

---

# Especificação de um Algoritmo Genético para Auxiliar na Avaliação da Aprendizagem Significativa com Mapas Conceituais

Francisco Edson Lopes da Rocha<sup>1</sup>, Roberta Vilhena Vieira<sup>2</sup>, Júlio Valente da Costa Jr<sup>1</sup>, Eloi Luiz Favero<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica (PPGEE) - Universidade Federal do Pará (UFPA)  
Caixa Postal 479 - 66075-110 - Belém - PA - Brasil

<sup>2</sup>Departamento de Informática - Universidade Federal do Pará (UFPA)  
Caixa Postal 479 - 66075-110 - Belém - PA - Brasil

{felr,rvv,favero}@ufpa.br, jcosta@tre-pa.gov.br

**Resumo.** *Aprendizagem Significativa mediada por Mapas Conceituais (MCs) é um tipo de construtivismo viável para ser usado em sala de aula. Uma dificuldade ainda não resolvida satisfatoriamente é a questão da avaliação da aprendizagem por meio de MCs. Pesquisas nesta área investem na idéia de comparar o MC do estudante com um MC de referência, o que acaba reproduzindo a lógica positivista do behaviorismo. Neste artigo mostramos como usar aprendizagem de máquina via Algoritmo Genético para implementar uma idéia diferente: gerar coleções de MCs para enriquecer o processo de avaliação. Como consequência, avaliar a aprendizagem se transforma num problema de busca, abrindo espaço para considerar os modos individuais de aprender.*

**Palavras-chave:** aprendizagem significativa, aprendizagem de máquina, algoritmos genéticos, avaliação da aprendizagem, mapas conceituais

**Abstract.** *Meaningful Learning mediated by Concept Maps (CMs) is a type of constructivism viable to be applied in the classroom. A difficulty not yet satisfactorily solved is learning assessment based on CMs. Many research projects in this area invest in the idea of comparing the student's CM to a reference CM, an approach that reproduces the positivistic logic of behaviorism. In this paper we show how to use machine learning, via genetic algorithms, to implement a different idea: generate collections of CMs to enrich the assessment process. As a result, learning assessment becomes a search problem, making it possible to consider individual ways of learning.*

**Keywords:** meaningful learning, machine learning, genetic algorithms, learning assessment, concept maps

# 1 Introdução

A exatidão do modelo de ensino baseado na crença behaviorista abriu o caminho para diversos experimentos construtivistas em sala de aula. O construtivismo, em oposição ao behaviorismo, entende a aprendizagem (e o ensino) como um processo epistemológico, ou seja, o aprendizado construtivista depende de alguma formalização do que é conhecimento e das formas usadas para construí-lo.

A Teoria da Aprendizagem Significativa (Ausubel, 2000) é uma teoria de aprendizagem cognitivista que oferece os elementos para a prática construtivista viável, se mediada por uma ferramenta pedagógica como os mapas conceituais (MCs).

Mapeamento conceitual é um processo de construção de conhecimento. Os mapas conceituais que resultam deste processo representam combinações significativas entre conceitos na forma de proposições. Um conceito é uma regularidade percebida em objetos, eventos, situações ou propriedades (Novak, 1998, p.22). Uma proposição é uma combinação entre dois conceitos mediada por uma frase (ou palavras) de enlace (Novak, 1998, p.32). Uma frase de enlace denota um valor atribuído à uma relação binária que existe entre os conceitos de uma proposição. Frases de enlace podem ser organizadas em hierarquias de tipos (supertipos) considerados como metadados (Fischer, 2001). Por exemplo, em <ÁRVORE tem RAIZ> e <ÁRVORE se alimenta pela RAIZ> as palavras de enlace <tem> e <se alimenta pela> podem ser vistas como valores dos supertipos **partição** e **processo**.

Os MCs se assentam em três princípios teóricos fundamentais: *estrutura hierárquica*, *diferenciação progressiva* e *reconciliação integrativa* (Novak & Gowin, 1999). A estrutura hierárquica de um MC é baseada no conceito de *inclusão*, ou seja cada conceito colocado no MC tem um nível de inclusão relativo aos outros conceitos já presentes. Na Figura 1 <APRENDIZAGEM HUMANA> é o conceito de maior grau de inclusão. **Diferenciação progressiva** é o processo de aprendizagem no qual o estudante aumenta o grau de elaboração de um conceito na medida em que aumenta seu aprendizado sobre ele (Ausubel, 2000). Na Figura 1 o conceito <APRENDIZAGEM COGNITIVA> está diferenciado progressivamente. **Reconciliação integrativa** é a aprendizagem na qual o estudante vê relações entre conceitos não inicialmente categorizados. Na Figura 1 há duas situações de reconciliação integrativa: <APRENDIZAGEM COGNITIVA, é influenciada por, APRENDIZAGEM AFETIVA> e <CONCEITOS, formam, PROPOSIÇÕES>.

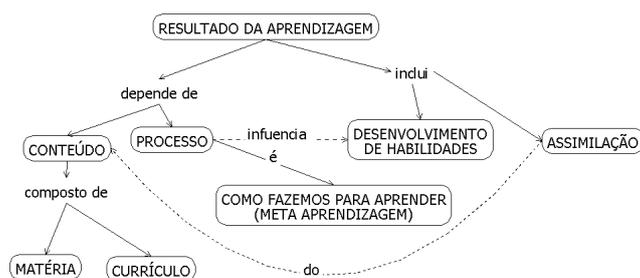


Figura 1: MC sobre Aprendizagem Humana

Avaliar a aprendizagem no contexto da educação se refere ao processo de caracterizar o que um estudante sabe (Turns et. al., 2000). Usar MC para avaliar a aprendizagem é importante porque sua estrutura contém os elementos cognitivos considerados como evidência de aprendizagem: conceitos, hierarquia de conceitos, proposições, diferenciação progressiva, reconciliação integrativa superordenada e combinatória (Novak, 1999). Entretanto, o aprendizado construtivista pode conduzir a formas diferentes de construção do mesmo conhecimento. Por exemplo, são incontáveis os tipos de relações que podem existir entre <PLANTA>, <RAIZ>, <TALO>, <FOLHAS>, <FRUTOS>, <SEMENTES>, <FLORES>. A avaliação da aprendizagem destes conceitos usando um único MC de referência seria bastante imprecisa, porque um MC sozinho não é capaz de capturar todas as potenciais situações de aprendizagem envolvidas. Por outro lado, seria bastante trabalhosa a tarefa de construir coleções de MCs de referência para poder levar a cabo este processo de avaliação individual. Uma forma simples

