
4 Prozedurale Modellierung

Einzelpflanzen werden programmiert

Die computergestützte Simulation natürlicher Wachstumsprozesse fand schon ab 1966 statt, das war in etwa der Zeitpunkt, an dem einer breiteren Schicht von Forschern Rechner zur Verfügung standen. So genannte zelluläre Automaten, ein einfaches Rechenmodell, das John von Neumann (1903-1957) schon in den fünfziger Jahren des zwanzigsten Jahrhunderts entwickelt hatte, wurden ab 1966 von Stanislaw Ulam zur Herstellung von Verzweigungsmustern verwendet. Das erste kontinuierlich wachsende Pflanzenmodell mit relativ realistisch aussehender Verzweigungsstruktur veröffentlichte Dan Cohen im Jahre 1967.

Der nächste wesentliche Schritt erfolgte durch Aristid Lindenmayer (1925-1989), der im Jahre 1968 Textersetzungssysteme zur Beschreibung zellulärer Interaktion verwendete und über den Mechanismus auch verzweigende Strukturen erzeugte. Hashimoto Honda stellte 1971 das erste parametrisierbare Modell zur Herstellung eines dreidimensionalen Baumskeletts vor.

Breitere Aufmerksamkeit jenseits spezialisierter Botaniker fand die Erzeugung von Pflanzen aber erst Anfang der achtziger Jahre. Bedingt durch die steigende Rechnerleistung wurde das Modellieren komplexer verzweigender Strukturen möglich, die echten Pflanzen wirklich ähnlich sahen. Parallel dazu erlaubte die stetig steigende Graphikleistung der Rechner die Darstellung einer zunehmenden Anzahl von Pflanzen in Kombination mit anderen synthetischen Objekten, was ihren Einsatzbereich zum Beispiel in Computeranimationen vergrößerte.

Bis heute entstand eine Vielzahl unterschiedlicher Methoden. Sie wird im Folgenden in prozedurale und regelbasierte Verfahren eingeteilt. Erstere sind parametrisierbare Algorithmen, die zur Erzeugung einer Art von Pflanzen – oft auch nur einer einzigen Spezies – entwickelt werden. Letztere verwenden ein Regelsystem, welches aus einem Initialzustand über Anwendung von Regeln einen komplexen Endzustand erzeugt.

Natürlich kann man die Vielzahl der Verfahren auch auf andere Weise unterteilen. So unterscheidet Prusinkiewicz [162] strukturorientierte und raumorientierte Modelle. Die erste Klasse ist charakterisiert durch die Annahme, dass Wachstum durch endogene, in der Wachstumsstruktur verankerte Mechanismen gesteuert wird, während die zweite Klasse auch die Interaktion zwi-

schen parallel wachsenden Teilstrukturen einbezieht, also externe, raumbezogene Einflüsse berücksichtigt [166]. Die hier gewählte Einteilung in prozedurale und regelbasierte Methoden wird dagegen verwendet, weil die Synthese beider Verfahrensklassen in die Entwicklung einer neuen Methode mündet, die in Kapitel 6 vorgestellt wird. Die so genannte regelbasierte Objekterzeugung kombiniert Komponenten mit prozeduralen Elementen über einen einfachen Regelmechanismus und ist auf diese Weise flexibel und intuitiv. In diesem Kapitel werden aber zunächst die wichtigsten prozeduralen Verfahren vorgestellt, bevor in Kapitel 5 auf regelbasierte Ansätze eingegangen wird.

Die prozeduralen Verfahren zur Pflanzenerzeugung werden hierbei chronologisch aufgezählt. Ausgehend von den ersten Modellen lässt sich die Spur stetiger Verbesserungen durch die verschiedenen Arbeiten hindurch verfolgen, bis zu den heute aktuellen Modelliermethoden, die schon relativ realistisch aussehende Pflanzen erzeugen können.

4.1 Zelluläre Automaten

von Neumann →

Stanislaw Ulam [218] arbeitete mit von Neumann zusammen und wurde durch dessen Konzept der zellulären Automaten [146] inspiriert. Der Raum – entweder ein beliebig dimensionaler abstrakter Raum oder für botanische Simulationen der gewöhnliche zwei- oder dreidimensionale Raum – wird hierfür vollständig in Zellen gleicher Form unterteilt.

