

# 基于单符号统计的简单L系统反演约束研究

叶庆卫

(宁波大学信息学院电子信息工程系, 宁波 315211)

**摘要** 给出一串已知的L系统符号串,以便从中寻找出能够通过L系统迭代生长复原的L基因组是目前L系统研究领域的逆向工作.为了更好地进行逆向迭代,首先从研究符号串中的单符号统计规律入手,进而通过对在L系统的迭代生长中,单种符号数量发生有规律地变化进行的研究,提出了一些较有价值的符号统计关系式;然后在进行L符号串反演时,根据这些关系式,不仅能够缩小寻找逆向L基因组的范围,并能判定逆向L基因组的正确性,从而为快速实现L系统符号串反演成L基因组,提供了较强有力的判断和可能性,而且这些关系式还可以与其他搜索算法(如遗传算法)配合使用来更快地获得搜索结果.

**关键词** 符号统计 L系统 分形图形反演

**中图法分类号:** TP391.9 **文献标识码:** A **文章编号:** 1006-8961(2002)07-0684-04

## The Restriction of Single Symbol in Simple Lindenmayer System

YE Qing-wei

(Electric Information engineer department of Ningbo University, Ningbo 315211)

**Abstract** There are many researches of simulative images or growth of biology with Lindenmayer system, but there are few researches on retrieved Lindenmayer gene set from a long Lindenmayer string. If Lindenmayer gene set can be retrieved from Lindenmayer string which can be obtained from image or growth of biology with other algorithms, the image or the growth of biology will be easier compressed or identified. Retrieving Lindenmayer gene set from a long Lindenmayer string which can be reverted with the set of Lindenmayer gene is researched in this paper. Base on iteration statistic laws of single symbol in Lindenmayer string, some valuable relationships of single symbol's quantities in iteration of Lindenmayer system are provided in this paper. The statistic laws of single 'growth' symbol can used for judge whether the Lindenmayer string is a iterated string quickly. Following to the relationships, the Lindenmayer gene set can be found out faster, and the relationships can judge the Lindenmayer gene set whether is true. First it can be got how many research sets from the count of single 'growth' symbol of the Lindenmayer string, then the length of string branch can be obtained with each set, and at last the Lindenmayer string can be judged whether it is a iterate string, the iterate gene can be brought out if it is a iterated string. The relationships can be used with other retrieving algorithm (ex. Iterate gene algorithm) to run better.

**Keywords** Single symbol statistics, Lindenmayer system, Reversionary of fractal

## 0 前言

随着信息科学研究的深入开展,分形作为一种重要的角色和思路被广大的研究者所关注,在信息处理和自然描述方面都有着重要的地位<sup>[1~8]</sup>.L系

统作为分形研究的一种手段和分支,目前主要着重于在分形图形等方面的模拟仿真.经过众多研究表明,L系统能够描述许多分形,对各种自然形态和非自然形态(如几何图形)能够很好,且简洁地描述.鉴于L系统基因概念的简单性和直观性,因此L系统对于问题的描述和迭代过程的研究均有着很好的价

基金项目:浙江省教育厅基金项目(20000016)

收稿日期:2001-06-04;改回日期:2001-12-20

值.但是由于 L 系统描述符号串的复杂性以及缺乏应有的迭代统计理论和 L 系统的分形测度等,致使 L 系统的研究目前仅仅停留在对现象的模拟仿真方面<sup>[1-3]</sup>,因此 L 系统的研究难以进一步开展.

L 系统是由一组简单符号基因组  $L = \{J, Z\}$  经过  $n$  次迭代后得到的一串符号串,其中,  $J$  为基本结构,  $Z$  为分枝结构.随着符号解释的不同,它能够表达众多的复杂信息,如图形图象<sup>[1-2]</sup>、电磁场信息<sup>[3]</sup>等. L 系统的反演工作是指假定一串 L 符号串在已经用其他算法获得的情况下(如一幅二值图象可以用支撑树算法来抽取树型特征,并可用 L 符号串加以描述),不仅能从该符号串中搜索出一组基因组,而且该基因组还能够按照 L 系统迭代生长规则来复原原有的 L 符号串.这样得到的基因组显然可以用于 L 系统所表达的信息压缩、识别和相似比较等方面.由此可见, L 系统的反演研究是一个具有广泛潜在应用前景的课题.

