

POSICIONAMIENTO DE VOLÚMENES ARQUITECTÓNICOS MEDIANTE ALGORITMOS EVOLUCIONISTAS

Luis F. Barrionuevo

Laboratorio de Sistemas de Diseño
Facultad de Arquitectura y Urbanismo
Universidad Nacional de Tucumán
Av. Roca 1800 – San Miguel de Tucumán – CP 4000
Tucumán – Argentina
Tel (0054) 0381-4364093 int. 146
Email ->labsist@herrera.unt.edu.ar

Resumen

En el Diseño Arquitectónico los estudios configuracionales involucran conjuntos de elementos que cumplen con restricciones establecidas por el diseñador. De acuerdo a sus necesidades e intenciones, el proyectista distribuye espacialmente los componentes del conjunto de un modo determinado, estableciendo así una composición. Esta modalidad operativa implica un sistema de clasificación según tipologías que responden a un sistema mayor, y este a su vez a otro, hasta obtener el todo buscado.

Desde el principio el modelo debe satisfacer las restricciones de forma, dimensión y posición para cada una de las partes que conforman el todo, debiendo cumplir con los requerimientos funcionales para cada objeto con relación a conectividad y adyacencia entre ellos.

En el presente trabajo las partes están restringidas por su posicionamiento con relación a un elemento central. Para resolver este tipo de problema se utilizan Algoritmos Evolucionistas (AE). Los AE hacen uso de la metáfora evolucionista dando origen a conceptos tales como “genes”, “cromosomas”, “mutación”, “cruza” y “población” (entre otros), los que bajo métodos combinatorios estocásticos se “acercan” a una de las soluciones buscadas por el diseñador. El uso más apropiado de los AE corresponde a los llamados problemas de complejidad NP completo (por ejemplo, problemas de generación de casos de composición), permitiendo un análisis eficiente aunque no exhaustivo.

Se ejemplifican algunos resultados obtenidos mediante esta técnica, aplicada a la generación de volúmenes arquitectónicos.

Abstract

In Architectural Design, configurational studies involve the groups of elements that fulfill restrictions defined by the designer. According to necessities and intentions the planner distributes the components of the group in a certain tridimensional way, establishing a composition. This operative procedure implies a classification system according to typologies that respond to a bigger system, and this in turn to another, until the whole is obtained.

From the beginning the pattern should satisfy form restrictions, as well as dimensional and positional restrictions for each part that conforms the whole. Functional requirements are attended for each object satisfying relationships of connectivity and adjacency among them.

In this work the parts are restricted by their relative position to a central element. Evolutionary Algorithms (EA) are used to solved this type of problem. Using evolutionary metaphors they originate concepts such as “genes”, “chromosomes”, “mutation”, “crosses” and “population” (among other), which come closer to one of the solutions looked for by the designer, under combinatory stochastic methods.- The most appropriate use of EA corresponds to problems of complexity NP-completeness (for example, problems of generation of cases of composition), allowing an efficient although not exhaustive analysis.

Applying this technique to the generation of architectural volumes, some obtained results are exemplified.

1).- Definición del Problema

El siguiente trabajo trata sobre el problema de posicionamiento de volúmenes adyacentes a uno central.

El objetivo es realizar una evaluación de distintas configuraciones posibles sobre la base de un criterio preestablecido de selección de alternativa.

Para ello se hace uso de la capacidad de generación y evaluación que permite la computadora y a la vez del uso de métodos de resolución de problemas que emulan a los procesos evolutivos naturales.

El objetivo planteado es alcanzado mediante el diseño e implantación de un programa de computadora que está enmarcado en la llamada "Computación Evolutiva", y dentro de ella, en los "Algoritmos Evolucionistas".

El programa ha sido desarrollado usando procesamiento de listas con "Visual Lisp", lenguaje implantado en el sistema AutoCAD 14.

2).- Motivación

En el Diseño Arquitectónico el estudio configuracional involucra a un conjunto de elementos que se encuentran distribuidos en un espacio determinado, cumpliendo con reglas específicas establecidas por el diseñador, según sus necesidades e intenciones.

