

فرهنگ و زیست فناوری معماری

نشریه علمی فرهنگ و زیست فناوری معماری
زمستان ۱۴۰۰، سال ۱، پیاپی ۳

تبیین و ارزیابی فرآیندهای تکاملی زیست‌شناختی چارلز داروین در طراحی اکتشافی معماری

زمان دریافت مقاله: ۱۴۰۰/۴/۲۶

زمان پذیرش نهایی: ۱۴۰۰/۱۱/۳

محمدرضا قربانی‌پارام - استادیار، گروه معماری و مدیریت شهری، واحد دماوند، دانشگاه آزاد

اسلامی، دماوند، ایران

فرید شاهورانی - دانشجوی کارشناسی ارشد مدیریت امور شهری، واحد دماوند، دانشگاه آزاد

اسلامی، دماوند، ایران

امیرحسین روان - دانشجوی کارشناسی ارشد مدیریت امور شهری، واحد دماوند، دانشگاه آزاد

اسلامی، دماوند، ایران

نشریه علمی فرهنگ و
زیست فناوری معماری،
سال ۱، شماره ۳

۹۷

چکیده

تکامل بیولوژیکی از طریق تنوع ژنتیکی باعث تنوع مورفولوژیکی می‌شود که منجر به ایجاد سطح بالایی از سازگاری، عملکرد و بهره‌وری منابع می‌شود. با این حال، طراحی بیولوژیکی ناشی از تکامل در روش غیرخطی اغلب به صورت غیرشهودی و غیرمنتظره می‌باشد. فرایندهای تکاملی غیرقابل هدایت و در کشف احتمالات طراحی نوین در یک روش بی‌انتها بسیار خوب است. بنابراین تکامل بیولوژیکی در خط تدریجی و دائمی همگرایی بهینه‌سازی فنی با تابع‌های تناسب تعریف شده و ثابت کاملاً متفاوت است. الگوریتم‌های تکاملی مبتنی بر اصول داروین به‌طور عمده برای حل مسائل چند معیاره در فن آوری توسعه داده شده است. اهداف فنی به عنوان توابع تناسب مشخص شده‌اند و مکانیسم‌های تکاملی انتخاب، وراثت، تولید مثل و جهش به عنوان فرایندهای بهینه‌سازی تصادفی مورد استفاده قرار می‌گیرند. این الگوریتم‌های فراشناختی شامل بینش‌های اخیر در مورد مکانیسم‌های میکرو و ماکرو تکاملی حاصل از ژنومیک، فیلوژنومیک و ژنومیک جمعیت نمی‌شود. همانند تکامل طبیعی، فرایند طراحی معماری یک فرآیند بی‌انتها است که راه‌حل‌های ممکن را کشف می‌کند. با این حال، به منظور هدایت کردن این فضای طراحی گسترده و پویا، بیشتر روش‌های طراحی در معماری مبتنی بر شیوه‌گونه‌شناسی است. طراحان، بر اساس دانش و درک خود از مشکلات، معمولاً فضای راه‌حل را به یک ساختار مشخص، تفسیری، فضایی یا برنامه‌ای محدود می‌کنند که به‌طور تکراری با الزامات طراحی خاص مطابقت داده شده است. محدودیت‌های ذاتی متدولوژی‌های مبتنی بر نوع‌شناسی، طیف وسیعی از انواع موثر و گونه‌های بهتر طراحی را حذف می‌کنند. در مقابل، پویایی تکامل بیولوژیکی راه‌هایی برای افزایش فضای طراحی که به‌طور مداوم به سوی امکانات جدید و نا شناخته است نشان می‌دهد که به‌طور بالقوه در مجموعه‌ای جدید از نوع‌شناسی‌ها هستند که هنوز محدودیت‌ها را برآورده می‌کنند. بنابراین، در معماری، فرآیندهای تکاملی مطابقت بیشتری به فرایندهای اکتشافی در مقایسه با ابزارهای بهینه‌سازی دارند.

واژگان کلیدی: داروین، نظریه فرگشت، نظریه تکامل تدریجی، طراحی معماری و بهینه‌سازی.

۱- مقدمه و بیان مساله

«نوآوری بیولوژیکی» و تنوع مورفولوژیکی محصول آن، فرایندهای تکاملی هستند که در نهایت بوسیله گوناگونی و تنوع ژنتیکی منجر به سطح بالایی از سازگاری، عملکرد و بهره‌وری منابع می‌شوند. در اوایل تاریخ علوم رایانه‌ای، ایده‌ها برای پذیرش اصول تکاملی برای اجرای ابزارهای بهینه سازی دیجیتال به وجود آمد که به تدریج جمعیت راه‌حل‌ها را مطابق معیارهای سازگاری خاصی اصلاح کردند. آن تورینگ (تورینگ، ۱۹۵۰) در مقاله خود «ماشین آلات و هوش مصنوعی» برنامه و آموزش یک ماشین یادگیری کودک را با روند تکامل طبیعی مقایسه می‌کند. گذار پس از نظریه به عمل با شبیه‌سازی دیجیتالی فرایندهای تکاملی در اواسط دهه ۱۹۵۰ تا اوایل دهه ۱۹۶۰ قرن بیستم انجام شد (Fraser 1958؛ Barricelli 1962). این رشته پیشرفت بسیاری با کارهایی که در استراتژی‌های تکاملی انجام شد، بدست آمده است (Schwefel 1974؛ Rechenberg 1971). این تحقیق زمینه جدیدی در زمینه علوم رایانه و هوش مصنوعی به نام محاسبات تکاملی ایجاد کرد. EA الگوریتم‌هایی که از این حوزه در حال ظهور هستند به طور کلی به عنوان الگوریتم‌های تکاملی شناخته می‌شوند و معمولاً یک جمعیت از راه‌حل‌های بالقوه را حفظ می‌کنند که تحت بازسازی، جهش و انتخاب برای حفظ در جمعیت با استفاده از معیارهای آمادگی از پیش تعریف شده است. دیدگاه اساسی از تکامل طبیعی به آغاز قرن بیستم می‌رسد زمانی که بنیانگذاران ژنتیک جمعیت ایده‌های داروین درباره انتخاب طبیعی را با ژنتیک مندلیان که در حال حاضر به‌عنوان سنتز تا سال‌های ۱۹۸۰ تا حد GA مدرن یا نو-داروینیسم شناخته می‌شود، تطبیق دادند. در این مقاله به بررسی تبیین و ارزیابی فرآیندهای تکاملی زیست‌شناختی چارلز داروین در طراحی اکتشافی معماری پرداخته خواهد شد.

۲- روش‌شناسی و پیشینه تحقیق

بسیاری از طرح‌ها که به وسیله فرایندهای تکاملی بیولوژیکی شکل می‌گیرند، اغلب به نظر غیرشهودی یا غیرمنتظره می‌باشند. در مقیاس جهانی، فرآیندهای تکاملی هدایت نشده هستند و در اکتشافات بی‌انتها از نظر امکانات طراحی جدید بهتر می‌باشند. بنابراین تکامل طبیعی اساساً از لحاظ ویژگی تدریجی و متداول همگرایی بهینه‌سازی تکاملی فنی با عملکردهای تناسب متفاوت است. اهداف فنی تعریف شده و توابع تناسب استاتیک و مکانیسم‌های تکاملی انتخاب، وراثت، تولید مثل و جهش به عنوان فرآیندهای بهینه‌سازی تصادفی استفاده می‌شوند. پیاده سازی این مکانیسم‌ها تغییرات میکروتکاملی را بازسازی می‌کند که عمدتاً با تغییرات بیولوژیکی مشاهده شده در سطح جمعیت مطابقت دارد. این شباهت یک فرایند بهینه‌سازی مشابه با ژنوتایپ غالب جمعیت را دارد که به طور مطلوب با تناسب زیست محیطی مربوطه آن سازگار است. با این حال، همانطور که بعداً خواهیم دید، نوآوری و تنوع بیولوژیکی که در سطح گونه یا بالاتر مشاهده می‌شود محصول