---

de fazer face a esta situação é oferecer ao professor a possibilidade de criar ricas ontologias de domínio para armazenar os conceitos e suas relações no contexto de uma determinada tarefa de aprendizagem e deixar que um mecanismo complementar simule todas as possibilidades de aprendizagens envolvidas e as represente como coleções de MCs. Esta é a idéia fundamental que nos levou a usar Algoritmo Genético (AG) como mecanismo de produção destas coleções.

Neste artigo apresentamos a especificação do AG que está sendo implementado no ambiente CMTool (Rocha & Favero, 2004) para auxiliar na avaliação da aprendizagem. O processo de avaliação é baseado em: (i) uma ontologia de domínio para armazenar conceitos, relações binárias, palavras de enlace e uma função para medir distâncias semânticas entre conceitos, proposições e MCs; (ii) um algoritmo genético (AG) que gera o espaço de busca a partir dos dados da ontologia; (iii) um avaliador que usa o espaço de busca gerado pelo AG e a ontologia para detectar evidências de aprendizagem no MC do estudante.

O artigo contém 5 seções, incluindo esta introdução. Na seção 2 é apresentada uma descrição simplificada da arquitetura do CMTool. Na seção 3 apresentamos a especificação do AG. A seção 4 apresenta os trabalhos relacionados à nossa pesquisa. As conclusões do artigo estão na seção 5.

## 2 O Ambiente CMTool

A Figura 2 apresenta a arquitetura do ambiente CMTool, que comporta 5 módulos: administrador; editor de mapas conceituais; editor de ontologias; avaliador da aprendizagem; algoritmo genético (AG); e um repositório que armazena dados cadastrais de usuários, instâncias dos espaços de busca gerados pelo AG, ontologias e MCs de usuários cadastrados no ambiente.

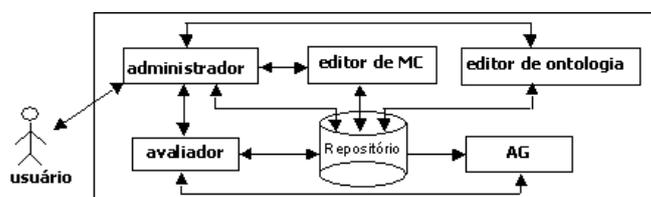


Figura 2: Arquitetura do ambiente CMTool

O administrador realiza funções controle de acesso ao ambiente (cadastro e identificação de usuários, por exemplo), e permite o acesso qualificado aos editores do sistema e ao avaliador. O editor de MCs implementa uma linguagem visual para a construção de mapas conceituais de acordo com os pressupostos da teoria da aprendizagem significativa de Ausubel e Novak. O editor de ontologias é usado para construir e armazenar no repositório instâncias de ontologias de domínio correspondentes às tarefas de aprendizagem, as quais podem ser usadas para seqüenciar o ensino de tópicos de uma disciplina. O funcionamento do AG é centrado na ontologia e sua especificação está na seção que segue. O avaliador usa os resultados produzidos pelo AG e a ontologia para produzir uma completa avaliação da aprendizagem de um estudante ou de um grupos de estudantes. Os detalhes da linguagem visual do CMTool, um resumo do processo de avaliação da aprendizagem e um exemplo de avaliação levada a cabo pelo componente avaliador pode ser encontrado em Rocha et al. (2004).

## 3 Especificação do Algoritmo Genético

CMTool implementa um AG baseado em tipos abstratos de dados (GAADT) (Vieira, 2003). Os cromossomos que compõem uma população do GAADT têm sua representação estratificada em três níveis de percepção: base, gene e cromossomo. A base é o nível elementar desta representação. Base, gene e cromossomos são descritos por axiomas que são aplicados aos dados contidos numa ontologia, como será visto a seguir. A Tabela 1 contém uma ontologia que será usada para auxiliar na apresentação da especificação do AG. A Figura 3 mostra um MC construído a partir dos dados da ontologia.