Los elementos a manipular tienen características distintas según pertenezcan a espacios de 2 (dos) o 3 (tres) dimensiones. En cada espacio se consideran parámetros de tamaño, posición en relación a otro, y funciones que cada uno deberá cumplir dentro del sistema a conformar.

Este sistema o agrupamiento puede ser clasificado según "tipologías" que respondan a un sistema mayor, y así sucesivamente, hasta conformar el todo buscado por el diseñador.

Una de las tareas principales en el diseño arquitectónico es la composición volumétrica de objetos en 3D que, de un modo abstracto inicial, se irán definiendo cada vez con mayor precisión hasta obtener el modelo que mejor represente la intención buscada por el arquitecto.

3).- Metodología adoptada para su implantación

Se adoptó la "Programación Evolucionista" por la posibilidad de un análisis no exhaustivo pero sí eficaz.

El dominio de búsqueda de la solución queda definido del siguiente modo:

- No se pretende recorrer el amplio dominio de configuraciones posibles para el problema de posicionamiento de volúmenes. Ello significaría, en la mayoría de los casos, la necesidad de disponer de un tiempo también amplio, no siempre disponible.
- No se pretende obtener todas las posibles soluciones que respondan a los requisitos planteados. Ello generaría un gran número de casos lo que podría tornar inmanejable su administración y evaluación.

Se busca:

- Que el programa implantado brinde una solución (pueden existir varias) que responda a las restricciones de diseño impuestas al programa por el Diseñador.
- Inducir las pautas de diseño en una función de evaluación implementada "ad hoc".
- Establecer las pautas fundamentales para futuros desarrollos de problemas con mayor complejidad de diseño usando criterios "evolucionistas".

4).- Herramientas usadas en el análisis

Para encarar el problema gráfico, por un lado, y el de programación, por el otro, se adoptó el sistema AutoCAD 14 y el lenguaje "Visual Lisp", por cuanto ambos se complementan en un mismo sistema.

La elección también radicó en un aspecto práctico: el conocimiento del sistema.

Al ser un sistema abierto, AutoCAD permite la manipulación y administración de las entidades gráficas implantadas en él haciendo uso de distintos lenguajes de programación: C, Visual C++, Visual Basic, AutoLisp y Visual Lisp. Este último resultó de excelente desempeño al permitir el seguimiento y depuración del programa, manteniendo un control sobre los valores de las variables y los resultados gráficos obtenidos de un modo directo en el área gráfica de AutoCAD. Este aspecto es fundamental a la hora de manipular variables que toman valores aleatorios. El seguimiento visual, tanto en lo numérico como en lo gráfico, permite verificar el comportamiento del "programa evolucionista" actuando sobre la población y sobre cada "cromosoma" que lo conforma.

Otro motivo de peso a la hora de elección del sistema AutoCAD es su amplia difusión y su condición de estándar de hecho en el mercado de los sistemas CAD.

El programa desarrollado puede ser implantado en cualquier sistema CAD que tenga la condición de "Sistema Abierto", es decir, que permita la manipulación y administración de las entidades que soporta el sistema, tales como Microstation, MiniCad o CAD32, entre otros.

En cuanto a los inconvenientes que se presentaron a la hora de la implantación del programa estuvo el de no contar con una función de generación de números aleatorios por parte del lenguaje "Visual Lisp". Por lo tanto se programaron dos funciones que contemplaron la generación de números aleatorios entre los rangos 0 (cero) y 1 (uno) y otra entre 0 y el número de niveles de PA (NNiv): el volumen central.

5).- Implantación del Programa Evolucionista

La implantación se basó fundamentalmente en cuatro aspectos:

1).- *El diseño de la estructura del cromosoma que represente a los objetos a analizar:*

Por las características del problema y de la herramienta utilizada para la implantación se adoptó la siguiente estructura de lista:

((Peso)(NE1 NE2 NE3 NE4))

donde "Peso" es el valor de "castigo" que la función de evaluación le impone al cromosoma por cada restricción que no cumpla. Un cromosoma será solución cuando "Peso" sea igual a 0 (cero).

Por lo tanto, cuanto mayor es el valor del "Peso", mayor será el castigo y menos adecuada será la solución.