مکانیسم‌های اضافی میکروتکاملی است که معمولاً فاصله زمان‌های بزرگتر را تعیین می‌کند. بسیاری از محققان محاسباتی و ماشین لرنینگ آن‌ها را بسیار آهسته، ناکارآمد و مستعد پذیرش در حداکثر محلی می‌دانند، و این نشان می‌دهد که رویکرد انتقال اصول تکاملی به بهینه‌سازی و طراحی مشکلات، شکست خورده است. این موضوع پرسش‌های واضحی را مطرح می‌کند که آیا این دیدگاه صحیح است یا اینکه فقط انتزاع‌های انتخاب شده از فرآیندهای تکاملی برای تقلید آن‌ها به طور مؤثر بسیار ساده هستند. علاوه بر این، ما باید بپرسیم که آیا و به چه نحوی زیست‌شناسی می‌تواند از اصلاح دو زمینه بهره‌مند شود و اینکه آیا می‌توانیم از روش معکوس برای بدست آوردن بینش‌های جدید بیولوژیکی استفاده کنیم. همانند تکامل بیولوژیکی، فرایند طراحی معماری، یک فرایند باز است که به دنبال راه‌حل‌های ممکن برای برآورده کردن نیازهای طراحی هستند که اغلب شامل جنبه‌هایی است که برای مشخص کردن کیفیت بسیار دشوار است. برای حرکت و جستجو در فضای گسترده، پویا، بسیار متغیر و چند بعدی راه حل، اکثر روش‌های طراحی در معماری مبتنی بر رویکرد نوع شناختی است. این فضای راه حل را برای یک ساختار خاص، ساختمانی، نوع فضایی یا برنامه‌ای محدود می‌کند که به طور تکراری با الزامات خاص طراحی سازگار است. محدودیت‌های اصلی در متدولوژی طراحی مبتنی بر نوع‌شناسی شامل محدوده گسترده‌ای از انواع بالقوه موثرتر و طراحی بهتر گونه‌ها می‌باشد. در مقابل، پویایی تکامل بیولوژیکی نشان می‌دهد راه‌هایی به طور مداوم برای افزایش فضای راه‌حل به مناطق جدید و ناشناخته، همانند ماکرو تکاملی هستند. بنابراین، در معماری، ماهیت اکتشافی فرآیندهای ماکروتکاملی، بسیار مرتبط‌تر نسبت به فرآیندهای میکروتکاملی که در ابزارهای بهینه‌سازی فعلی بکار می‌روند، هستند. لذا روش این تحقیق اکتشافی و تحلیلی و ماهیت آن بنیادی است.

۳- ادبیات تحقیق

۳-۱ زیست‌شناسی تکاملی

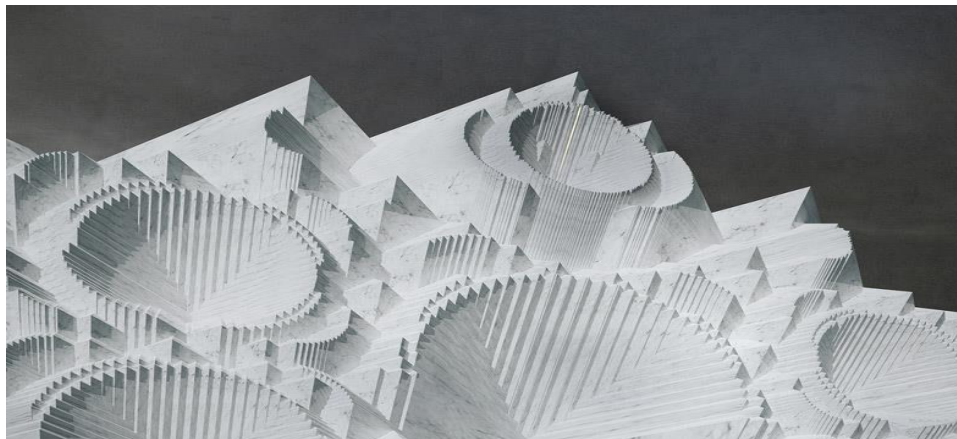
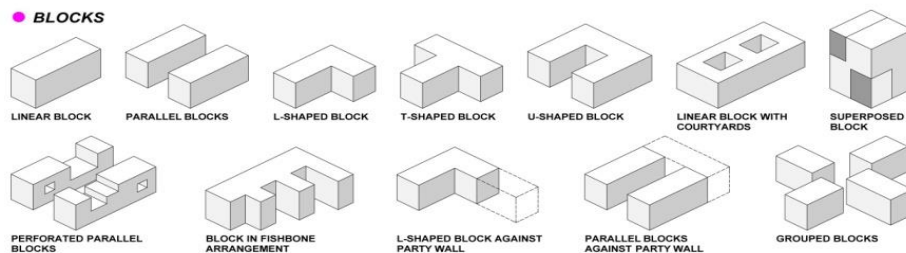
زیست‌شناسی تکاملی زیررشته‌ای از زیست‌شناس است که فرآیندهای تکاملی را تولید می‌کند که باعث ایجاد تنوع زیستی در زمین می‌شود و از یک جد مشترک شروع می‌شود. این فرایندها شامل انتخاب طبیعی، نسب مشترک و گونه‌زایی است. این رشته از طریق آنچه «جولیان هاکسلی» آن را سنتز مدرن (از دهه ۱۹۳۰) می‌نامید، از چندین زمینه تحقیق بیولوژیکی که قبلاً نامربوط بودند، از جمله ژنتیک، بوم‌شناسی، سامانه‌شناسی و دیرینه‌شناسی به وجود آمده است. تحقیقات کنونی گسترده‌تر شده است تا معماری ژنتیکی سازگاری، تکامل و نیروهای مختلفی را که شامل تکامل جنسی، انتخاب ژنتیکی و بیوگرافی می‌شود را پوشش دهد. زمینه جدیدتر زیست‌شناسی تکاملی تکاملی (evo-devo) چگونگی کنترل رشد جنین را بررسی می‌کند، بنابراین یک سنتز وسیع‌تری ایجاد می‌کند که زیست‌شناس با زمینه‌های تحت پوشش سنتز تکاملی قبلی ادغام می‌کند.

۲-۳ ژنوتایپ و معماری تکامل‌گرا

«ژنوتایپ» و ورود مفهوم آن به معماری قدمتی به اندازه خود نظریه مادر آن، یعنی نحو فضا دارد. لکن این واژه دچار گونه‌ای تکامل مفهومی گردیده است به نحوی که واضعان و مروجان نخستین آن پس از گذشت سالیان ترکیبات متمایزی از آن را بکار گرفته‌اند (هانسون، ۱۹۹۸: ۳۲؛ هیلیر، ۱۹۹۶: ۳۶؛ هیلیر و هانسون، ۱۹۸۴: ۱۲-۱۳؛ هیلیر و همکاران، ۱۹۸۷). واژه «ژنوتایپ» برای نخستین بار در ادبیات نحو فضا در کتاب شهیر «هانسون و هیلیر» و در ترکیب واژگانی غیریکنواختی ژنوتایپ‌ها، پیشنهاد و ارائه گردید. پس از آن، ایده ثانوی در نوشته مشترکی که سه سال بعد به چاپ رسید هویدا شد. این ایده استفاده از مولفه هم‌پیوندی میان فضاهای معماری در عملکردهای زنده به عنوان شاخص ژنوتایپ بود. عنوان نوشتار *ایده‌ها درون اشیاء هستند* نیز به‌نوعی اشاره به این دارد که کالبد معماری مستقل از فرهنگ مردمی که از آن بهره می‌گیرند می‌تواند دارای کدهایی نهفته باشد که جریان‌های اجتماعی را هدایت و سامان‌دهی می‌کند. اما مقاله ۱۹۸۷، تعریف عملیاتی بسیار مستقیم و صریحی از ژنوتایپ را ارائه نمود.

نشریه علمی فرهنگ و
زیست‌فناوری معماری، سال
۱، شماره ۳

۱۰۰



تصویر ۱. نمونه‌ای از فضاییست شناسی تکاملی؛ ماخذ: آرشیو نگارندگان.