<p><b>1. Conceitos:</b> {CICLO DA AGUA, CONDENSAÇÃO, EVAPORAÇÃO, PRECIPITAÇÃO, VAPOR D'AGUA, NEBLINA, GEADA, ORVALHO, NÚVEM, CHUVA, NEVE, GRANIZO}</p> <p><b>2. Relações binárias:</b> { &lt;CICLO DA AGUA, r<sub>1</sub>, CONDENSAÇÃO&gt;, &lt;CICLO DA AGUA, r<sub>2</sub>, EVAPORAÇÃO&gt;, &lt;CICLO DA AGUA, r<sub>3</sub>, PRECIPITAÇÃO&gt;, &lt;CONDENSAÇÃO, r<sub>4</sub>, NEBLINA&gt;, &lt;CONDENSAÇÃO, r<sub>5</sub>, GEADA&gt;, &lt;CONDENSAÇÃO, r<sub>6</sub>, ORVALHO&gt;, &lt;CONDENSAÇÃO, r<sub>7</sub>, NÚVEM&gt;, &lt;EVAPORAÇÃO, r<sub>8</sub>, VAPOR D'AGUA&gt;, &lt;VAPOR D'AGUA, r<sub>9</sub>, NEBLINA&gt;, &lt;VAPOR D'AGUA, r<sub>10</sub>, GEADA&gt;, &lt;VAPOR D'AGUA, r<sub>11</sub>, ORVALHO&gt;, &lt;VAPOR D'AGUA, r<sub>12</sub>, NÚVEM&gt;, &lt;PRECIPITAÇÃO, r<sub>13</sub>, CHUVA&gt;, &lt;PRECIPITAÇÃO, r<sub>14</sub>, NEVE&gt;, &lt;PRECIPITAÇÃO, r<sub>15</sub>, GRANIZO&gt;, &lt;NÚVEM, r<sub>16</sub>, CHUVA&gt;, &lt;NÚVEM, r<sub>17</sub>, NEVE&gt;, &lt;NÚVEM, r<sub>18</sub>, GRANIZO&gt;, &lt;CONDENSAÇÃO, r<sub>19</sub>, PRECIPITAÇÃO&gt;, &lt;EVAPORAÇÃO, r<sub>20</sub>, CONDENSAÇÃO&gt;, &lt;CONDENSAÇÃO, r<sub>21</sub>, CICLO DA AGUA&gt;, &lt;EVAPORAÇÃO, r<sub>22</sub>, CICLO DA AGUA&gt;, &lt;PRECIPITAÇÃO, r<sub>23</sub>, CICLO DA AGUA&gt;, &lt;NEBLINA, r<sub>24</sub>, CONDENSAÇÃO&gt;, &lt;GEADA, r<sub>25</sub>, CONDENSAÇÃO&gt;, &lt;ORVALHO, r<sub>26</sub>, CONDENSAÇÃO&gt;, &lt;NÚVEM, r<sub>27</sub>, CONDENSAÇÃO&gt;, &lt;VAPOR D'AGUA, r<sub>28</sub>, EVAPORAÇÃO&gt;, &lt;NEBLINA, r<sub>29</sub>, VAPOR D'AGUA&gt;, &lt;GEADA, r<sub>30</sub>, VAPOR D'AGUA&gt;, &lt;ORVALHO, r<sub>31</sub>, VAPOR D'AGUA&gt;, &lt;NÚVEM, r<sub>32</sub>, VAPOR D'AGUA&gt;, &lt;CHUVA, r<sub>33</sub>, PRECIPITAÇÃO&gt;, &lt;NEVE, r<sub>34</sub>, PRECIPITAÇÃO&gt;, &lt;GRANIZO, r<sub>35</sub>, PRECIPITAÇÃO&gt;, &lt;CHUVA, r<sub>36</sub>, NÚVEM&gt;, &lt;NEVE, r<sub>37</sub>, NÚVEM&gt;, &lt;GRANIZO, r<sub>38</sub>, NÚVEM&gt;, &lt;PRECIPITAÇÃO, r<sub>39</sub>, CONDENSAÇÃO&gt;, &lt;CONDENSAÇÃO, r<sub>40</sub>, EVAPORAÇÃO&gt; }</p> <p><b>3. Valores das relações:</b></p> <p>a) Tipo Temporal (assimétrico) r<sub>1</sub>, r<sub>2</sub>, r<sub>3</sub>: { tem como fase, tem como estágio}, r<sub>19</sub>, r<sub>20</sub>: {precede, ocorre antes de} r<sub>21</sub>, r<sub>22</sub>, r<sub>23</sub>: { é fase de, é estágio de}, r<sub>39</sub>, r<sub>40</sub>: {sucede, ocorre depois de};</p> <p>b) Tipo Ação (assimétrico) r<sub>4</sub>, r<sub>5</sub>, r<sub>6</sub>, r<sub>7</sub>: {forma, produz}, r<sub>8</sub>: {produz, gera}, r<sub>9</sub>, r<sub>10</sub>, r<sub>11</sub>, r<sub>12</sub>: {é convertido em, transforma-se em}, r<sub>16</sub>, r<sub>17</sub>, r<sub>18</sub>: {provoca, causa} r<sub>24</sub>, r<sub>25</sub>, r<sub>26</sub>, r<sub>27</sub>: {resulta de, é produzido por}, r<sub>28</sub>: {é produzido por, é resultado de}, r<sub>29</sub>, r<sub>30</sub>, r<sub>31</sub>, r<sub>32</sub>: {é transformação de, é modificação de}, r<sub>36</sub>, r<sub>37</sub>, r<sub>38</sub>: {é provocada por, é causada por};</p> <p>c) Tipo Característica (assimétrico) r<sub>13</sub>, r<sub>14</sub>, r<sub>15</sub>: {pode ser, pode aparecer como} r<sub>33</sub>, r<sub>34</sub>, r<sub>35</sub>: {é um tipo de, é uma forma de}.</p>
---

Tabela 1: Elementos de uma Ontologia



Figura 3: Mapa Conceitual sobre O CICLO DA ÁGUA

### 3.1 O Material Genético Básico

**Def. 3.1.1** O conjunto base **B** é o conjunto de todas as unidades elementares que podem ser usadas na formação do material genético dos cromossomos de uma população

No caso de um AG para a construção de MCs,  $B = CONCEITO \cup RELAÇÃO \cup b_{\lambda}$ , onde  $b_{\lambda}$  é denominado de base-inócua, CONCEITO é o conjunto dos conceitos existentes na ontologia do domínio a ser aprendida e RELAÇÃO é o conjunto de todas as 3-upla TIPO-RELAÇÃO  $\times$  VALOR-RELAÇÃO  $\times$  APRENDIZAGEM-RELAÇÃO. Em relação aos dados da ontologia da Tabela 1, TIPO-RELAÇÃO = {temporal, ação, característica}; VALOR-RELAÇÃO = {tem como fase, tem como estágio, precede, ocorre antes de, é fase de, é estágio de, sucede, ocorre depois de, forma, produz, gera, é convertido em, transforma-se em, provoca, causa, resulta de, é produzido por, é resultado de, é transformação de, é modificação de, é provocada por, é causada por, pode ser, pode aparecer como, é um tipo de, é uma forma de}; e APRENDIZAGEM-RELAÇÃO = {d,r} sendo d para diferenciação progressiva e r para reconciliação integrativa.