Neben der Aufteilung in Würfel können, Dreiecke, Tetraeder oder auch andere Grundobjekte verwendet werden. Jede der so gewonnenen Zellen hat eine Anzahl fest definierter Nachbarn. Nun wird jeder Zelle ein Zustand zugewiesen, der im Verlauf eines iterativen Verfahrens in Abhängigkeit vom Zustand der jeweiligen Nachbarzellen verändert wird. Auf diese Weise lassen sich auch Wachstumsvorgänge simulieren. Hierzu erhalten beispielsweise alle Zellen am Anfang den Zustand „unsichtbar“ und werden im Verlauf der Simulation Stück für Stück sichtbar gemacht.

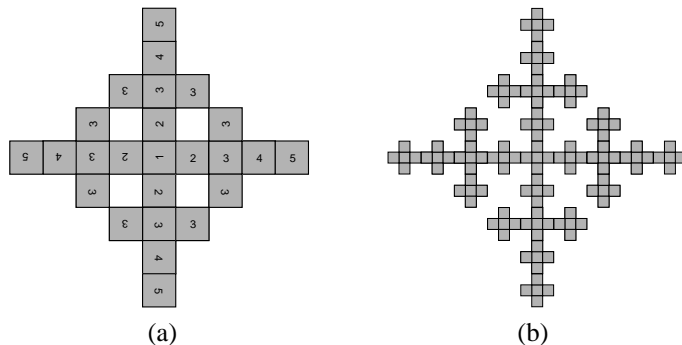


Abbildung 4.1
Diskrete Verzweigungsmuster nach
Ulam: a) einfaches Muster mit
Darstellung der Generationen;
b) komplexeres Verzweigungsmuster

Ein einfaches Beispiel verwendet quadratische Zellen. Die Wachstumsvorschrift schaltet von einer Anfangszelle ausgehend alle Nachbarn an, mit Ausnahme

derjenigen, die von zwei oder mehr bereits angeschalteten Zellen berührt werden. In Abb. 4.1(a) ist das entstehende Muster zu sehen. Eine Modifikation der Regel lässt die erste Verzweigungsstruktur entstehen, sie ist in Abb. 4.1(b) dargestellt. Hierbei werden diejenigen Zellen von der Anschaltung ausgenommen, die von einer im selben Schritt anzuschaltenden Zelle berührt würden. Später weitet Ulam das Verfahren auf andere zelluläre Grundobjekte aus und erhält auf diese Weise eine Anzahl unterschiedlicher Verzweigungsmuster.

Erweiterungen dieses Konzepts für Verzweigungsstrukturen erfolgen später auch durch Meinhardt [136], der hiermit die Bildung von netzartigen Strukturen untersucht, und durch Greene (siehe Abschnitt 4.12), der ein dreidimensionales Modell für das Wachstum von Kletterpflanzen benutzt.

4.2 Ein erstes kontinuierliches Modell

Unabhängig von den diskreten zellulären Automaten implementiert der Botaniker Dan Cohen erste prozedurale Verfahren zur Modellierung von Verzweigungsstrukturen [28]. Für jedes Verzweigungsmuster wird ein Fortran-Programm mit einer Menge einfacher Wachstumsvorschriften implementiert.

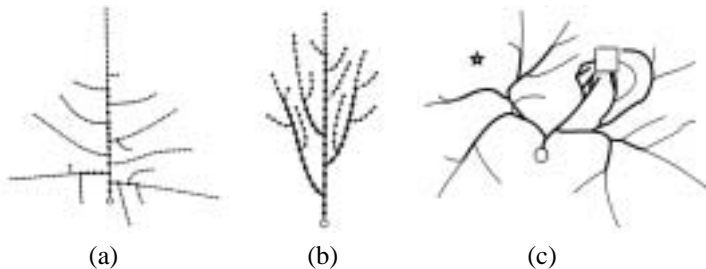


Abbildung 4.2

Kontinuierliche Verzweigungsstrukturen nach Cohen:

- a) Einschränkung der Verzweigung durch Abstand zum Zweigende;
 - b) vertikale Ausrichtung des Wuchses;
 - c) Einsatz eines Attraktors (Quadrat) und eines Inhibitors (Kreis)
- (Bild: D. Cohen)