۳-۳ نظریه فرگشت

فرضیه تکاملی چارلز داروین، نقطه عطفی در مسئله ثبوت یا تکامل انواع به‌شمار می‌رود. داروین متأثر از نظرات توماس مالتوس در رساله اصل جمعیت؛ به این نتیجه رسید که رشد جمعیت به آسانی می‌تواند به «تنازع بقا» منجر شود؛ و در این رقابت زاده‌های با مطلوبیت بیشتر، بر دیگران

برتری خواهند داشت. محدودیت منابع باعث می‌شود تا در هر نسل بسیاری از زاده‌ها پیش از رسیدن به تولیدمثل تلف شوند. این ایده می‌توانست گوناگونی جانوران و گیاهان را، در عین اشتقاق از اجداد مشترک توضیح دهد؛ و در عین حال این شرح تنها با استفاده از قوانین طبیعی که برای همه اشیاء یکسان بودند، فراهم می‌شد. داروین در ۱۸۳۸ به نظریه انتخاب طبیعی دست یافت، اما آن را منتشر نکرد؛ تا اینکه در ۱۸۵۸ نامه‌ای از یک زیست‌شناس جوان به نام آلفرد والاس به دستش رسید که در آن نظریه مشابهی شرح داده شده بود. والاس در این نامه به منظور انتشار فرضیه خود از داروین تقاضای کمک کرده بود. آن‌ها دو مقاله جداگانه برای قرائت در یکی از گردهم‌آیی‌های علمی انجمن لینه‌ای‌های لندن ارسال کردند. داروین و والاس هیچ‌کدام در این گردهمایی شرکت نکردند و در آن زمان تعداد اندکی از آن دو مقاله مطلع شدند. سرانجام در اواخر سال ۱۸۵۹، کتاب داروین به نام «درباره خاستگاه گونه‌ها از طریق انتخاب طبیعی» منتشر شد و به تفصیل به شرح تکامل پرداخت. «توماس هاکسلی»، آناتومی و دیرین‌شناسی را به کار گرفت تا نشان دهد که انسان و کپی‌ها نیاکان مشترکی دارند. این نتیجه‌گیری تلویحی که انسان جایگاهی یگانه و خاص در جهان ندارد، بسیاری را برآشفته. موجودات زمین در طول زمین طی فرآیندی مستمر، تحول پیدا می‌کنند که «تکامل» نامیده می‌شود. از زمانی که زندگی بر روی زمین آغاز شد، میلیون‌ها گونه جدید پدید آمده و از بین رفته‌اند. موجودات زنده امروزی، تنها نمایانگر بخش کوچکی از تمام موجودات زنده‌ای هستند که تا به حال وجود داشته‌اند. بطور عمده تکامل در نتیجه انتخاب طبیعی رخ می‌دهد. این فرآیند در جهت حفظ بقا است. بنابراین به قدرت تولید مثل افرادی که سازگاری بیشتری نسبت به دیگر اعضا همان‌گونه با محیط دارند بستگی دارد. بین افراد هر گونه با گونه‌های دیگر تفاوت‌هایی وجود دارد. ممکن است بعضی گونه‌ها به خاطر احتیاج به غذای کمتر و یا دوری از حیوانات شکاری نسبت به گونه‌های دیگر شرایط بهتری را دارا باشند. این افراد احتمالاً بهتر می‌توانند به بقای خود ادامه داده و ساختار بدنی مطلوب خود را به نسل‌های بعدی خود منتقل کنند. این فرآیند که به نام «انتخاب طبیعی» معروف است، گونه‌ها را قادر می‌سازد تا خود را با محیط متغیر سازگاری داده و در ازمدت منجر به پدید آمدن گونه‌های جدید می‌شوند.^۱

^۱ برای اطلاعات بیشتر ر.ک:

* As reported by Newsweek: "By one count there are some 700 scientists with respectable academic credentials (out of a total of 480,000 U.S. earth and life scientists) who give credence to creation-science, the general theory that complex life forms did not evolve but appeared 'abruptly'." Martz & McDaniel 1987, p. 23 *Finding the Evolution in Medicine Wayback Machine, Cynthia Delgado, NIH Record, July 28, 2006. *Public beliefs about evolution and creation, Robinson, B. A. 1995. *Many scientists see God's hand in evolution, Witham, Larry, Reports of the National Center for Science Education 17(6): 33, 1997 *Genomewide Comparison of DNA Sequences between Humans and Chimpanzees". The American Journal

۳-۴ نظریه تکامل و ژنتیک

نظریه داروین - والاس بر اساس سه مشاهده و دو نتیجه کلی حاصل از این مشاهده‌ها، پایه‌گذاری شده‌است:

۱. **مشاهده:** اگر مقاومت محیطی نباشد، هر نوع جاندار، به قاعده تصاعد هندسی افزایش به گفته دیگر، جمعیتی که در سال اول تعداد افرادش را دو برابر می‌سازد، بالقوه می‌تواند تعداد افرادش را در سال دوم، چهار برابر و در سال سوم، هشت برابر کند.

۲. **مشاهده:** اما در طبیعت، اگرچه گاه تغییراتی در اندازه جمعیت گونه‌ها رخ می‌دهد، اندازه جمعیت هر گونه از جانداران، در خلال مدتی طولانی ثابت می‌ماند.

۳. **نتیجه:** پیداست که همه گامت‌ها به زیگوت تبدیل نمی‌شوند، همه زیگوت‌ها به صورت جانداران بالغ در نمی‌آیند و همه افراد بالغ باقی نمی‌مانند و تولید مثل نمی‌کنند؛ بنابراین بایستی تنازع برای بقا در میان باشد.

۴. **مشاهده:** همه افراد یک نوع جاندار نظیر یکدیگر نیستند، بلکه نسبت به هم تفاوت‌های فردی عمده‌ای نشان می‌دهند.

۵. **نتیجه:** بنابراین، در تنازع بقا، افرادی که دارای تفاوت‌های مساعدترند، مزیتی در رقابت با دیگران خواهند داشت. پس تعداد بیشتری از آن‌ها باقی می‌مانند و فرزندان پرشماتری تولید خواهند کرد.

چنان‌که دیده می‌شود، داروین و والاس محیط را علت اصلی انتخاب طبیعی می‌دانستند، یعنی محیط کم‌کم جانداران دارای صفات نامساعد را از میان می‌برد و جانداران دارای صفات مساعد را حفظ می‌کند. پس از گذشت نسل‌های زیاد و متوالی و تأثیر مداوم انتخاب طبیعی، سرانجام گروهی جاندار یک صفت یا تعدادی صفات جدید و مساعد را به درجه‌ای خواهد رساند که به صورت گونه‌ای جدید، از گونه اجدادی ظاهر خواهد شد.

۳-۵ محاسبات تکاملی

روش‌های محاسبات تکاملی، محققان و فعالان حوزه هوش مصنوعی و «بهینه‌سازی عددی» (*Numerical Optimization*) را قادر می‌سازند تا از ایده فرایندهای تکاملی (*Evolutionary Process*) و شبیه‌سازی (*Simulation*) آن‌ها برای حل مسائل جهان واقعی استفاده کنند؛ مسائلی که شاید پیش از این برای حل آن‌ها، راهکار امکان‌پذیر و معقولی وجود نداشت. اولین مفهومی که

برنامه‌نویسان و یا توسعه‌دهندگان برنامه‌های کاربردی با آن دست و پنجه نرم می‌کنند، مفهوم «الگوریتم» (Algorithm) است. وقتی که کاربر یا یک برنامه‌نویس به دنبال راه‌حل برای مسأله (به‌عنوان نمونه، یک مسأله بهینه‌سازی (Optimization) است، یک استراتژی یا مجموعه دقیقی از دستورالعمل‌های لازم برای حل مسأله مورد نظر را مشخص می‌کند که به آن الگوریتم گفته می‌شود. حال سناریویی را فرض کنید که در آن مسأله داده شده به قدری پیچیده باشد که حل آن توسط الگوریتم‌های مرسوم امکان‌پذیر نباشد. در چنین حالتی، چگونه می‌توان استراتژی لازم برای حل این مسأله (الگوریتم حل مسأله) را کد نویسی کرد؟ (Bentley and Corne 2001; Bentley et al. 2008).

به طور کلی، الگوریتم‌های محاسبات تکاملی بر پایه به‌کارگیری «نظریه تکامل داروین» (Darwin's Theory of Evolution) جهت پیاده‌سازی برنامه‌های کامپیوتری شکل گرفته‌اند. یکی از اهداف مهم روش‌های محاسبات تکاملی و الگوریتم‌های تکاملی به طور خاص، بهبود کیفیت راه‌حل‌های ضعیف تولید شده برای یک مسأله داده شده است. جهت بهبود کیفیت راه‌حل‌های ضعیف تولید شده، الگوریتم‌های محاسبات تکاملی از فرایندهای تکاملی نظیر جهش (Mutation) و سایر موارد استفاده می‌کنند. به‌عبارت دیگر، الگوریتم‌های محاسبات تکاملی، در یک فرایند تکراری (Iterative Process)، آنقدر راه‌حل‌های ضعیف تولید شده را با استفاده از عملگرهایی نظیر جهش دستکاری می‌کنند تا سیستم بتواند با دقت (Accuracy) مطلوبی مسأله مورد نظر را حل کند.