本文从纯粹的符号统计入手,力图建立分形迭代过程中符号数目变化的统计关系式.由于 L 系统种类繁多,本文选择简单 L 系统作为研究对象.通过观察单符号在迭代过程中的数目变化,得到了一系列较有价值的统计关系式.在进行反演时,这些关系式作为 L 系统反演的必要条件,可以极大地减少搜索工作量,也可以配合其他算法(如遗传算法)作为搜索评价函数的重要考虑因素,还可以应用于其他需要比较、辨别、相似性测度等方面.本文的研究仅仅基于单个符号在 L 系统迭代中的表现行为(主要是研究在迭代中,不同符号数量的发展变化规律),希望该研究会对相关其他研究起到抛砖引玉的作用.

## 1 简单 L 系统体系结构与基本关系式

由于 L 系统是一个非常灵活的系统,具有极大的多样性和多变性,且任何使用者均可以定义自己的一套描述和迭代符号,因此本文仅仅考虑一类最原始、最简单,也是最具有通用性的 L 系统——OL 系统(本文称简单 L 系统)<sup>[4]</sup>.

所谓简单 L 系统是指如下的产生式迭代体系:定义简单 L 系统为  $L = \{J, Z\}$  经过  $n$  次迭代后产生的符号串,其中,  $J$  和  $Z$  均为由  $\{1, [, ]\}$  3 种符号组成的有序集,而 3 种符号中,只有符号 '1' 才具有迭代替换功能,其他符号仅作为辅助描述功能.此系统

的迭代算法很简单,就是在每次迭代时,把当前的符号串中所有的符号 '1' 替换成单个 Z 符号串,而生成新符号串.

为了描述的方便,本文引进几个统一的标记.

- (1) 标记  $R^{(n)}$  为简单 L 系统经过  $n$  次迭代后得到的符号串, ( $n \geq 0$ , 当  $n = 0$  时,  $R^{(0)} = J$ );
- (2) 标记  $J_1, J_1^1, J_1^2$  代表  $J$  中含有符号 1, [, ] 的个数;
- (3) 标记  $Z_1$  代表  $Z$  中含有符号 [ 的个数;
- (4) 标记  $Z_1^1$  代表  $Z$  中含有符号 ] 的个数;
- (5) 标记  $L_{R^{(n)}}$  代表  $R^{(n)}$  中所有符号的个数;
- (6) 标记  $L_Z$  代表  $Z$  中含有所有符号的个数;
- (7) 标记  $L_J$  代表  $J$  中含有所有符号的个数;
- (8) 标记  $R_Z^{(n)}$  代表  $R^{(n)}$  中含有符号串 Z 的个数;
- (9) 标记  $R_1^{(n)}, R_1^1, R_1^2$  分别代表  $R^{(n)}$  中含有符号 1, [, ] 的个数.

有了这些符号约定,就可以来观察简单 L 系统的迭代行为.首先考察在第  $n$  次迭代后得到的符号串  $R^{(n)}$  中含有符号 1 的个数.按照 L 系统的迭代规则,由于  $R^{(n)}$  是经过把  $R^{(n-1)}$  中所有符号 1 替换成符号串 Z 而来的,因此,在  $R^{(n-1)}$  中符号 1 的个数决定了  $R^{(n)}$  中符号串 Z 的个数,而将符号串 Z 中符号 1 的个数标记为  $Z_1^1$ ,写成数学表达式有

$$R_1^{(n)} = R_1^{(n-1)} \cdot Z_1 = R_1^{(n-2)} \cdot Z_1^2 = \dots = R_1^{(1)} \cdot Z_1^n = J_1 \cdot Z_1^n \quad (1)$$

其中,  $Z_1^n$  代表  $Z_1$  的  $n$  次方.同样的分析,可以得到下列一些简单的关系式

$$R_Z^{(n)} = R_Z^{(n-1)} = J_1 \cdot Z_1^{n-1} \quad (2)$$

$$R_1^{(n)} = R_1^{(n-1)} + R_1^{(n-1)} \cdot Z_1 = R_1^{(n-1)} + J_1 \cdot Z_1 \cdot Z_1^{n-1} \quad (3)$$

$$R_1^{(n)} = R_1^{(n-1)} + R_1^{(n-1)} \cdot Z_1 = R_1^{(n-1)} + J_1 \cdot Z_1 \cdot Z_1^{n-1} \quad (4)$$

$$L_{R^{(n)}} = L_{R^{(n-1)}} + R_1^{(n-1)} \cdot (L_Z - 1) = L_{R^{(n-1)}} + J_1 \cdot (L_Z - 1) \cdot Z_1^{n-1} \quad (5)$$