Obwohl auf diese Art für jede Struktur ein neuer Algorithmus programmiert wird – man hat es mit einem typischen prozeduralen Ansatz zu tun – bestimmen drei relativ einfache Regeln das Wachstum und die Verzweigungsbildung in einer Struktur:

- Das Wachstum findet nur an den Spitzen der Äste statt, d.h., der biologische Mechanismus des Sprosses wird direkt nachgebildet.
- Stärke und Winkel des Wuchses werden durch die aktuelle Richtung, ein lokales Dichtefeld, dessen Gradienten sowie die Resistenz der Struktur gegen Winkelveränderungen bestimmt.
- Die Verzweigungstendenz wird durch ein probabilistisches Maß bestimmt, das neben einem generellen Wert von der Entfernung zur letzten Verzweigung und vom lokalen Dichtefeld abhängt.

Das Modell wird durch eine Folge diskreter Abschnitte aufgebaut, die nach obigen Regeln ausgerichtet werden. In Abb. 4.2 sind drei Verzweigungsstrukturen

ren zu sehen, die durch Anwendung unterschiedlicher Regeln hergestellt wurden. Die Wirkung von Verzweigungsrestriktionen ist in Abb. 4.2(a) zu sehen, Abb. 4.2(b) demonstriert die Möglichkeiten der räumlichen Ausrichtung, in Abb. 4.2(c) wird der Einsatz von Attraktoren und Inhibitoren dargestellt.

Der Ansatz umfasst auch die Änderung von Parameterwerten über die Verzweigungsordnung hinweg, dies erlaubt überhaupt erst eine visuelle Differenzierung in Verzweigungsordnungen und wird in vielen der nachfolgenden Arbeiten eingesetzt. Obwohl das Verfahren keine regelbasierte Methode ist, wird hier schon auf die Mächtigkeit von Regelsystemen hingewiesen und auf die Rolle, die diese Verzweigungsstrukturen für die Botanik spielen können.

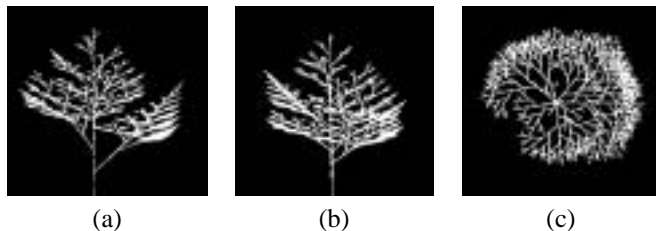
4.3 Dreidimensionale prozedurale Modelle

Honda [93] sowie Fisher und Honda [60, 61] simulieren, ebenfalls von botanischem Hintergrund kommend, die Verzweigungsstruktur von Bäumen und anderen Pflanzen über ein weiteres prozedurales Modell. Hier entstehen zum ersten Mal dreidimensionale Baumskelette, die Bilder erhält man durch Projektion der 3D-Daten auf eine Betrachtungsebene. Das Modell ist allerdings immer noch relativ einfach aufgebaut:

binäre Verzweigung →

- Die Internodien sind gerade, ihre Dicke wird nicht beachtet. Die Geometriedaten bestehen daher auch nur aus Liniensegmenten, dem Geometrielement, das zu dieser Zeit von den Monitoren unterstützt wurde.
- Die Verzweigung geschieht binär, die Länge der verzweigenden Segmente (Kindsegmente) ist über zwei Verhältniszahlen r_1 und r_2 auf die Länge des Vatersegments bezogen.
- Vatersegment und die beiden Kindsegmente liegen in einer Ebene, die Kindsegmente haben einen konstanten Verzweigungswinkel. Ausnahme bilden die Abzweigungen vom Hauptstamm, bei welchen Divergenz zugelassen wird.
- Die Verzweigung nimmt in diskreten Schritten mit jeder Verzweigungsordnung zu. Auch dies ist direkt von der Natur übernommen und kann an den meisten Baumskeletten beobachtet werden.

Abbildung 4.3
Verzweigungsstruktur nach Honda:
a) Projektion auf xz -Ebene; b) auf
 yz -Ebene; c) auf xy -Ebene
(Bild: H. Honda)



Trotz der einfachen Vorgehensweise entstehen mit dem Modell realistisch wirkende Baumskelette (siehe Abb. 4.3), die durch ihre Dreidimensionalität beliebig am Bildschirm gedreht werden können.