در علوم کامپیوتر (Computer Science) و هوش مصنوعی، محاسبات تکاملی خانواده‌ای از الگوریتم‌ها جهت بهینه‌سازی سراسری (General Optimization) هستند که از فرایندهای تکامل زیستی (Biological Evolution) الهام گرفته شده‌اند. به عبارت دیگر، به زیر شاخه‌ای از هوش مصنوعی و محاسبات نرم (Soft computing) که به مطالعه و پیاده‌سازی الگوریتم‌های الهام گرفته شده از فرایندهای تکامل زیستی می‌پردازد، الگوریتم‌های محاسبات تکاملی گفته می‌شود. از دیدگاه فنی، الگوریتم‌های محاسبات تکاملی خانواده‌ای از روش‌های حل مسأله محسوب می‌شوند که مبتنی بر جمعیت (Population-based) و آزمون و خطا (Trial and Error) هستند و از مکانیزم‌های بهینه‌سازی تصادفی (Stochastic Optimization) یا بهینه‌سازی فرااکتشافی (Meta-Heuristic) جهت همگرایی به جواب بهینه سراسری یا تقریبی (Approximation) از جواب بهینه استفاده می‌کنند. در محاسبات تکاملی، ابتدا یک مجموعه ابتدایی متشکل از جواب‌های کاندید (Candidate Solutions) تشکیل می‌شود. در طول فرایند تکاملی، الگوریتم‌های محاسبات تکاملی با دستکاری و به‌روزرسانی جمعیت متشکل از جواب‌های کاندید، جمعیت را به سمت ناحیه حاوی جواب بهینه سراسری (Global Optimum) حرکت می‌دهند. در هر تکرار از الگوریتم‌های محاسبات تکاملی که به آن نسل (Generation) نیز گفته می‌شود، از طریق حذف کردن جواب‌های نامطلوب

در جمعیت و ایجاد تغییرات بسیار کوچک و البته تصادفی در جواب‌های کاندید، فرایند تکاملی شکل خواهد گرفت.

۳-۶ الگوریتم‌های ژنتیک

ایده اصلی محاسبات تکاملی بر پایه نظریه تکامل داروین (*Darwin's Theory of Evolution*) بنا نهاده شده است. اصول مهم در نظریه تکامل داروین عبارتند از:

- ۱) بقای برانده‌ترین‌ها (*Survival of the Fittest*)؛ بر مبنای نظریه تکامل داروین، نمونه‌های موجود در یک محیط (طبیعت برای موجودات زنده نقش محیط را ایفا می‌کند) با گذشت زمان خود را با شرایط محیط وفق نمی‌دهند. بلکه، در هر نسل تنها آن دسته از نمونه‌هایی که برزندگی بیشتری نسبت به دیگر نمونه‌ها دارند باقی می‌مانند و به بقای خود ادامه می‌دهند؛
- ۲) انتخاب بر مبنای فنوتایپ (*Phenotype*)؛
- ۳) به ارث بردن ژنوتایپ (*Genotype*)؛ نمونه‌های والد توسط نمونه‌های فرزند.
- ۴) تولید مثل (*Reproduction*)؛
- ۵) تغییرات تصادفی در ژن‌های نمونه‌های موجود در محیط (Holland 1975).

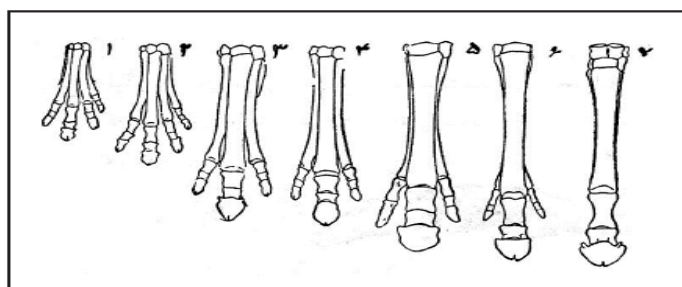
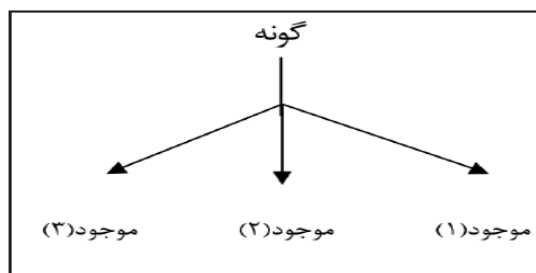
نظریه تکامل داروین از چهار فرضیه اصلی تشکیل شده است:

۱. نمونه‌های موجود در یک جمعیت یا گونه‌های جاندار، تفاوت‌های معناداری با یکدیگر دارند؛ اگر بخواهیم این فرضیه را در قالب الگوریتم‌های محاسبات تکاملی تصویر کنیم، به این نتیجه خواهیم رسید که نمونه‌های موجود در جمعیت اولیه تولید شده در یک الگوریتم تکاملی باید ویژگی‌ها یا مقادیر متغیری متفاوت از یکدیگر داشته باشند. چنین فرضی به جمعیت اولیه تولید شده کمک می‌کند تا بتواند در فضای جستجوی مسأله پراکنده شود و بیشتر مناطق موجود در این فضا را پوشش دهد. از آنجایی که مکان جواب بهینه سراسری در فضای جستجوی مسأله مشخص نیست، پراکنده شدن نمونه‌ها در مناطق موجود در جمعیت، احتمال رسیدن به جواب بهینه سراسری (یا تقریبی از آن) را افزایش می‌دهد.
۲. در طول فرایند تکامل و در گذار (*Transition*) از هر نسل به نسل بعدی، برخی از ویژگی‌های موجودات زنده به فرزندان منتقل می‌شوند؛ برای شبیه‌سازی چنین فرایندی در تکامل طبیعی از عملگرهایی نظیر تولیدمثل، جهش و ترکیب یا آمیزش استفاده می‌شود. با استفاده از عملگر تولید مثل، یک نمونه کپی برابر با اصل از نمونه والد ایجاد می‌شود. عملگر جهش نیز از طریق اعمال تغییرات جزئی و تصادفی در ژن‌های نمونه‌های والد، سبب تولید نمونه‌های فرزند جدید در جمعیت می‌شود. علاوه بر این، از طریق عملگر

ترکیب یا آمیزش، دو نمونه والد با یکدیگر ترکیب می‌شوند و هر یک از فرزندان ایجاد شده، ژن‌های والدین را به طور تصادفی به ارث می‌برند.

۳. در هر نسل (تکرار) از فرایند تکامل، تعداد نمونه‌های فرزند ایجاد شده از تعداد نمونه‌هایی که زنده خواهند ماند، بیشتر خواهد بود؛ در الگوریتم‌های محاسبات تکاملی، از فرایندی به نام «انتخاب» برای مشخص کردن نمونه‌هایی که باید از نسل فعلی به نسل بعدی منتقل شوند استفاده می‌شود. در الگوریتم‌های محاسبات تکاملی روش کار بدین صورت که نمونه‌های برانده‌تر شانس (یا احتمال) بیشتری برای انتخاب شدن و قرار گرفتن در جمعیت نسل بعد خواهند داشت.

۴. بقاء و تولید مثل نمونه‌ها به صورت تصادفی انجام نمی‌شود؛ نمونه‌هایی که باقی می‌مانند و شروع به تولید مثل می‌کنند (و یا نمونه‌هایی که نرخ تولید مثل بالاتری نسبت به دیگر نمونه‌ها دارند)، نمونه‌هایی هستند که ویژگی‌ها یا مقادیر متغیر مطلوب‌تری نسبت به دیگر نمونه‌ها دارند؛ به عبارت دیگر، در ناحیه‌ای از فضای جستجو قرار دارند که به احتمال زیاد به جواب بهینه سراسری نزدیک‌تر هستند. به چنین فرایند، انتخاب طبیعی گفته می‌شود (Bentley 1999).