AFG é o axiomas de formação de genes. AFG diz como as bases devem ser combinadas para formar os genes que vão determinar a característica dos cromossomos.

**Def. 3.1.2** O conjunto gene G é o conjunto de todas as seqüência formadas pelos elementos da base que satisfazem o conjunto AFG

O conjunto gene para o problema de construção de mapas conceituais é o conjunto formado por todas as relações binárias que satisfazem *AFG*, as quais serão aqui representadas por uma seqüência  $g_k = \langle c_{k,i}, e_k, c_{k,j} \rangle$ , que indica que o conceito  $c_{k,i}$  forma uma preposição com o conceito  $c_{k,j}$  através da relação  $e_k = (e_{k,1}, e_{k,2}, e_{k,3})$ . *AFG* garante que as relações expressas pelos elementos de *G* pertencem a ontologia considerada. Para tanto ele é composto de um conjunto de axiomas que determinam as formas válidas para os genes. No caso específico da ontologia descrita na Tabela 1 tem-se os seguintes axiomas:

- ▷  $afg_1 \equiv (\forall g_k \in G \ c_{k,i} = \text{CICLO DA AGUA} \wedge c_{k,j} \in \{\text{CONDENSAÇÃO, EVAPORAÇÃO, PRECIPITAÇÃO}\} \rightarrow e_{k,1} = \text{TEMPORAL} \wedge e_{k,2} \in r_1 \wedge e_{k,3} \in \{d, r\})$ , lê-se para todo gene  $g_k$  com o componente  $c_{k,i}$  igual ao conceito CICLO DA AGUA e o componente  $c_{k,j}$  pertencente ao conjunto de conceitos  $\{\text{CONDENSAÇÃO, EVAPORAÇÃO, PRECIPITAÇÃO}\}$ , então a relação só poderá ser do tipo temporal com os valores pertencentes ao subconjunto  $r_1$  do conjunto de relação temporal definido na ontologia. A relação pode ser apreendida por diferenciação progressiva ou reconciliação integrativa;
- ▷  $afg_2 \equiv (\forall g_k \in G \ (c_{k,i} = \text{CONDENSAÇÃO} \wedge c_{k,j} = \text{PRECIPITAÇÃO}) \vee (c_{k,i} = \text{EVAPORAÇÃO} \wedge c_{k,j} = \text{CONDENSAÇÃO}) \rightarrow e_{k,1} = \text{TEMPORAL} \wedge e_{k,2} \in r_2 \wedge e_{k,3} \in \{d, r\})$ , lê-se para todo gene  $g_k$  com o componente  $c_{k,i}$  igual ao conceito CONDENSAÇÃO e o componente  $c_{k,j}$  igual ao conceito PRECIPITAÇÃO, ou o componente  $c_{k,i}$  igual ao conceito EVAPORAÇÃO e o componente  $c_{k,j}$  igual ao conceito CONDENSAÇÃO, então a relação só poderá ser do tipo temporal com os valores pertencentes ao subconjunto  $r_1$  do conjunto de relação temporal definido na ontologia. A relação pode ser apreendida por diferenciação progressiva ou reconciliação integrativa.

Para cada conceito da ontologia que inicia uma relação binária haverá um axioma semelhante a  $afg_1$  e  $afg_2$ . A Figura 4 mostra os genes formados pela aplicação destes axiomas aos dados da ontologia.



Figura 4: Genes gerados pelo AFG

Genes são agrupados em seqüências para formar os cromossomos da população. O conjunto de genes  $g_1, g_2, \dots, g_n$  que compõe um dado cromossomo  $c$ , serve para indicar as características de  $c$ . A ordem em que os genes encontram-se dispostos no cromossomo não altera as suas características, a não ser quando o conjunto de axiomas de formação de cromossomos (*AFC*) estabelecer o contrário.

**Def. 3.1.3** O conjunto cromossomo  $C$  é o conjunto de todos os conjuntos de genes que obedece às condições estabelecidas pelo *AFC*

O *AFC*, especificado para construir mapas conceituais corretos de acordo com os princípios teóricos de estrutura hierárquica, diferenciação progressiva e reconciliação integrativa, faz as seguintes exigências:

- ▷  $afc_1 \equiv (\forall c \in C \ \forall g_1, g_k \in c \ (\exists g_2, \dots, g_{k-1} \in c \ \exists i \in \{1, 2, \dots, k-1\} \ c_{i,1} = c_{i+1,1} \vee c_{i,1} = c_{i+1,2} \vee c_{i,2} = c_{i+1,1} \vee c_{i,2} = c_{i+1,2}))$ , lê-se para todo cromossomo  $c$  cujo conjunto de genes tem cardinalidade maior ou igual a  $k$ , existe pelo menos um caminho entre todos os seus pares de genes  $g_i, g_k$  percorrendo os genes de  $c$  no sentido  $g_i$  para  $g_{i+1}$  ou  $g_{i+1}$  para  $g_i$ , que começa no conceito  $c_{i,1}$  e termina no conceito  $c_{k,2}$ , em outras palavras o mapa conceitual representado por  $c$  é conexo;
- ▷  $afc_2 \equiv (\forall c \in C \ \exists x \in C \ (x = \{g_i \mid \forall g_i \in c \ e_{i,3} = d\}) \wedge (\forall g_1, g_k \in x \ \exists g_2, \dots, g_{k-1} \in c \ \exists i \in \{1, 2, \dots, k-1\} \ (c_{i,1} = c_{i+1,1} \vee c_{i,1} = c_{i+1,2} \vee c_{i,2} = c_{i+1,1} \vee c_{i,2} = c_{i+1,2})))$ , lê-se para todo cromossomo  $c$  existe um cromossomo  $x$ , cujo conjunto de genes é um subconjunto próprio do conjunto de genes de  $c$ ,

---

composto somente por proposições apreendidas por diferenciação progressiva, que forma uma árvore, ou seja, a aprendizagem por diferenciação progressiva de um mapa conceitual é um grafo conexo acíclico.

