylogenetics of artificial manuscripts. *Journal of Theoretical Biology*, 227(4), 503–511. <https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2003.11.022>
- Spiess, P. E. (1777). *Von Archiven*. Hulle: bey Johann Jacob Gebauer.
- Steinbach, M., Karypis, G., & Kumar, V. (2000). A Comparison of Document Clustering Techniques | Karypis Lab. In *KDD Workshop on Text Mining*.
- Sweeney, S. (2008). The ambiguous origins of the archival principle of provenance. *Libraries & the Cultural Record*, 43(2), 193–213.
- Thomer, A. K., & Weber, N. M. (2014). The phylogeny of a dataset. In *Proceedings of the ASIST Annual Meeting*. <https://doi.org/10.1002/meet.2014.14505101064>
- Tognoli, N. B. (2012). Desafios da representação na arquivística contemporânea. In *XIII Encontro Nacional de Pesquisa em Ciência da Informação. GT 2: Organização e Representação do Conhecimento*.
- Tognoli, N. B., & Guimarães, J. A. C. (2011). A organização do conhecimento arquivístico: perspectivas de renovação a partir das abordagens científicas canadenses. *Perspectivas Em Ciência Da Informação*, 16(1), 21–44.
- Universidade do Porto, P. (2007). DeltCI: Dicionário Eletrónico de Terminologia em Ciência da Informação.
- Ventura, S., & Luna, J. M. (2016). *Pattern Mining with Evolutionary Algorithms*. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-33858-3>
- Weber, N. M., & Thomer, A. K. (2016). Modeling Cultural Evolution with Metadata Collections: A Phylomemetic Approach. In *International Conference on Dublin Core and Metadata Applications DC-2016, Copenhagen, Denmark*. Copenhagen.
- Wilkins, J. S. (2009). *Species: A History of the Idea (Species and Systematics)*. Berkeley and Los Angeles, CA: University of



California Press.

Woodward, I. (2007). *Understanding Material Culture. Understanding Material Culture*. London: SAGE. <https://doi.org/10.4135/9781446278987>

Yu, X., & Gen, M. (2010). *Introduction to evolutionary algorithms*. London: Springer. <https://doi.org/10.1007/978-1-84996-129-5>

Zander, R. H. (2013). *A Framework for Post-Phylogenetic Systematics*. St. Louis: Zetetic Publications.