تصویر ۲. فرایند تکاملی در استخوان و در گونه‌های زیستی؛ ماخذ: ترسیم نگارندگان.

۳-۷ فنوتایپ

جهت درک بهتر چگونگی شبیه‌سازی فرایندهای تکامل طبیعی در الگوریتم‌های محاسبات تکاملی، ابتدا نیاز است تا نقش تکامل در زیست‌شناسی مشخص شود. در طبیعت، تمامی موجودات از شاکله بدن (Body) و مجموعه‌ای از رفتارها تشکیل شده‌اند. به این ویژگی‌ها، فنوتایپ (Phenotype) آن

موجود زنده گفته می‌شود؛ به عبارت دیگر، به شکل ظاهر و رفتاری یک موجود زنده فنوتایپ گفته می‌شود. رنگ مو، چشم و پوست، همگی بخش از فنوتایپ (Phenotype) موجودات زنده هستند. شکل ظاهری موجودات زنده توسط مجموعه‌ای از دستورالعمل‌های کدبندی شده (Encoded) در سلول‌های آن‌ها مشخص می‌شود. به این مجموعه دستورالعمل‌های کدبندی شده، ژنوتایپ (Genotype) گفته می‌شود. به عبارت دیگر، ژنوتایپ به اطلاعاتی اطلاق می‌شود که در DNA موجودات زنده کدبندی شده است. با اینکه فنوتایپ شکل ظاهری موجودات زنده پس از پدید آمدن را مشخص می‌کند، ژنوتایپ موجودات زنده همان طرح (Blueprint) ابتدایی است که شکل نهایی ظاهر موجودات زنده از آن مشتق شده است.

دلیل اینکه فنوتایپ و ژنوتایپ در موجودات زنده، به عنوان دو مفهوم جدا از یکدیگر شناخته می‌شوند، بسیار ساده است. محیط (طبیعت نقش محیط را برای موجودات زنده ایفا می‌کند) نقش مهمی در شکل‌گیری ظاهر موجودات زنده دارد. به عنوان نمونه، در صورتی که دو خانه، با طرح یکسان ولی با بودجه‌های متفاوت، ساخته شوند، بدون شک شکل و ظاهر تفاوتی از یکدیگر پیدا خواهند کرد. در اغلب شرایط، این محیط است که موفقیت ژنوتایپ‌ها را مشخص می‌کند. به عبارت دیگر، موجودی در محیط موفق است که بتواند به بقای خود ادامه دهد و ژنوتایپ‌های خود را از طریق تولید مثل به فرزندان خود منتقل کند. اطلاعات لازم برای طراحی شاکله و رفتار موجودات زنده در DNA آن‌ها نقش بسته است. هر بار که موجودات زنده تولید مثل می‌کنند، DNA آن‌ها کپی و به فرزندان منتقل می‌شود.

در این میان و در حین انجام فرایند کپی شدن DNA والدین و انتقال به فرزندان ممکن است جهش‌های تصادفی در DNA رخ بدهد که سبب ایجاد تغییراتی در DNA فرزندان شود. چنین تغییراتی پتانسیل ایجاد تغییر در فنوتایپ موجودات زنده را دارند. در الگوریتم‌های محاسبات تکاملی نظیر الگوریتم ژنتیک، به جمعیت جواب‌های کاندید یک مسأله بهینه‌سازی که به سمت جواب بهینه همگرا می‌شوند، فنوتایپ (Phenotype) گفته می‌شود. همچنین، هر کدام از جواب‌های کاندید، مجموعه‌ای از ویژگی‌های مختص به خود دارند که از طریق اعمال عملگرهای تکاملی تغییر پیدا می‌کند؛ به این مجموعه از ویژگی‌ها (مقادیر متغیرهای یک نمونه)، ژنوتایپ گفته می‌شود. بیشتر الگوریتم‌های محاسبات تکاملی، از طریق همانندسازی مکانیزم‌های تکامل طبیعی نظیر انتخاب طبیعی، اقدام به بهینه‌سازی مسائل مختلف می‌کنند. ساختار کلی الگوریتم‌های محاسبات تکاملی در شکل زیر نمایش داده شده است:

مقداردهی اولیه؛ برای اینکه بتوان فرایندهای تکاملی را در الگوریتم محاسبات تکاملی شبیه‌سازی کرد نیاز است تا ابتدا جمعیتی از جواب‌های کاندید اولیه (ابتدایی) تولید شود. در برخی از کاربردها

و مسائل مختلف، انتخاب مقادیر اولیه مناسب بسیار مهم است؛ زیرا، مقادیر اولیه متفاوت ممکن است منجر به تولید جواب‌های بهینه کاملاً متفاوت شود.

○ **تولید مثل؛** در این مرحله از فرایند تکامل در الگوریتم‌های محاسبات تکاملی، تعداد کپی‌های زیادی از جواب کنونی تولید می‌شود.

○ **جهش؛** در این مرحله از فرایند تکامل در الگوریتم‌های محاسبات تکاملی، عملیات جهش روی هر یک از نمونه‌های کپی ایجاد شده انجام می‌شود. به جرات می‌توان گفت که یکی از مهم‌ترین مؤلفه‌های الگوریتم‌های محاسبات تکاملی جهش است؛ زیرا سرعت همگرایی الگوریتم به جواب بهینه را کنترل می‌کند.

○ **ارزیابی (برازندگی)؛** در این مرحله، برازندگی هر یک از نمونه‌های (جواب‌های کاندید) موجود در جمعیت ارزیابی می‌شود تا کیفیت آن‌ها مشخص شود؛ به عبارت دیگر، میزان نزدیکی یا همگرایی نمونه‌ها یا جواب‌های کاندید به جواب بهینه سراسری مشخص می‌شود.

○ **انتخاب؛** در این مرحله و پس از اینکه برازندگی نمونه‌های موجود در جمعیت مشخص شد، تنها بهترین نمونه‌ها انتخاب می‌شوند و در تولید نسل بعدی الگوریتم‌های محاسبات تکاملی شرکت می‌کنند.

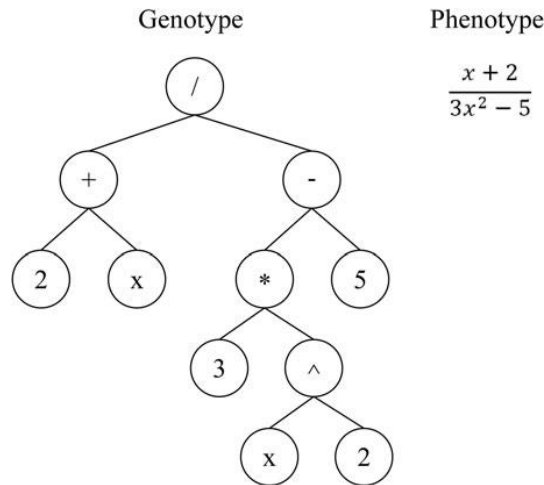
○ **خروجی؛** همانطور که پیش از این نیز اشاره شد، تکامل یک فرایند تکراری است ولی این فرایند یا به تعداد دفعات مشخص تکرار می‌شود و یا تا جایی ادامه پیدا می‌کند که در تکرارهای متوالی، دیگر تغییرات محسوسی در برازندگی بهترین نمونه‌ها ایجاد نشود. در این مرحله از فرایند تکامل در الگوریتم‌های محاسبات تکاملی، شرط توقف الگوریتم محاسبات تکاملی بررسی می‌شود و در صورت برقرار بودن شرط، بهترین جواب‌های کاندید تولید شده در خروجی نمایش داده می‌شوند. کاری که فرایندهای تکاملی انجام می‌دهند این است که برازندگی جمعیت متشکل از جواب‌های کاندید را افزایش می‌دهند. به عبارت دیگر، در الگوریتم‌های محاسبات تکاملی یک تابع برازندگی برای مسأله تعریف شده است. هدف الگوریتم‌های تکاملی پیدا کردن نقطه بهینه این تابع است (در مسائل کمینه‌سازی هدف پیدا کردن نقطه کمینه تابع برازندگی و هدف مسائل بیشینه‌سازی، پیدا کردن نقطه بیشینه تابع برازندگی است). با این حال، شکل و توزیع تابع برازندگی مشخص نیست. تنها کاری که الگوریتم‌های بهینه‌سازی می‌توانند انجام دهند این است که جواب‌های جدیدی را اطراف نقطه‌ای که بهترین جواب کاندید یافت شده در آن قرار دارد، نمونه‌گیری (*Sampling*) کنند.