Los NE_i son los "nombres" de las entidades (en realidad direcciones de memoria en hexadecimal) que representan a los volúmenes Bi adyacentes al central PA (Figura 1).

Mediante dichos "nombres" resulta posible acceder a los valores almacenados en la base de datos de AutoCAD 14 para cada una de las entidades evaluadas mediante procesamiento de listas.

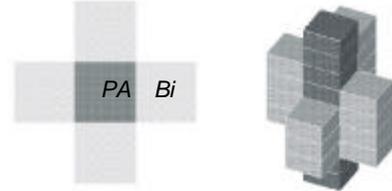


Figura1: Cromosoma (PA + Bi) y genes (Bi)

2).- *La implantación de una "Función de Evaluación" ad hoc:*

La Función de Evaluación cumple la tarea de imponer un "castigo" al cromosoma que se aleje de una posible solución (Peso).

El problema consiste en posicionar 4 (cuatro) volúmenes en torno a uno central. Para este caso se considera la posición relativa de las bases inferiores (elevaciones) de los volúmenes adyacentes al central tomados de a pares. En un principio se pensó en una Función de Evaluación correspondiendo a la forma:

"la diferencia de niveles inferiores entre un volumen Bi y $Bi+1$ debe ser igual a 1"

donde $1 \leq i \leq 3$ para este caso.

$$|(Binf2-Binf1-1)| + |(Binf3-Binf2-1)| + |(Binf4-Binf3-1)|$$

dando mayor libertad de posición a los volúmenes B4 y B1. Sin embargo, en el contexto del problema, se tenían ciertas preferencias en las posiciones relativas de los Bi tomadas de a pares, las cuales se debían tomar en cuenta. Para contemplarlas se incluyeron 3 (tres) factores: Fact1, Fact2 y Fact3 que reflejan las prioridades de cumplimiento de restricciones que el diseñador establece para cada una de las posiciones relativas entre los volúmenes adyacentes consecutivos. Cuanto mayor sea el factor tanto mas exigida estará la restricción a ser cumplida, por lo que en caso de no cumplirse, el cromosoma recibirá un mayor castigo. Los más relajados tendrán menos exigencias para su cumplimiento. La ecuación de la $f(x)$ de evaluación modificada queda por lo tanto:

$$Fact1 |(Binf2-Binf1-1)| + Fact2 |(Binf3-Binf2-1)| + Fact3 |(Binf4-Binf3-1)|$$

Para el ejemplo los valores fijados son:

$$Fact1 = 0,35 \quad Fact2 = 0,35 \quad y \quad Fact3 = 0,30$$

Donde el resultado de la suma de los factores no debe ser necesariamente igual a 1, solo sirve para dar un valor de castigo al cromosoma que no cumpla la restricción sobre la cual el factor está actuando.

Aquí se evidencia la preferencia de cumplimiento de las dos primeras restricciones al darles factores mayores que a la tercera restricción. Esto indica que las posiciones relativas entre los volúmenes B1-B2, B2-B3 tienen mayor importancia que la posición relativa entre B4-B3. Estas restricciones pueden ser modificadas de acuerdo a las necesidades y preferencias del Diseñador.

La condición de posicionamiento relativo entre cada volumen adyacente se establece esencialmente en el valor absoluto de las restas que figuran entre paréntesis:

$$|(Binf2-Binf1-1)| \quad |(Binf3-Binf2-1)| \quad |(Binf4-Binf3-1)|$$

En la sumatoria de ellas está implícito el resultado a ser obtenido, un escalonamiento entre cada volumen adyacente con un delta en el eje Z (a partir de ahora denominado δ_Z) igual a 1, ya sea en mas o en menos con respecto al volumen anterior.

Modificaciones a la f(x) de evaluación

En caso de cambiar la exigencia de posicionamiento entre los Binfi y Binfi+1, el Delta_Z deseado entre cada uno de ellos debe ser reemplazado por el valor que representa la diferencia de elevación entre cada volumen consecutivo adyacente:

$$|(Binf2-Binf1-Delta_Z)| \quad |(Binf3-Binf2-Delta_Z)| \quad |(Binf4-Binf3-Delta_Z)|$$

En caso de fijar distintos Deltas_Z entre cada par de volúmenes, este parámetro deberá representar a cada diferencia de elevación:

$$|(Binf2-Binf1-Delta_Z1)| \quad |(Binf3-Binf2-Delta_Z2)| \quad |(Binf4-Binf3-Delta_Z3)|$$

Estos parámetros permiten el "control" sobre el diseño de cada configuración a obtener.