Nachdem zur gleichen Zeit erste realistisch wirkende Pflanzen mit Textersetzungs-systemen erzeugt wurden, treten für die Computergraphik zunehmend Modellieraspekte in den Vordergrund. So stellt sich beispielsweise die Frage, wie effizient eine bestimmte, konkret vorgegebene Verzweigungsstruktur herstellbar ist und welche Vielfalt sich mit einer bestimmten Modelliermethode mit welchem Aufwand erzeugen lässt.

Aono und Kunii [5] implementieren und erweitern für diesen Zweck das von Honda [93] eingeführte Verfahren. Hauptaugenmerk liegt aber jetzt auf der Modellierung von Verzweigungen. Die erweiterte Methode hat die folgenden Eigenschaften:

- Verzweigung geschieht durch Bifurkation, die damit modellierten Bäume haben monopodiale oder sympodiale Form.
- Länge und Durchmesser der verzweigenden Äste nehmen mit konstantem Faktor ab, die Verzweigungswinkel bleiben konstant über alle Verzweigungsstufen.
- Die beiden verzweigenden Äste liegen in der Ebene, die durch den Vater und seinen maximalen Gradienten aufgespannt wird.
- Die Verzweigung geschieht simultan an allen Enden der Zweige.

In Abb. 4.4(a) sind die Parameter des Modells wiedergegeben. Die meisten Elemente dieses Verzweigungsmodells werden in den späteren Ansätzen verwendet, wenn auch mit Erweiterungen und Modifikationen.

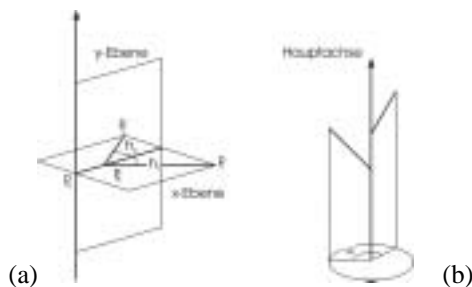


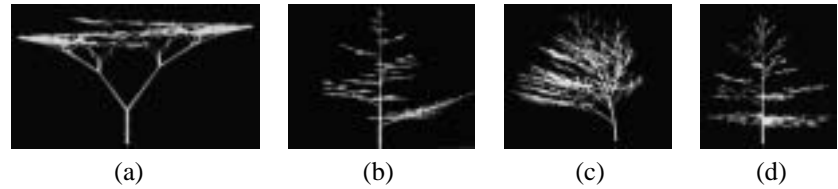
Abbildung 4.4
Parameter im Modell von Aono und
Kunii a) Parametrisierung von Ästen;
b) Divergenzwinkel

Trotz des relativ festgelegten Modells lassen sich hiermit eine Reihe interessanter, und wie auch in [5] statistisch belegt, realistischer Verzweigungsformen erzeugen. Insbesondere können die verschiedenen Arten der Phyllotaxis modelliert werden. In Abb. 4.5(a) und (b) sind zwei Beispiele für Verzweigungsstrukturen abgebildet, die mit dieser Methode erzeugt wurden.

Die Autoren erweitern außerdem ihr Grundmodell in mehrfacher Hinsicht, so werden Attraktoren und Inhibitoren eingeführt, um Modelle zu biegen und da-

Abbildung 4.5

Verzweigungsstrukturen, erzeugt von Aono und Kunii: a) $h_1 = 35^\circ$, $h_2 = -35^\circ$; b) $h_1 = 0^\circ$, $h_2 = -70^\circ$ (monopodial); c) Einsatz eines Inhibitors, nichtuniformes Modell; d) variierender Verzweigungswinkel (Bilder: M. Aono, T.L. Kunii)



Die erzeugten Verzweigungsstrukturen sind beeindruckend in ihrer Vielfältigkeit und natürlichen Wirkung. Auf geometrische Aspekte wird kein besonderer Wert gelegt. So werden Blätter beispielsweise nur rudimentär angedeutet und die Geometrie von Stamm und Ästen nur durch Liniensegmente unterschiedlicher Dicke dargestellt.