جهش‌های مختلف ایجاد شده در نمونه‌های جمعیت (در محور افقی)، سبب تولید امتیازات برازندگی متفاوت (در محور عمودی) خواهد شد. کاری که الگوریتم‌های محاسبات تکاملی انجام می‌دهند این است که با هدف افزایش برازندگی جواب‌های کاندید، نمونه‌های جدیدی را در همسایگی محلی (*Local Neighborhood*) نقطه X نمونه‌گیری می‌کنند. بسته به اندازه همسایگی انتخاب شده،

تعداد نسل‌های (تکرار) متفاوتی نیاز است تا الگوریتم بتواند به نقطه بهینه سراسری همگرا شود (Deb and Goldberg 1989).

۳-۸ برنامه‌ریزی ژنتیک

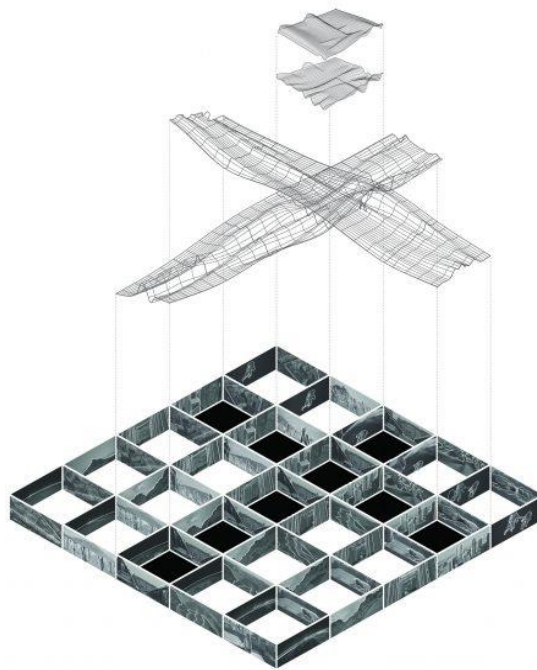
یکی از محبوب‌ترین انواع الگوریتم‌های محاسبات تکاملی محسوب می‌شود. در الگوریتم ژنتیک، جواب‌های کاندید به فرم رشته (معمولاً رشته‌های باینری) کدبندی و نمایش داده می‌شوند. با اعمال عملگرهای تکاملی نظیر ترکیب و جهش، جمعیت جواب‌های کاندید به سمت جواب بهینه همگرا می‌شوند. از الگوریتم ژنتیک بیشتر در مسائل بهینه‌سازی استفاده می‌شود.



نشریه علمی فرهنگ و
زیست فناوری معماری، سال
۱، شماره ۳

۱۵۸

تصویر ۳. ژنوتایپ و فنوتایپ یک فرمول ریاضی که با استفاده از برنامه‌نویسی ژنتیکی رسم می‌شود. ساختار درختی به عنوان پایه‌ای به کار می‌رود که مکانیزم‌های ترکیب مجدد و جهش مانند تقاطع بر اساس آن عمل می‌کنند. به عنوان مثال، تقاطع از طریق تبادل شاخه‌های دو درخت والدی به دست می‌آید که به دو درخت فرزند منتج می‌شوند که ژنوتایپ نوینی را ارائه می‌دهد که سپس می‌تواند به صورت فنوتایپ نسبی آن‌ها رسم شود.



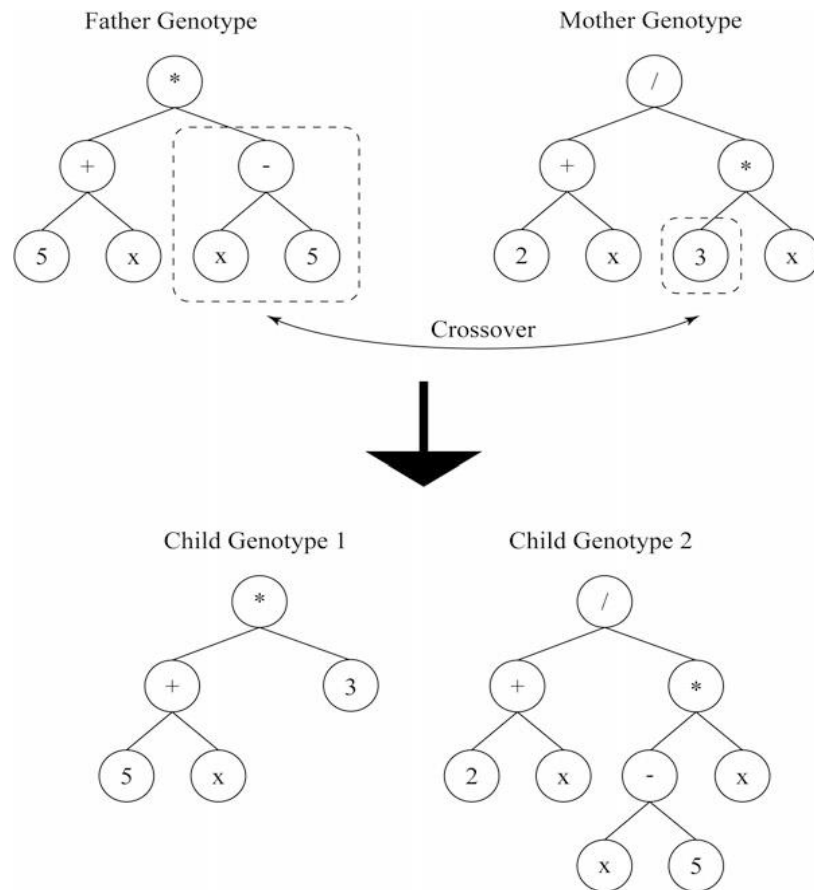
تصویر ۴. نمونه‌ای از لایه‌های قرارگیری سطوح رشد یابنده در بنا؛ ماخذ: ترسیم نگارندگان.

۴- بیان یافته‌های تحقیق

معرفی محاسبات و برنامه‌نویسی به عنوان یک ابزار طراحی در معماری به این موضوع اشاره دارد که به منظور درک کامل از پتانسیلی که محاسبات ارائه می‌دهد، تغییر عمیق در نگرش و تفکر در مورد اصل ماهیت فرآیند طراحی معماری لازم است. این رویکرد برای طراحی به طراحی محاسباتی منسوب است و Menges و Alquist (۲۰۱۱) به خوبی مورد بررسی قرار می‌گیرد:

- طراحی محاسباتی مستلزم متوذهای جدید طراحی است که عمیقاً محدوده نتایج ممکن معماری را بسط دهد.
- این امر به این دلیل که یک طراح به جای مدل‌سازی مستقیم طراحی با استفاده از ساختارهای هندسی استاندارد مانند نقطه، خط، منحنی یا سطوح منحنی و صاف، برای مدل‌های رویکرد محاسباتی اقداماتی در نظر می‌گیرد که به نسل راهکارهای طراحی منجر می‌شوند و اجازه می‌دهد که توسط کامپیوترها اجرا شوند.
- معمولاً، در اینجا اقدامات بر اساس الگوریتم‌های بسیاری به صورت نزولی از زمین‌های مختلف در علوم کامپیوتری، ریاضیات، زیست‌شناسی و فیزیک، همچون رسم‌های کامپیوتری، هندسه محاسباتی، هوش مصنوعی، محاسبات عددی، تحلیل و بررسی و ارزیابی یافت می‌شوند.

- این الگوریتم‌ها برای پردازش حجم زیادی از داده‌های طراحی و بازخورد به کار برده می‌شوند که آن‌ها را به راهکارهای طراحی تبدیل می‌کند که شامل اطلاعات هندسی و غیرهندسی می‌باشند.