经过简单的推导,可以得到式(3)、式(4)和式(5)的如下表达式

$$\begin{aligned} L_{R^{(n)}} &= L_J + (L_Z - 1) \cdot J_1 \cdot \frac{Z_1^n - 1}{Z_1 - 1} \Rightarrow L_Z \\ &= \frac{(L_{R^{(n)}} - L_J) \cdot (Z_1 - 1)}{J_1 \cdot (Z_1^n - 1)} + 1 \\ &= \varphi_n \cdot (L_{R^{(n)}} - L_J) + 1 \end{aligned} \quad (6)$$



任何一种取值均可能应用于式(6),例如取 $(n, J_1, Z_1) = (4, 2, 3)$ ,代入式(6),有

$$\varphi_n = \frac{1}{80} \Rightarrow L_Z = \frac{(L_R^n - L_J)}{80} + 1 \leq \frac{322 - 1}{80} + 1 \approx 5$$

上式明确限定了上例中 $L_Z$ 的最长长度,从而有效地缩短了反演搜索的次数。

有了上述的限制,将会极大地加快反演搜索,如在遗传搜索中,如果应用上面的限制,则会带来多方面的搜索简化和加速,故非常有利于搜索的完成。

### 2.3 约束分析3:加快反演搜索串的合适性判断

从上面的分析可见,由于简单L系统还需要多次反演搜索,且每次搜索都需要把取出的字符串S看成符号串Z代入 $R^n$ 中进行反演尝试,而这种反演尝试往往会花费很长时间,因此,本文在反演尝试之前,首先把有关参数代入式(6)、式(7)和式(8),并且只对满足这3式的S串才进行反演尝试,这样就会有效地防止反演不成功的发生,从而极大地加快了反演符号串是否合适的判断。

### 2.4 与其他算法配合应用的相关探讨

由于反演的过程本质上就是一个从一串长字符串中搜索出符合L系统迭代特征的字串,因此可以采用经典的搜索算法进行,但采用这些搜索算法时,可以运用本文得出的关系式来缩小搜索的范围,以减少搜索判断的时间,如采用遗传算法时,则可以充分运用惩罚函数的方法把本文得出的关系式作为惩罚条件来提高遗传评估函数的质量和效率,以便加快搜索。

## 3 结 语

本文在L系统迭代过程中,通过对单个符号每一代出现的数量进行统计性研究后,得出的关系式

(6)~(9)能够很好地减少L系统反演的搜索工作量,对于一个很长的L符号串,从文中的实例可以看出,应用本文的关系式不仅可以很快确定搜索的范围和分枝结构的最大长度及若干特征(如从实例看,可以很快确定 $L_Z, Z_1, Z_1$ 等的最大值),并且可以按照这些关系式来判定待反演的L符号串是否为迭代符号串,如果配合一定的搜索算法,那么本文得出的统计关系式还可以更好地发挥作用,希望本文的研究能够进一步得到深化和扩展。

### 参 考 文 献

- 1 武伟,刘洪斌. L系统的植物计算机模拟[J]. 西南农业大学学报,1999,21(3):292~294.
- 2 王方石. L系统在植物模拟中的应用[J]. 北方交通大学学报,1998,22(3):45~48.
- 3 张超谟. Morif环境下生成的L系统分形曲线程序设计[J]. 计算机应用研究,1998,15(1):42~45.
- 4 李富平,蔡秀云. 基于迭代函数的图象生成方法的实践与认识[J]. 计算机辅助设计与图形学学报,1999,11(1):82~84.
- 5 常杰,陈刚,葛莹. 植物形态结构定量研究的新方法——分形模拟[J]. 植物学通报,1996,13(2):57~62.
- 6 陈国良等. 遗传算法及其应用[M]. 北京:人民邮电出版社,1996.
- 7 Lindenmayer A. Mathematical models for cellular interaction in development. Parts I and II [J]. Journal of Theoretical Biology, 1968,16(2):280~315.
- 8 王显德,罗贤云,陈菊花等. 基于倾斜地面上分形树的电磁散射研究[J]. 电子学报,1999,27(9):48~51.



叶庆卫 1970年生,硕士,讲师。主要研究方向为分形理论与应用、人工智能、数字图象。