A correspondência entre o mapa conceitual e o cromossomo que o representa pode ser observada com a ajuda da Figura 3. Este MC elementar {<CICLO DA AGUA, (TEMPORAL, tem como fase, d), CONDENSAÇÃO>, <CICLO DA AGUA, (TEMPORAL, tem como fase, d), EVAPORAÇÃO>} é composto por dois genes.

Os cromossomos, agrupados em conjuntos, formam uma população, conforme a definição a seguir:

**Def. 3.1.4** O conjunto população  $P$  é o conjunto de todos os cromossomos construídos conforme descrito na **Def. 3.1.3**

## 3.2 Operadores Genéticos

Os operadores genéticos são aplicados aos cromossomos da população  $P$ , para alterar o material genético desses cromossomos em busca de novos cromossomos que atendam melhor aos requisitos  $R_q$  de um ambiente  $A$ .

### 3.2.1 Operador de Cruzamento

O operador de cruzamento combina os genes dos cromossomos (cromossomos-pai) para formar outros cromossomos (cromossomos-filho). Os genes dos cromossomos-pai herdados pelos cromossomos-filho são aqueles que melhor satisfazem aos requisitos  $R_q$  de um ambiente  $A$ . Estes são denominados de *genes-dominantes*.

Diz-se que um gene  $g$  satisfaz melhor um requisito  $r_q$  do conjunto de requisitos  $R_q$  de um ambiente  $A$  do que o gene  $g'$ , com  $g \neq g'$ , se o grau de adaptação do gene  $g$  for superior ao grau de adaptação do gene  $g'$ , tanto o gene  $g$  quanto o gene  $g'$  satisfazendo o mesmo requisito  $r_q$  do conjunto  $R_q$  de  $A$ .

O grau de adaptação de um gene indica quão relevante é a característica expressa por ele para preservar os cromossomos que a contém. O grau de adaptação de  $g_\lambda$  é o menor grau de adaptação atribuído a um gene.

**Def. 3.2.1.1** O grau de adaptação de um gene é uma função **grau:  $G \rightarrow \mathbf{R}$** , tal que:

$$\text{grau}(g_k) = \begin{cases} 2, & \text{se } g_k \in \text{exatamente à ontologia;} \\ 1, & \text{se } g_k \in \text{aproximadamente à ontologia;} \\ 0, & \text{caso contrário.} \end{cases}$$

Um gene pertence exatamente à ontologia se: (i) ele expressa uma relação binária que existe; (ii) se o supertipo e valor da frase de enlace coincide exatamente com uma das instâncias da taxonomia que une supertipos e frases de enlace (a taxonomia usada por CMTool está descrita em Costa Jr et al. (2004)). Se um gene pertence aproximadamente à ontologia apenas o seu supertipo é descrito na taxonomia. Por exemplo, dados os genes  $g_1 = \langle \text{CICLO DA AGUA, (TEMPORAL, tem como fases, d), CONDENSAÇÃO} \rangle$ ,  $g_2 = \langle \text{CICLO DA AGUA, (TEMPORAL, tem fase, r), CONDENSAÇÃO} \rangle$ , e  $g_3 = \langle \text{CONDENSAÇÃO, (AÇÃO, forma, d), ORVALHO} \rangle$ , então  $\text{grau}(g_1) = 2$ ,  $\text{grau}(g_2) = 1$ ,  $\text{grau}(g_3) = 2$ .

O gene dominante é identificado pela função **domi** que recebe dois genes, um de cada um dos cromossomos-pai, e retorna o gene de maior grau de adaptação se os genes fornecidos expressarem uma mesma característica, ou seja, se existe pelo menos um conceito comum entre as proposições codificadas nos genes fornecidos. Caso as proposições fornecidas não compartilhem de nenhum conceito em comum, então a função **domi** retornará o gene-inócuo.

**Def. 3.2.1.2** O gene dominante é uma função  $\text{domi}: \mathbf{G} \times \mathbf{G} \rightarrow \mathbf{R}$ , tal que:

$$\text{domi}(g_1, g_2) = \begin{cases} g_1, & \text{se } ((c_{1,1}=c_{2,1}) \vee (c_{1,1}=c_{2,2}) \vee (c_{1,2}=c_{2,1}) \vee (c_{1,2}=c_{2,2})) \wedge (\text{grau}(g_1) > \text{grau}(g_2)); \\ g_2, & \text{se } ((c_{1,1}=c_{2,1}) \vee (c_{1,1}=c_{2,2}) \vee (c_{1,2}=c_{2,1}) \vee (c_{1,2}=c_{2,2})) \wedge (\text{grau}(g_1) \leq \text{grau}(g_2)); \\ g_\lambda, & \text{se } ((c_{1,1} \neq c_{2,1}) \wedge (c_{1,1} \neq c_{2,2}) \wedge (c_{1,2} \neq c_{2,1}) \wedge (c_{1,2} \neq c_{2,2})). \end{cases}$$

Na definição 3.2.1.2,  $c_{i,j}$  representa o conceito  $i$  do gene  $g_j$ .

A adaptação de um cromossomo é dada pela função  $\text{adapt}$  que recebe um cromossomo e calcula a soma ponderada do grau de adaptação de cada um dos seus genes vezes um peso que representa o quanto um dado gene é importante para a construção de um mapa conceitual semanticamente próximo do mapa construído pelo estudante.

**Def. 3.2.1.3** O grau de adaptação de um cromossomo é uma função  $\text{adapt}: \mathbf{C} \rightarrow \mathbf{R}$ , tal que:

$$\text{adapt}(c) = \sum_{g \in c} \theta \times \text{grau}(g)$$

O objetivo da construção de uma população de MCs é poder contrastar/comparar o MC do estudante com todas as formas alternativas de construção de conhecimento permitidas pela ontologia. Um requisito básico para isto é que os MCs gerados pelo AG sejam comparáveis ao MC do estudante. Por esta razão, o peso de cada gene  $g$  de  $c$  será 1 se  $g$  contiver pelo menos um dos conceitos do mapa do estudante, 2 se  $g$  contiver os dois conceitos, e zero, caso contrário. Com esta política, os conceitos aprendidos pelo estudante terão sempre prioridade sobre os outros conceitos, resultando no fato de que aos cromossomos que apresentarem todos estes conceitos serão atribuído os maiores valores de adaptação.