La f(x) de evaluación del cromosoma óptimo debe cumplir con la igualdad a "cero". En la estructura del cromosoma, corresponde al factor "Peso". El resultado de aplicar la Función de Evaluación es almacenado en cada uno de los cromosomas luego de ser evaluado.

3).- La Función de Selección:

Es un mecanismo de muestreo de poblaciones. Para este caso ha sido elegido el "Muestreo Estocástico" mediante el cual se asigna a cada cromosoma un valor de "aptitud" entre 0 y 1, el que representa la probabilidad de ser seleccionado de entre todos los cromosomas que componen la población de la generación que está siendo analizada.

La Función de Selección ha sido desglosada en dos funciones: una que calcula y asigna a cada cromosoma los valores del muestreo estocástico, y otra que es estrictamente de selección.

Para la función de selección pura ha sido implantado un muestreo del tipo "Universal o por Ruleta": se genera un número aleatorio único, y mediante él se realiza la selección de un cromosoma a la vez. El cromosoma seleccionado puede surgir o por suerte o por su mayor probabilidad asignada mediante la función de muestreo estocástico. Este se implantó considerando en primer lugar el peso total de los cromosomas que conforman la población actual:

$$\text{Peso_Total} = \sum_{i=1}^n \text{Peso} \quad \text{donde } n \text{ es el número de cromosomas de la población}$$

$$F_i = NNivPA - \text{Peso}_i$$

$$\text{Peso_Total_Nuevo} = (NNivPA * NP) - \text{Peso_Total}$$

$$\text{Nuevo_Peso}_i = \frac{F_i}{\text{Peso_Total_Nuevo}}$$

$$\text{Acumulada}_1 = \text{Nuevo_Peso}_1$$

$$\text{Acumulada } 1+i = \text{Acumulada } 1+i + \text{Nuevo_Peso}_i \quad 1 \leq i \leq n-1$$

Mediante los valores de las aptitudes acumulativas de cada cromosoma (almacenados en una lista), la función de selección tiene "preferencia" por los cromosomas "más aptos" o "los mejores" de cada población actual, al existir una mayor probabilidad de ser elegidos de entre la población (aquellos que tengan las menores f(x) de evaluación: "Peso").

4).- Los operadores de Transformación:

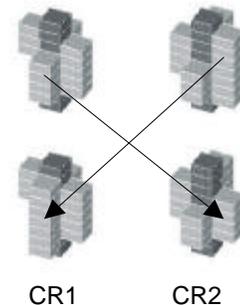
Los operadores de Transformación serán los encargados de realizar una búsqueda en el dominio del problema tanto en profundidad (el entrecruzamiento) como en amplitud (la mutación), con el objetivo de obtener la solución al problema planteado. Los operadores implantados son 2 (dos):

a) La Cruza: debido a que este problema es de diseño, no es posible realizar entrecruzamientos completamente aleatorios, pues se corre el riesgo de generar información inconsistente en el problema en cuestión. Por lo tanto, en el caso del operador de entrecruzamiento, se implantó un intercambio de valores de un objeto Bi elegido aleatoriamente de cada cromosoma. Esto es llevado a cabo mediante un simple reemplazo en la base de datos de AutoCAD 14. Se realiza accediendo a la lista extendida de datos mediante los "nombres" de cada entidad que representa a los volúmenes involucrados en el proceso (Figura 2).

La implantación del operador de Cruza se reduce a los pasos siguientes:

Función Cruzamiento(Crom1 Crom2)

1)- Obtener Nro. aleatorio para extraer gen



- 2)- Extraer Gen1 de Crom1 y Gen2 de Crom2
- 3)- Obtener Elevación de Gen1 y Gen2
- 4)- Obtener Altura de Gen1 y Gen2
- 5)- Cruzar Crom1 y Crom2
- 6)- Agregar a Población Nueva los Crom1 y Crom2 cruzados

Figura 2: Entrecruzamiento entre dos cromosomas

Los Parámetros pasados a la función son los 2 (dos) cromosomas (Crom1 y Crom2) que han sido seleccionados y que se desean cruzar, cada uno con el formato de cromosomas ya establecido con anterioridad.