L-Systeme →

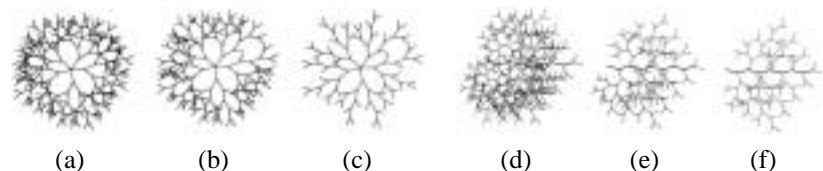
Aono und Kunii kritisieren in diesem Zusammenhang die zum gleichen Zeitpunkt populär werdenden L-Systeme wegen deren Unhandlichkeit und der Tatsache, dass diese nicht in der Lage seien, all die Regulationen durchzuführen, die zur Herstellung der eigenen Modelle notwendig sind. Prusinkiewicz und Lindenmayer widerlegen dies später in [167], indem sie, insbesondere durch die Verwendung parametrischer L-Systeme, ähnliche Verzweigungsformen herstellen.

4.4 Regulation der Verzweigungsbildung

Zehn Jahre nach ihren ersten Arbeiten untersuchen Honda et al. [94], wie sich durch Regulationsmechanismen der Verzweigungsvorgang steuern lässt. So kommen bei manchen Pflanzen mit dichten Verzweigungsstrukturen keinerlei Überlappungen der Äste vor, es muss also einen Mechanismus geben, der dies durch lokale Steuerung verhindert. Die Simulation einer solchen lokalen Regulation ist das Ziel dieser Arbeit.

Abbildung 4.6

Verzweigungsbildung bei *Terminalia catappa* nach Honda: a) $r = 0$; b) $r = 0, 3$; c) $r = 0, 5$; Einfluss unterschiedlicher Verteilung von Wachstumsraten: d) $f_2 = 1$; e) $f_2 = 0, 9$; e) $f_2 = 0, 667$ (Bild: H. Honda)



Die betrachteten Modelle sind hier zweidimensional, es werden zwei Arten der Regelung untersucht: Im ersten Modell wird die rein sympodiale Verzweigung nur dann ausgeführt, wenn in einen um den Verzweigungspunkt gezogenen Kreis keine anderen Äste hineinragen. Der Kreis hat hierbei eine konstante Größe über verschiedene Verzweigungsordnungen hinweg, je nach einge-

stellem Radius entstehen unterschiedliche Verzweigungsmuster wie in Abb. 4.6(a)-(c) gezeigt. Das zweite Verfahren untersucht hingegen, wie sich eine Verzweigungscharakteristik ändert, wenn bei einer Verzweigung die Nachfolgeäste unterschiedliche Wachstumsraten (Flow-Rates) erhalten. Diese Raten geben an, wie viel Material zum Aufbau der Pflanze in die beiden Äste jeder Verzweigung gehen. Auf diese Weise kann baumförmiges Wachstum simuliert werden. Es werden zwei Wachstumsraten $f_1, f_2 \in [0..1], f_1 + f_2 = 1$ vorgegeben. Während des Wachstums werden diskrete Quantitäten an Material entsprechend der Werte auf die Äste verteilt. Ergebnisse sind in Abb. 4.6(d)-(f) zu sehen.

In diesem Fall hat man es mit einem typischen Vertreter exogener Verfahren zu tun, in denen Wachstum durch externe Faktoren bestimmt wird und die demzufolge entsprechende Datenstrukturen besitzen müssen, um räumliche Interaktionen effizient zu unterstützen, zumindest wenn man es mit komplexen Verzweigungsstrukturen zu tun hat. Im vorliegenden Fall war das aufgrund der einfachen Modelle noch nicht nötig.

4.5 Darstellung über Partikelsysteme

Die Arbeiten von Reeves [171] sowie Reeves und Blau [172] zeigen im Vergleich zu den bisherigen Arbeiten auf anschauliche Weise, mit welcher unterschiedlichen Motiven man sich der Modellierung von Pflanzen nähern kann.

Reeves, bei Lucasfilm angestellt, benötigt eine schnelle, relativ realistisch wirkende Methode, um Bewuchs wie Wald oder Wiesen darzustellen. Die botanische Korrektheit der Modelle ist in diesem Falle nicht wichtig, einzig die Gesamterscheinung muss realistisch wirken. Dies ist, wie schon in der Einleitung angesprochen, bei vielen computergraphischen Anwendungen eine legitime Entscheidung, da oftmals nur eine Illusion für einen bestimmten Zweck erzeugt werden soll.