نشریه علمی فرهنگ و
زیست فناوری معماری، سال
۱، شماره ۳

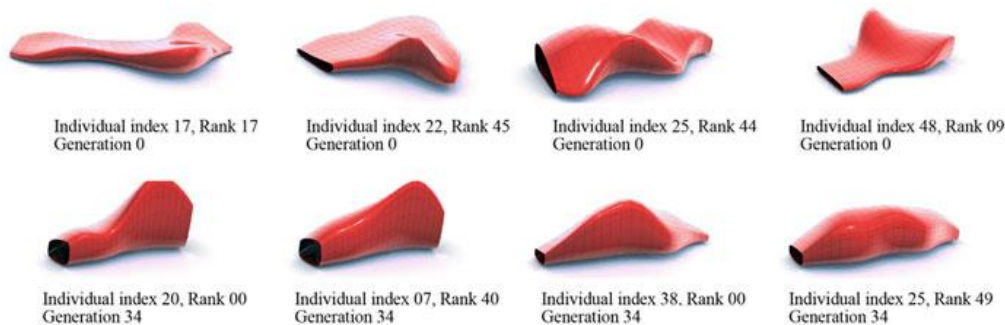
۱۱۰

تصویر ۵. نمونه‌ای از تقاطع در ارائه ساختار درختی ژنوتایپ

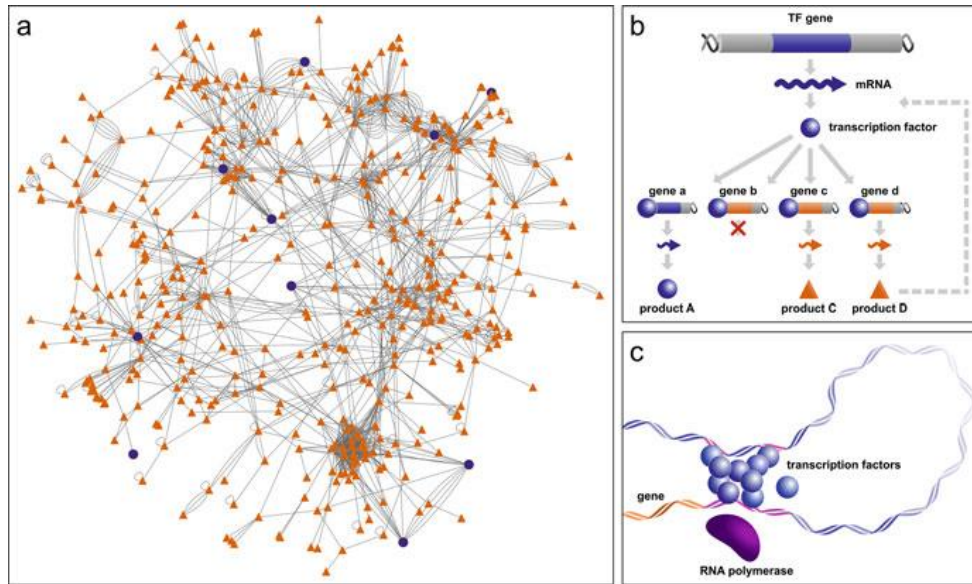
چنین ویژگی‌هایی منجر به این فرض می‌شود که طراحی محاسباتی به صورت بالقوه به نتایج معماری نوینی می‌رسد که دستیابی به آن از طریق تکنیک‌های دستی یا ورژن کامپیوتری آن‌ها که اغلب در روندهای طراحی کامپیوتری کنونی یافت می‌شود، به راحتی امکان‌پذیر نیست. محاسبات تکاملی به طور کلی و GA ها به طور خاص، ویژگی‌هایی را در مفهوم طراحی محاسباتی تکرار می‌کنند. در بسیاری از موارد، GA ها به عنوان ابزار بهینه‌سازی استفاده شده است.

یکی از مهمترین و اولین پیشگامان طراحی معماری تکاملی، جان فریزر است. کار او با محاسبات تکاملی در کتاب فریزر (۱۹۹۵) مستند شده است. نمونه‌هایی از مشکلات طراحی که با استفاده از محاسبات تکاملی حل شده‌اند، و البته به همین‌ها محدود نمی‌شوند، طراحی سطح منحنی شکل آزاد (Hemberg و همکاران ۲۰۰۱، ۲۰۰۸)، طرح فضایی (Jo و Michalek;Gero 1998 و همکاران ۲۰۰۲) طراحی پوشش ساختمان (Tuhus-Dubrow و Krarti، ۲۰۱۰)، عملکرد

حرارتی و روشنایی (Caldas و Wright؛Norford 2002 و همکاران، ۲۰۰۲) و طراحی شهری (Finucane et al ۲۰۰۶) را شامل می‌شود. محاسبات تکاملی نیز در زمینه مربوط به مهندسی سازه به کار گرفته شده است. برای مثال، Dimci'c (۲۰۱۱) و Coelho و همکاران (۲۰۱۴) روشی ارائه کرده اند که می‌توان از GA ها برای بهینه‌سازی طراحی سازه های صدف استفاده کرد. Menges (۲۰۱۲) دو مطالعه موردی را ارائه داد که در آن راه‌حل‌های طراحی با استفاده از یک رویکرد تکاملی ایجاد شده بودند. در مطالعه موردی اول، شکل پوشش ساختمان با استفاده از یک GA که توسط معیارهای تناسب چندگانه، از جمله محدوده کف، ارتفاع پوشش، شیب پوشش، نمای دید بدون مانع و معیارهای زیست‌محیطی مانند تابش خورشیدی حاد در بارگذاری حرارتی داخلی به دست می‌آمد.



تصویر ۶. طراحی پوشش فضایی سازه در جزیره Boracay (فیلیپین) با استفاده از GA، هدایت شده توسط معیارهای تناسب چندگانه مانند محدوده کف، ارتفاع، شیب ها، تابش خورشیدی حاد و بارگذاری حرارتی داخلی. در مطالعه موردی دوم، طراحی یک بلوک شهری مورد بررسی قرار گرفت. در این راستا، اپراتور جنین‌شناسی انتزاع خام از یک برنامه پیشرفتی ساده در زیست‌شناسی است. مشابه مسیر پیشرفتی در ارگانیسم‌های چند سلولی، سلسله مراتبی گویایی را ایجاد می‌کند و درخت تصمیم‌گیری را که برنامه‌های پیشرفتی را هدایت می‌کند، اجرا می‌نماید. در مقایسه با اکثر برنامه‌های پیشرفتی یوکاریوتی، ترتیب اقدام‌ها به ترتیب ژن‌های کروموزوم کدگذاری می‌شود. همپوشانی مشابه این امر را می‌توان در اپرون‌هایی که در باکتری‌های تک سلولی مشاهده می‌شود، دید که در آن ژن‌هایی که یک مسیر خاص را کدگذاری می‌کنند، بر روی ژنوم باکتریایی موقعیت مشترک دارند و توسط یک پروموتور کنترل می‌شوند و برنامه‌های پیشرفتی یوکاریوت‌های چند سلولی از طریق ترتیب ژن‌ها هماهنگ نمی‌شوند و بسیار پیچیده هستند.



تصویر ۷. پیچیدگی تنظیم کننده ژن با استفاده از تنظیمات رونویسی. (آ) شبکه پیچیده‌ای را که توسط یک زیرمجموعه تصادفی انتخاب شده از پروتئین های *Arabidopsis thaliana* تعاملی شکل گرفته، نشان می‌دهد (Brandão و همکاران، ۲۰۰۹؛ شامل ۶۹۰۵ گره و ۱۹۹۳۸ لبه در مجموع). گره‌ها (۴۵۱ از ۶۹۰۵) در این شبکه محصولاتی ارائه می‌شوند که تعاملات فیزیکی آن‌ها، به عنوان لبه‌ها (۱۵۹۳ از ۱۹۹۳۸)، به صورت تجربی نشان داده می‌شد.