En 1) son obtenidos los valores aleatorios por cada cromosoma, Crom1 y Crom2, los que definirán qué genes cruzar de cada uno.

En 2), la función “Cruzamiento” extrae las listas extendidas de cada gen Bi a cruzar, Gen1 y Gen2, de los cromosomas *Crom1* y *Crom2*.

En 3) y 4) se extraen los valores de elevación y altura de cada gen para cruzarlos en 5).

Por último la base de datos de AutoCAD 14 es actualizada en 6).

b).- La Mutación: tiene 2 (dos) elecciones a realizar:

- i) Si decide mutar un cromosoma.
- ii) En caso de mutar, se decide qué gen Bi se va a mutar del cromosoma seleccionado:
 - ii1).- Se debe elegir aleatoriamente el gen que se mutará.
 - ii2).- Se debe seleccionar un nuevo valor para ese gen.

Una vez seleccionado el cromosoma y el gen Bi dentro de él, éste es mutado tomándose la precaución de que los valores generados aleatoriamente para la elevación y la altura sean menor o igual uno con respecto al otro respectivamente, asegurando la consistencia de los datos establecidos para dichas variables¹. De este modo se debe cumplir con lo siguiente:

$$\text{Valor de Elevación} \leq \text{Valor de Altura}$$

en caso contrario, los valores aleatorios deberán ser intercambiados entre sí.

Función de Mutación(Crom)

- 1)- Crear copia del Cromosoma a mutar
- 2)- Obtener Nro. Aleatorio para extraer Gen
- 3)- Seleccionar Gen a mutar
- 4)- Obtener aleatoriamente una nueva elevación y altura
- 5)- Si el valor de Elevación es mayor que valor de altura
 - 6)- Invertir valores
- 7)- Mutar Crom
- 8)- Agregar a Población Nueva Crom mutado

La función “Mutación” recibe como único parámetro un cromosoma *Crom*, el cual será mutado. En 1) se crea una nueva entidad, copia del cromosoma a mutar, con la cual se trabajará.

En 2) se genera un número aleatorio que permitirá decidir el gen a mutar.

En 3), según varíe el valor del número aleatorio en rangos de 0.25 cada uno, la selección del gen a mutar será B1, B2, B3 o B4.

En 4) se genera aleatoriamente un nuevo valor para la Elevación y la Altura del nuevo gen, tomando la precaución de que la elevación no supere a la altura, 5) y 6).

En 7), los valores aleatorios obtenidos son reemplazados y actualizados en la base de datos, para agregar al cromosoma mutado a la población actual, 7).

6).- Cuadro de Análisis de Resultados Obtenidos (Tabla 1)

Para este análisis, uno de los parámetros que se ha mantenido fijo es el de la cantidad de niveles para PA (NNiv). Este parámetro es considerado fundamental para evaluar el tamaño de la entrada. En caso de crecer este valor, crecerá el dominio del problema. Si consideramos que cada lado tiene un volumen, la combinación entre cada uno de ellos dará una idea del crecimiento del tamaño del problema. El dominio se expandirá exponencialmente, por lo que las posibilidades de posicionamiento restringido serán más difíciles de alcanzarlas, aumentando el tiempo de evaluación del programa.

¹Debido a que se trata de un problema de Diseño, no es posible realizar una mutación completamente aleatoria, por lo tanto el operador de mutación implantado realiza una verificación de las restricciones más globales del problema, tales como posición y dimensión física, buscando una mutación “factible” con respecto a esas restricciones.

Los valores de elevación y altura para cada Bi también son generados aleatoriamente, por lo que sus volúmenes variarán también de un modo aleatorio. Esta variable de volumen puede ser controlada mediante restricciones que el diseñador puede fijar. Todo dependerá de las necesidades que imponga al problema en cuestión.