Por exemplo, considerando que o estudante forneceu o mapa da Figura 3, então o valor da adaptação do cromossomo  $c_1 = \{g_1 = \langle \text{EVAPORAÇÃO}, (\text{TEMPORAL}, \text{precede}, d), \text{CONDENSAÇÃO} \rangle, g_2 = \langle \text{CONDENSAÇÃO}, (\text{AÇÃO}, \text{resulta em}, d), \text{ORVALHO} \rangle\}$ , é:  $\text{adapt}(c_1) = \theta_1 \times \text{grau}(g_1) + \theta_2 \times \text{grau}(g_2) = 2 \times 1 + 1 \times 1 = 3$ ; e  $c_2 = \{g_3 = \langle \text{CICLO DA AGUA}, (\text{TEMPORAL}, \text{tem fases}, d), \text{CONDENSAÇÃO} \rangle, g_4 = \langle \text{CICLO DA AGUA}, (\text{TEMPORAL}, \text{tem fases}, d), \text{EVAPORAÇÃO} \rangle\}$ , é:  $\text{adapt}(c_2) = \theta_3 \times \text{grau}(g_3) + \theta_4 \times \text{grau}(g_4) = 1 \times 2 + 1 \times 2 = 4$ . Estes valores de adaptação indicam que o cromossomo  $c_2$  é mais próximo semanticamente do cromossomo do estudante do que o cromossomo  $c_1$ .

A operação de cruzamento recebe dois cromossomos-pai, aptos a cruzarem, e retorna uma população formada por todos os cromossomos formados a partir dos genes dominantes dos cromossomos fornecidos. Na seqüência definem-se a função para selecionar os cromossomos aptos a cruzar (seleção) e a função para retornar o conjunto de genes dominantes para todas as características existentes nos cromossomos-pai (fecundação).

**Def. 3.2.1.4** A seleção é uma função  $\text{sel}: \mathbf{P} \rightarrow \mathbf{P}$ , tal que:  $\text{sel}_x(\{c_1, c_2, \dots, c_n\}) = \{c_i \mid \text{adapt}(c_i) \geq \text{média}(\mathbf{P})\}$ , onde  $\text{média}(\mathbf{P})$  é a soma da adaptação de todos os cromossomos de  $\mathbf{P}$  dividida pelo número de cromossomos de  $\mathbf{P}$

Por exemplo, considerando uma população  $p_1 = \{c_1 = \{\langle \text{EVAPORAÇÃO}, (\text{TEMPORAL}, \text{precede}, d), \text{CONDENSAÇÃO} \rangle, \langle \text{CONDENSAÇÃO}, (\text{AÇÃO}, \text{resulta em}, d), \text{ORVALHO} \rangle\}, c_2 = \{\langle \text{CICLO DA AGUA}, (\text{TEMPORAL}, \text{tem fase}, d), \text{CONDENSAÇÃO} \rangle, \langle \text{CICLO DA AGUA}, (\text{TEMPORAL}, \text{tem fase}, d), \text{EVAPORAÇÃO} \rangle\}\}$ , então  $\text{sel}(p_1) = \{c_2\}$ , porque a média da adaptação dos cromossomos da população é  $(\text{adapt}(c_1) + \text{adapt}(c_2)) / 2 = (3 + 4) / 2 = 3,5$ .

A função fecundação recebe dois cromossomos e retorna o conjunto de genes dominantes entre todos os genes dos cromossomos fornecidos.

**Def. 3.2.1.5** A fecundação é uma função  $\text{fec}: \mathbf{C} \times \mathbf{C} \rightarrow \mathcal{P}(\mathbf{G})$ , tal que:

$$\text{fec}(c_1, c_2) = \{g \mid \forall g_1 \in c_1 \forall g_2 \in c_2 \ g = \text{domi}(g_1, g_2)\}$$

Por exemplo, se o mapa do estudante é o da Figura 3 e os cromossomos  $c_1 = \{g_1 = \langle \text{EVAPORAÇÃO}, (\text{TEMPORAL}, \text{precede}, d), \text{CONDENSAÇÃO} \rangle, g_2 = \langle \text{CONDENSAÇÃO}, (\text{AÇÃO}, \text{resulta em}, d), \text{ORVALHO} \rangle\}$  e  $c_2 = \{g_3 = \langle \text{CICLO DA AGUA}, (\text{TEMPORAL}, \text{tem fase}, d), \text{CONDENSAÇÃO} \rangle, g_4 = \langle \text{CICLO DA AGUA}, (\text{TEMPORAL}, \text{tem fase}, d), \text{EVAPORAÇÃO} \rangle\}$ , então  $\text{fec}(c_1, c_2) = \{\text{domi}(g_1, g_3), \text{domi}(g_2, g_3), \text{domi}(g_1, g_4), \text{domi}(g_2, g_4)\} = \{g_3, g_4\}$ .