۵- نتیجه‌گیری و جمع‌بندی

داروین تکامل را به صورت نتیجه‌ای از انتخاب طبیعی توصیف کرد. در سال‌های ۱۹۲۰ تا ۱۹۳۰، ژنتیک‌دانان بخصوص *Fisher, Sewall Wright* و *J.B.S.Haldane* یک مدل ریاضیاتی برای تکامل ارائه کردند. ترکیب تکامل داروینی و ژنتیک جمعیت، «نئوداروینیسم» نام دارد. باید پیچیدگی ارگانیسم‌های دیجیتالی و محیط زیست آن‌ها را افزایش دهیم. برای رسیدن به این هدف، پیشنهاد می‌شود یک چارچوب الگوریتمی انعطاف‌پذیر داشته باشیم که می‌تواند به صورت پویا با نتایج و فرضیه‌های تحقیق بیولوژیکی فعلی مرتبط باشد که محدوده وسیع‌تری از پیچیدگی زندگی چند سلولی را شامل می‌شود. به دلیل طبیعت آن، زیست‌شناسی تکاملی معمولاً حقایق پایه‌ای مطلق را ارائه نمی‌دهد، فقط مکانیسم‌ها و فرآیندهای مدنظر را ارائه می‌دهد. بنابراین، چارچوب پیشنهادی باید پویا و ماژولار باشد که ظرفیت اجرای آزمایشی با هزینه توسعه کم را داشته باشد تا امکان ادغام مستقیم داده‌های کمی بیولوژیکی مانند نرخ تکاملی از چندین گونه یا سناریوهای مجزا فراهم شود. از منظر طراحی محاسباتی، این چارچوب باید قادر به دگرگونی پویای نقشه برداری ژنوتایپ- فنوتایپ باشد که هم تکامل ساختارهای سه‌بعدی و هم خروجی‌های عملیاتی بیشتری مانند رفتار سیستم‌های عامل را همساز می‌کند. با توجه به این ظرفیت، یک ابزار طراحی واقعاً اکتشافی که روش‌های طراحی فعلی را گسترش می‌دهد، باید قابل دستیابی باشد. با این حال، چالش‌های

محاسباتی آشکار در این رویکرد وجود دارد. اگر EA های سنتی با محدودیت پیچیدگی ارگانیک در حال حاضر از نظر محاسباتی گران هستند مقایسه شوند، چالش این خواهد بود که انتزاع و فرآیند اکتشافی مناسبی پیدا شود که پیچیدگی ارگانسمی و عملیاتی را افزایش داده اما با این وجود هزینه-های الگوریتمی را مناسب نگه دارد.

۶- منابع و ماخذ

- 1) Barricelli NA (1962) Numerical testing of evolution theories. *Acta Biotheor* 16:69–98.
- 2) Beike AK, von Stackelberg M, Schallenberg-Rüdinger M et al (2014) Molecular evidence for convergent evolution and allopolyploid speciation within the *Physcomitrium-Physcomitrella* species complex. *BMC Evol Biol* 14:158. doi:10.1186/1471-2148-14-158
- 3) Bellman R (1966) Dynamic programming. *Science* (80-) 153:34–37. doi: 10.1126/science.
- 4) Bentley PJ (1999) *Evolutionary design by computers*. Morgan Kaufmann Publishers, San Francisco
- 5) Bentley PJ, Corne DW (eds) (2001) *Introduction to creative evolutionary systems*. Morgan Kaufmann Publishers, San Francisco
- 6) Bentley DR, Balasubramanian S, Swerdlow HP et al (2008) Accurate whole human genome sequencing using reversible terminator chemistry. *Nature* 456:53–59. doi:10.1038/nature07517
- 7) Brandão MM, Dantas LL, Silva-Filho MC (2009) AtPIN: *Arabidopsis thaliana* protein interaction network. *BMC Bioinf* 10:454. doi:10.1186/1471-2105-10-454
- 8) Caldas LG, Norford LK (2002) A design optimization tool based on a genetic algorithm. In: *Automation in construction*, pp 173–184
- 9) Coelho RF, Echenagucia TM, Pugnale A, Richardson JN (2014) Genetic algorithms for structural design. In: Adriaenssens S, Block P, Veenendaal D, Williams C (eds) *Shell structures for architecture: form finding and optimization*. Routledge, London, pp 290–294
- 10) Darwin C (1859) *On the origin of species*. John Murray, London
- 11) David OE, Greental I (2014) Genetic algorithms for evolving deep neural networks. In: *Proceedings of the 2014 conference companion on genetic and evolutionary computation*. ACM Press, New York, pp 1451–1452
- 12) De Mendoza A (2013) Transcription factor evolution in eukaryotes and the assembly of the regulatory toolkit in multicellular lineages. *PNAS* 110(50):E4858–E4866
- 13) De Smet R, Van de Peer Y (2012) Redundancy and rewiring of genetic networks following genome-wide duplication events. *Curr Opin Plant Biol* 15:168–176
- 14) Deb K, Goldberg D (1989) An investigation of niche and species formation in genetic function optimization. In: *Proceedings of the 3rd international conference on genetic algorithms*, pp 42–50
- 15) Dimčić M (2011) *Structural optimisation of grid shells based on genetic algorithms*. University of Stuttgart, Stuttgart
- 16) Eldredge N, Gould SJ (1972) Punctuated equilibria: an alternative to phyletic gradualism. In: Schopf TJM (ed) *Models in paleobiology*. Freeman Cooper, San Francisco, pp 82–115
- 17) Eshelman L, Schaffer J (1991) Preventing premature convergence in genetic algorithms by preventing incest. In: *Proceedings of the 3rd international conference on genetic algorithms*, pp 115–122

- 18) Finucane E, Derix C, Coates P (2006) Evolving urban structures using computer optimization techniques. In: Generative Art 2006 GA2006, IX Generative Art conference, 13–15 December 2006
- 19) Fraser AS (1958) Monte Carlo analyses of genetic models. *Nature* 181:208–209
- 20) Frazer J (1995) An evolutionary architecture. Architectural Association, London
- Freeling M, Thomas BC (2006) Gene-balanced duplications, like tetraploidy, provide predictable drive to increase morphological complexity. *Genome Res* 16:805–814. doi:10.1101/gr.3681406
- 21) Galán S, Mengshoel O, Pinter R (2013) A novel mating approach for genetic algorithms. *Evol Comput* 21:197–229
- 22) Gregory TR (2005) The C-value enigma in plants and animals: a review of parallels and an appeal for partnership. *Ann Bot* 95:133–146. doi:10.1093/aob/mci009
- 23) Greilhuber J, Dolezel J, Lysák MA, Bennett MD (2005) The origin, evolution and proposed
- 24) stabilization of the terms “genome size” and “C-value” to describe nuclear DNA contents. *Ann Bot* 95:255–260. doi:10.1093/aob/mci019
- 25) Hemberg M, O’Reilly U-M, Nordin P (2001) GENR8 – a design tool for surface generation. In:
- 26) Goodman ED (ed) Genetic and evolutionary computation conference late breaking papers, pp
- 27) 413–416
- 28) Hemberg M, O’Reilly U-M, Menges A et al (2008) Genr8: architects’ experience with an emergent design tool. In: *The art of artificial evolution*. Springer, Berlin, pp 167–188
- 29) Holland JH (1975) *Adaptation in natural and artificial systems: an introductory analysis with applications to biology, control, and artificial intelligence*. University of Michigan Press, Ann Arbor
- 30) Jia F, Lo N, Ho SYW (2014) The impact of modelling rate heterogeneity among sites on phylogenetic estimates of intraspecific evolutionary rates and timescales. *PLoS One* 9, e95722.

Explanation and evaluation of Charles Darwin's biological evolutionary processes in exploratory architectural design

Abstract

Biological evolution through genetic diversity causes morphological diversity, which leads to a high level of adaptation, performance and resource efficiency. However, the biological design resulting from the evolution in the non-linear method is often non-intuitive and unexpected. Undirected evolutionary processes are very good at discovering new design possibilities in an endless way. Therefore, biological evolution is completely different in the gradual and permanent line of convergence of technical optimization with defined and fixed proportionality functions. Evolutionary algorithms based on Darwin's principles are mainly developed to solve multi-criteria problems in technology. Technical goals are defined as fitness functions and the evolutionary mechanisms of selection, inheritance, reproduction and mutation are used as stochastic optimization processes. These metacognitive algorithms do not include recent insights into the micro and macro evolutionary mechanisms resulting from genomics, phylogenomics and population genomics. Like natural evolution, the architectural design process is an endless process that discovers possible solutions. However, in order to guide this wide and dynamic design space, most of the design methods in architecture are based on the typology method. Designers, based on their knowledge and understanding of the problems, usually limit the solution space to a specific, interpretive, spatial or programmatic structure that is iteratively matched to specific design requirements. The inherent limitations of typology-based methodologies exclude a wide range of effective types and better design types. On the other hand, the dynamic of biological evolution shows ways to increase the design space that continuously leads to new and unknown possibilities that are potentially in a new set of typologies that still push the limits. They fulfill Therefore, in architecture, evolutionary processes correspond more to discovery processes compared to optimization tools.

Key words: *Darwin, theory of evolution, theory of gradual evolution, architectural design and optimization.*