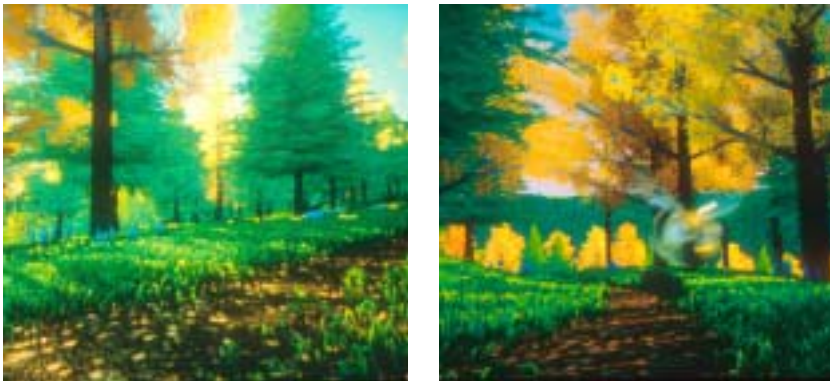


Abbildung 4.7
Strukturierte Partikelsysteme erzeugen die Form von Bäumen und Gräsern (Bilder: W. Reeves)

Ein Resultat dieser Anforderung ist ein primitives Verzweigungsmodell, bei dem über einen rekursiven Algorithmus Äste erzeugt und am Stamm ange-

bracht werden. Hierbei wird im Wesentlichen nur die globale Form des Baumes vorgegeben. Da der Algorithmus jedoch nur sehr regelmäßige Verzweigungen erzeugt – wie im Übrigen auch alle anderen bisherigen Verfahren – werden Zufälligkeiten nachträglich eingebaut. Ist ein erzeugter Ast klein genug, werden Partikel in Form kleiner farbiger Kugeln daran angebracht.

Die Ergebnisse sind überraschend realistisch, insbesondere im Endergebnis der Arbeiten, dem Film „The adventures of André and Wally B.“ [123]. Der wesentliche Grund für diesen Eindruck ist sicher die perfekte Farbgebung der Modelle in Kombination mit ausgefeilten Schattierungsverfahren, die ebenfalls in [172] beschrieben sind.

4.6 Ein fraktales Baummodell

Selbstähnlichkeit →

Inspiriert durch die Entdeckung der Fraktale und die Arbeiten von Mandelbrot [125, 126] befassen sich Mitte der achtziger Jahre eine Reihe von Computergraphikern mit fraktalen Erzeugungsprozeduren für natürliche Objekte. Diese Prozeduren sind aufgrund der Selbstähnlichkeit fraktaler Objekte meist rekursiver Natur, da dies ein einfacher Weg zur Erzeugung von Selbstähnlichkeit darstellt.

Bei einer rekursiven Prozedur wird das Herzstück der Berechnung immer wieder durch sich selbst aufgerufen, so benutzt der Algorithmus von Oppenheimer [150] zur Erzeugung der Verzweigung entlang eines Stammes sich selbst, um die Generierung der kleineren Zweige entlang der großen Zweige zu ermöglichen. Dies kann beliebig fortgesetzt werden, um immer feinere Verästelungen entstehen zu lassen, in der Praxis wird aber nach einer gewissen Anzahl von Verzweigungen abgebrochen.



Abbildung 4.8
Fraktales Baummodell
(Bild P. Oppenheimer)

Oppenheimer legt besonderen Wert auf eine schnelle Darstellung, um die individuelle Parametrisierung des Modells zu erleichtern. Im Gegensatz zu Reeves und Blau wird die Verzweigungsstruktur detailliert modelliert und muss daher entsprechend fein parametrisiert sein. Auch werden hier erstmals gebogene Teilstücke verwendet, um Stamm und Äste realistischer aussehen zu lassen.

Eine der Hauptaussagen des Artikels beschreibt die Relation von Geometrie und Topologie von Bäumen für Zwecke der graphischen Darstellung: „... the key to realistic modeling, the diversity of trees, lies in controlling the geometric interpretation. Many different topologies were used in this project. But varying the geometric interpretation of a single topology, one could still generate a wide variety of trees each with its own distinct taxonomic identity.“ Also liegt auch hier der Fokus primär auf der visuellen Darstellung, diesmal insbesondere auf der detaillierten Verzweigungsstruktur.