**Def. 3.2.1.6** O cruzamento é uma função **cruz**:  $\text{sel}(\mathbf{P}) \times \text{sel}(\mathbf{P}) \rightarrow \wp(\mathbf{P})$ , tal que:

$$\text{cruz}(a, b) = \{c \mid \forall c \in C \wedge c \subseteq (\text{fec}(a, b))\}$$

Dada a população  $p_1 = \{c_1 = \{g_1 = \langle \text{EVAPORAÇÃO}, (\text{TEMPORAL}, \text{precede}, d), \text{CONDENSAÇÃO} \rangle, g_2 = \langle \text{CONDENSAÇÃO}, (\text{AÇÃO}, \text{resulta em}, d), \text{ORVALHO} \rangle\}, c_2 = \{g_3 = \langle \text{CICLO DA AGUA}, (\text{TEMPORAL}, \text{tem fase}, d), \text{CONDENSAÇÃO} \rangle, g_4 = \langle \text{CICLO DA AGUA}, (\text{TEMPORAL}, \text{tem fase}, d), \text{EVAPORAÇÃO} \rangle\}, c_3 = \{g_5 = \langle \text{CICLO DA AGUA}, (\text{TEMPORAL}, \text{tem fase}, d), \text{CONDENSAÇÃO} \rangle, g_6 = \langle \text{CICLO DA AGUA}, (\text{TEMPORAL}, \text{tem como fase}, d), \text{EVAPORAÇÃO} \rangle\}$ , então  $\text{cruz}(c_2, c_3) = \{\{g_5\}, \{g_6\}, \{g_5, g_6\}\}$  já que  $\text{fec}(c_2, c_3) = \{g_5, g_6\}$ .

### 3.2.2 Operador de Mutação

O operador genético de mutação, definido para o GAADT, faz uso da função troca, tal que os cromossomos resultantes da ação deste operador apresentam cinquenta por cento dos genes contidos no cromossomo que lhe deu origem. A função de troca **troc** remove um conjunto de genes do cromossomo de origem e lhe adiciona outro conjunto de genes de modo que o cromossomo resultante ainda atenda AFC.

**Def. 3.2.2.1** A troca é uma função **troc**:  $C \times \wp(G) \times \wp(G) \rightarrow C$ , tal que:

$$\text{troc}(c, G_1, G_2) = (c - G_1) \cup G_2$$

**Def. 3.2.2.2** A mutação é uma função **mut**:  $C \rightarrow \mathbf{P}$ , tal que:

$$\text{mut}(a) = \{c \mid \forall G_1, G_2 \in \wp(G) (G_1 \subseteq a \wedge \#G_1 \leq (\#a)/2) c = \text{troc}(a, G_1, G_2)\}$$

A Figura 5 apresenta um cromossomo **c** e algumas de suas mutações.



Figura 5: Mutações de um Cromossomo

### 3.3 Ambiente

Um algoritmo genético opera sobre populações de indivíduos que evoluem de acordo com as características de um ambiente A. Um ambiente A é uma 8-upla  $\langle \mathbf{P}, \wp(\mathbf{P}), \mathbf{T}_x(\mathbf{P}), \Sigma, \mathbf{R}_q, \mathbf{AFG}, \mathbf{AFC}, \mathbf{P}_o \rangle$ , onde  $\mathbf{P}$  é uma população com no mínimo dois indivíduos,  $\wp(\mathbf{P})$  é o conjunto potência de  $\mathbf{P}$ ,  $\mathbf{T}_x$  é a classificação taxonômica (espécie e família) dos indivíduos da população  $\mathbf{P}$ ,  $\Sigma$  é um conjunto de operadores genealógicos que atuam sobre a população  $\mathbf{P}$  (por exemplo: cruzamento, mutação),  $\mathbf{R}_q$  é um

conjunto dos requisitos do ambiente  $A$  que influenciam a genealogia da população  $P$ ,  $AFG$  é um conjunto de axiomas de formação dos genes dos indivíduos da população  $P$ ,  $AFC$  é um conjunto de axiomas de formação dos cromossomos da população  $P$  e  $P_o$  é uma sub-população de  $P$ , distinguida em  $\wp(P)$ , chamada de inicial, também com no mínimo dois indivíduos.

### 3.4 Algoritmo

Um algoritmo genético é um processo que recebe uma população  $P$  e depois de submetê-la a uma simulação de um processo evolutivo devolve uma população  $P'$ . Os indivíduos da população  $P'$  são: indivíduos da população  $P$  que ainda satisfazem os requisitos  $R_q$  do ambiente  $A$  e novos indivíduos resultantes das operação de cruzamento e mutação, sobre os indivíduos da população  $P$  e que satisfazem os requisitos  $R_q$  do ambiente  $A$ . Diz-se então que a população  $P'$  evoluiu da população  $P$ .

**Def. 3.4.1** Um algoritmo genético  $AG$  é uma função  $AG: A \rightarrow A$ , tal que:

$$AG(P_n) = \begin{cases} P_{otm}, & \text{se } P_{otm} = \{c \mid c \in P_{n+1} \wedge \text{adapt}(c) \leq t\} \neq \emptyset; \\ P_{n+1}, & \text{se } n+1 = k; \\ AG(P_{n+1}), & \text{caso contrário.} \end{cases}$$

onde  $P_{n+1} = \text{cruz}(a,b) \cup \text{mut}(c) \cup R_q(P_n)$ ,  $P_o$  é a população inicial considerada,  $t$  é o valor imposto pelo ambiente  $A$  como um critério de aceitação do indivíduos em  $P_{n+1}$ ,  $k \in K$  é um número dado como um critério de satisfação do número de iterações e  $a,b,c \in P_n$ .

## 4 Trabalhos Relacionados

O tratamento computadorizado de MCs como suporte para aprendizagem significativa tem sido o tema de vários trabalhos de pesquisa. No lado dos editores, encontramos excelentes ferramentas como Cmap-Tools (Cañas et al., 1999) e LifeMap (<http://www.robertabrams.net/conceptmap/lifemaphome.html>). Em termos de avaliação da aprendizagem, encontramos também algumas pesquisas recentes: Araujo et al. (2003) analisam a sobrecarga de trabalho do professor decorrente do uso de MCs no processo de aprendizagem e propõem uma forma automatizada para mitigar este problema. Sua proposta de avaliação é baseada na comparação do MC do aprendiz com o MC do professor; Cunha & Fernandes (2002) propõem um ambiente cooperativo para intermediar a interação síncrona entre aprendizes e o facilitador da aprendizagem. Neste ambiente, a avaliação também é baseada na comparação entre um MC de referência e o MC do estudante; McGriff (2001) descreve como usar MCs para medir a estrutura cognitiva de um aprendiz com ajuda de procedimentos computacionais; Turns et al. (2000) propõem o uso de MCs para avaliação da aprendizagem baseado na pontuação de diferentes características do mapa, tais como largura, profundidade e conectividade.