Al hacer un análisis de la tabla presentada, se podrá ver que las soluciones obtenidas varían entre sí excepto en los casos 6 - 8 y 1 - 7. Esto da un indicio sobre la independencia que tiene el sistema con respecto al valor de la Semilla-m, es decir, puede ser dada como una constante durante toda la evaluación del modelo geométrico.

Para las funciones generadoras de números aleatorios fueron implementadas las siguientes:

$$\text{NumAle1} = \frac{|\text{Mod} \{ \text{Mod} [X * (X + 1)] e^2 \} m| * 10}{5}$$

$$\text{NumAle2} = \frac{|\text{Mod} \{ \text{Mod} [X * (X + 1)] e^2 \} m|}{10}$$

La primera es usada para dar los valores a los Bi, tanto para sus elevaciones como sus alturas.

La segunda es usada en la Función de Selección para el muestreo del tipo "Universal o por Ruleta", y en los operadores de Mutación y Cruzamiento para elegir los Bi que serán transformados.

7).- Posibilidades Futuras (Tabla 2)

Para este trabajo se consideró sólo el caso de volúmenes adyacentes a uno central de 4 (cuatro) lados (Figura 1). Se restringió el problema a paralelepípedos regulares rectos de cuatro lados, por razones de simplicidad en el análisis.

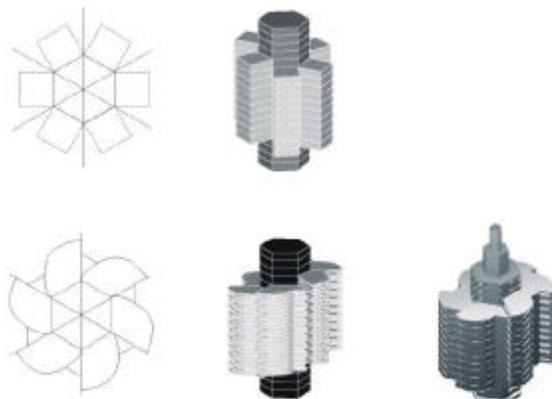
Para un futuro inmediato se plantea extender dicho dominio a "n" volúmenes adyacentes a otro central de "n" lados.

También se considera la posibilidad de generalizar el problema a paralelepípedos irregulares rectos de "n" lados adyacentes a otro, también irregular recto y de "n" lados.

Avanzando aún más, es factible considerar la adyacencia de "m" paralelepípedos irregulares rectos por cada lado del paralelepípedo irregular central. El problema se limita a resolver el posicionamiento de dichos objetos adyacentes al central dejando "huecos" entre sí, componiendo configuraciones volumétricas que permiten una mayor variedad y riqueza en el diseño de volumetrías más complejas. La aplicación de los resultados obtenidos y posibles de obtener se orientan a la composición volumétrica de edificios en altura con una configuración del tipo central.

Partiendo de un alto grado de abstracción en la descripción volumétrica de los componentes del un edificio, se puede ir definiendo la forma, proporciones, hasta definir las dimensiones de los objetos. De este modo, se puede definir completamente al objeto de diseño, en este caso un edificio en alturas.

Estos pasos están esquematizados en la siguiente gráfica:



Tipo	Semilla_o	Semilla_m	P_mutar	P_cruzar	Delta_z	Generación	Resultado
1	35.0	36	0.15	0.85	1.0	7	
2	35.0	35	0.55	0.85	1.0	6	
3	35.0	36	0.15	0.85	2.0	38	
4	35.0	36	0.55	0.85	2.0	102	
5	45.0	35	0.15	0.85	1.0	26	
6	39.0	35	0.15	0.85	1.0	32	
7	35.0	39	0.15	0.85	1.0	7	
8	39.0	39	0.15	0.85	1.0	32	

Tabla 1: Análisis de resultados obtenidos

Alternativas Futuras	Resultado a Obtener
"n" Paralelepípedos regulares adyacentes a uno central	
"n" Paralelepípedos irregulares adyacentes a uno central	
"m" Paralelepípedos irregulares adyacentes a cada cara de uno central con posibles "huecos" entre sí	

Plataforma de
abstracción 1

Tabla 2: Posibilidades Futuras

Plataforma de
concreción 2

Figura 3: Niveles de abstracción y concreción de
objetos volumétricos arquitectónicos