Im Gegensatz zu Aono und Kunii [5] verwendet Oppenheimer ein einfaches monopodiales Verzweigungsmodell mit Parametern für Verzweigungswinkel, Verhältnis der Größe von Vater- und Kindzweigen, Grad der Verjüngung entlang Stamm und Ästen, Anzahl Zweige pro Stammsegment sowie Deviationswinkel.

In der folgenden Generierungsprozedur werden, ähnlich wie bei Reeves und Blau¹ über einen rekursiven Algorithmus die Segmente des Stamms und der Äste erzeugt. Obige Parameter sorgen innerhalb der Transformationen dafür, dass natürliche Formen entstehen. Im Pseudocode ist der Algorithmus wie folgt formuliert:

Algorithmus 4.1: *p*

```
procedure fractaltree()  
  begin  
    Zeichne aktuelles Astsegment  
    if klein genug /* Abbruchkriterium */  
      then Zeichne Blatt  
        else begin  
          Transformiere für aktuellen Ast  
          fractaltree()  
          repeat n mal  
            begin  
              Transformiere für Verzweigung  
              fractaltree()  
            end  
          end  
        end  
  end
```

Um die strikte Selbstähnlichkeit eines rekursiv aufgebauten Baumes zu durchbrechen, verwendet Oppenheimer Zufallsparameter, die er jeweils in Abhängigkeit eines gegebenen Mittelwertes und einer gegebenen Standardabweichung variiert. Der Stamm und die Äste werden als generalisierte Zylinder über die Verbindung der einzelnen Segmente modelliert. Das realistische Aussehen der Rinde wird durch eine horizontal verlaufende Sägezahnfunktion erzeugt. Diese

← generalisierte Zylinder

¹Hier muss angemerkt werden, dass in [172] keine Beschreibung des eigentlichen rekursiven Verfahrens gegeben wird, sondern nur eine grobe Motivation mit der Berechnung der entsprechenden Parameter.

produziert ein vertikales Streifenmuster, welches durch Addition einer Rauschfunktion moduliert wird, um die Unregelmäßigkeiten der Rinde nachzubilden. Das hier verwendete Brown'sche Rauschen wird in Kapitel 7 näher behandelt, wo es zur Erzeugung von Terrain verwendet wird, einem weiteren natürlichen Objekt mit fraktalen Eigenschaften.

In Abb. 4.8 ist ein Ergebnis der rekursiven Prozedur zu sehen. Oppenheimer behauptet, Bäume dieser Komplexität durch Einsatz eines Evans & Sutherland-Graphikrechners selbst schon zur damaligen Zeit in Echtzeit dargestellt zu haben.

4.7 Geometrisches Modellieren

Bloomenthal [17, 18] widmet sich fast ausschließlich den geometrischen Modellieraspekten bei der Erzeugung von Bäumen. Die Verfahren werden an einem Baumbeispiel demonstriert, wobei die Verzweigungsstruktur durch einen rekursiven Algorithmus erzeugt wird, dessen Details leider nicht preisgegeben werden. Die mit dem Verfahren erzeugten Kontrollpunkte werden über Spline-Interpolation stetig verbunden. Die Oberfläche wird erzeugt, indem senkrecht zum Spline kreisförmige Scheiben angeordnet und verbunden werden.

Spline-Interpolation →

Es ergeben sich oftmals Schwierigkeiten, die Verzweigungen natürlich aussehen zu lassen, wie bei Oppenheimer noch gut zu erkennen ist (Abb. 4.8). Bloomenthal konstruiert deshalb sattelförmige Flächen zwischen den beiden verzweigenden Strängen, welche die natürliche Verzweigung gut nachbilden. In Abb. 4.9(b) ist dies zu sehen.



(a)

(b)

Abbildung 4.9
Prozedurales Baummodell mit akurater
Darstellung von Rinde, Wurzeln und
Verzweigungen
(Bilder: J. Bloomenthal)

„blob“ →

Ergänzend schlägt Bloomenthal eine Modellierungsmethode für den Wurzelbereich unter Verwendung von so genannten „blobs“ vor (vgl. [16]). Hierbei wird eine Oberfläche über die Punktmenge definiert, die einen gegebenen Abstand zu einem geometrischen Objekt oder einer Menge von Objekten hat.