Nosso trabalho é inovador porque introduz a idéia de usar AG e ontologias no processo de avaliação da aprendizagem. Com a ajuda destes mecanismos é possível identificar, de forma individual, os processos cognitivos desenvolvidos pelos estudantes na sua aprendizagem.

## 5 Conclusão

Neste artigo descrevemos a especificação de um AG projetado para gerar coleções de MCs a partir dos dados armazenados numa ontologia de domínio. Este algoritmo está sendo implementado no ambiente CMTTool. Como mostramos na seção sobre trabalhos relacionados, grande parte das pesquisas sobre avaliação da aprendizagem usando MCs compara o MC do aprendiz com um MC de referência, o que nos parece insatisfatório para o aprendizado construtivista.

A partir de vários experimentos realizados em nossa instituição de ensino compreendemos que era necessário avançar um pouco mais para atingir o objetivo de avaliar de forma precisa as aprendizagens e os estilos cognitivos usados para aprender. Esta é uma tarefa difícil na medida em que o processo de aprendizagem é pessoal (idiossincrático) e a avaliação baseada na comparação entre um MC desenhado

---

por um aprendiz e um MC desenhado pelo professor ou por especialistas acaba reproduzindo a lógica positivista do behaviorismo (Novak, 1998, p.49).

Ao invés desta abordagem, preferimos considerar a aprendizagem e sua avaliação como um problema adaptativo e evolutivo, considerando que o conhecimento construído por humanos tem muitas variedades (Novak, op. cit., p. 83) e que todo conhecimento novo se ancora em conhecimento prévio (Ausubel, 2000, p.1).

Nossa proposta para fazer a avaliação de um MC envolve o uso de ontologias e aprendizagem de máquina. Como mostramos neste artigo, os operadores genéticos implementados num AG são capazes de simular as situações de aprendizagem reconhecidas como diferenciação progressiva e reconciliação integrativa. CMTool, usando uma função da ontologia, pode medir a distância semântica entre MCs, o que serve para apresentar alternativas ao aprendiz e enfatizar suas aprendizagens incorretas, se elas existirem. Como trabalho futuro, estamos estudando a possibilidade de minerar situações de aprendizagem em coleções de MCs, buscando identificar estilos dominantes de aprendizagem (diferenciação progressiva ou reconciliação integrativa). Esta é uma função importante, pois permite classificar estudantes por suas habilidades cognitivas e oferecer ajuda personalizada na aprendizagem.

## Referências

- Araujo, A. M. T., Menezes, C. S. & Cury, D. Apoio Automatizado à Avaliação da Aprendizagem Utilizando Mapas Conceituais. In *Anais do XIV SBIE*, pages 100–110, NCE-IM/UFRJ, Rio de Janeiro, 2003. SBC.
- Ausubel, D. P. *The Acquisition and Retention of Knowledge*. Kluwer Academic Pub., New York, 2000.
- Cañas, A. J., Leake, D. B. & Wilson, D. C. *Exploring the Synergies of Knowledge Management & Case-Based Reasoning*, chapter Managing, Mapping and Manipulating Conceptual Knowledge, AAAI Workshop Technical Report WS-99-10. AAAI Press, Menlo Calif, 1999.
- Costa Jr, J. V., Rocha, F. E. L. & Favero, E. L. Linking Phrases in Concept Maps: A Study on the Nature of Inclusivity. In *Proceedings of First International Conference on Concept Mapping*, volume Vol.1, pages 167–174, Pamplona, Spain, September, 14-17 2004. Dirección de Publicaciones de la Universidad Publica de Navarra.
- Cunha, M. J. S. & Fernandes, C. T. AC3As-Web: Ambiente Cooperativo de Apoio à Avaliação de Aprendizagem Significativa na Web. In *Anais do XIII SBIE*, pages 20–30, UNISINOS, São Leopoldo, 2002. SBC.
- Fischer, S. Course and Exercise Sequencing Using Metadata in Adaptive Hypermedia Learning Systems. *ACM Journal of Educational Resources in Computing*, 1(1), 2001.
- McGriff, S. J. Measuring Cognitive Structure: An Overview of Pathfinder Networks and Semantic Networks. Pennsylvania State University, 2001.
- Novak, J. D. *Learning, Creating and Using Knowledge: Conceptual Maps as Facilitative Tools in Schools and Corporations*. Lawrence Erlbaum Associates, Inc., New Jersey, 1998.
- Novak, J. D. & Gowin, D. B. *Aprender a Aprender*. Plátano, Edições Técnicas, Lisboa, 2a. edition, 1999.
- Rocha, F. E. L., Costa Jr, J. V. & Favero, E. L. A New Approach to Meaningful Learning Assessment Using Concept Maps: Ontologies and Genetic Algorithms. In *Proceedings of First International Conference on Concept Mapping*, volume Vol.1, pages 175–182, Pamplona, Spain, September, 14-17 2004. Dirección de Publicaciones de la Universidad Publica de Navarra.
- Rocha, F. E. L. & Favero, E. L. CMTool: A Supporting Tool for Conceptual Map Analysis. In *Proceedings of World Congress on Engineering and Technology Education, WCETE 2004*, pages 507–511, Guarujá/Santos, SP, Brazil, March 2004. Council of Researches in Education and Sciences, COPEC.
- Turns, J., Atman, C. J. & Adams, R. Concept Maps for Engineering Education: A Cognitively Motivated Tool Supporting Varied Assessment Functions. *IEEE Transactions on Education*, 43(2), May 2000.
- Vieira, R. V. *Um Algoritmo Genético Baseado em Tipos Abstratos de Dados e sua Especificação em Z*. PhD thesis, Universidade Federal de Pernambuco, 2003.