Einfaches Beispiel ist eine Kugel, deren Oberflächenpunkte alle denselben Abstand vom Mittelpunkt besitzen und über die Kugelgleichung

$$R = x^2 + y^2 + z^2 \quad (4.1)$$

beschrieben werden. Alle Punkte, für die obige Gleichung gilt, befinden sich auf einer Kugeloberfläche mit Radius R um den Nullpunkt.

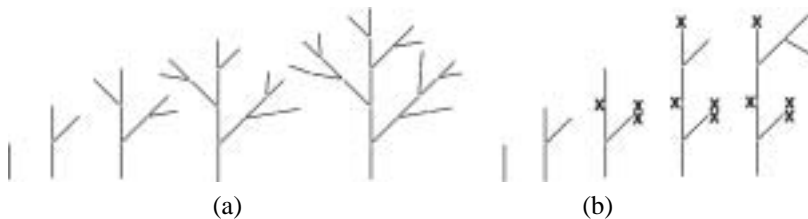
Für die Modellierung der Zweige und Wurzeln sind die Objekte zur Definition der Oberfläche die Skelettkurven der Wurzeln, die im unteren Stammbereich auseinander laufen (siehe Abb. 4.9(b)) und auf diese Weise den Wurzelbereich definieren. Die Rinde wird durch Bump-Mapping mit einer Textur dargestellt, die aus echter Rinde gewonnen wurde. Das Ergebnis sieht sehr realistisch aus, die Verfahren können ohne weiteres auf andere Bäume übertragen werden.

4.8 Ein Ansatz über Knospung

Ein an botanischen Wachstumsregeln orientierter Ansatz stammt von De Reffye et al. [32]. Die Autoren simulieren das Wachstum der Sprossachsen in diskreten Zeitschritten von Knoten zu Knoten. Entlang eines Sprosses wird auf diese Weise Internodium an Internodium gesetzt, Verzweigungen und Blätter werden erzeugt, der Spross kann ruhen oder absterben. Die Zeitschritte sind hierbei innerhalb der Äste einer Ordnung festgelegt, Äste höherer Ordnung können aber durchaus mit größerer Geschwindigkeit wachsen als solche mit niedriger Ordnung.

Jede Knospe trägt mehrere Wahrscheinlichkeiten in sich: die Wahrscheinlichkeit abzusterben, die Wahrscheinlichkeit, einen Zeitschritt auszusetzen, sowie die Wahrscheinlichkeit, sich zu verzweigen. Hier hat man es also wieder mit einem zufallsgesteuerten Modell zu tun, diesmal aber mit viel stärkerem Einflussbereich des Zufalls, da weitreichende strukturelle Eigenschaften verändert werden können. Einen ähnlichen Ansatz mit größeren Zeitschritten wählen Remphrey et al. [173, 174] zur Modellierung und architektonischer Analyse verschiedener Pflanzen.

In Abb. 4.10 ist der Verlauf der zufallsgesteuerten Wachstumssimulation nach de Reffye et al. für zwei unterschiedliche Parametersätze angegeben. Kreuze markieren hierbei schon abgestorbene Sprosse.



← zufallsgesteuerte Methode

Abbildung 4.10
Wachstumsvorgang über Knospung:
a) Wahrscheinlichkeit für Absterben und Aussetzen gleich null;
b) Wahrscheinlichkeit für Absterben ungleich null, Wahrscheinlichkeit für Aussetzen gleich null

Für die Modellierung eines Baumes müssen demnach folgende Parameter vorgegeben sein: Alter des Baumes, Wachstumsgeschwindigkeiten der Äste ver-

schiedener Ordnungen, Anzahl möglicher Knospen pro Knoten in Abhängigkeit der Ordnung sowie die Wahrscheinlichkeiten für Absterben, Aussetzen, Verzweigen. Der Pseudocode für die diskrete Simulation lässt sich wie folgt formulieren:

Algorithmus 4.2:

procedure budtree()

```
begin  
  for jedes Zeitsignal do  
    begin  
      for jede noch lebende Knospe do  
        begin  
          if Knospe stirbt nicht und setzt nicht aus then  
            begin  
              generiere Internodium  
              generiere apikales Blatt  
            end  
            for jede in Frage kommende Knospe do  
              begin  
                if Knospe verzweigt then  
                  bilde Verzweigung  
                end  
              end  
            end  
          end  
        end  
      end  
    end  
  end
```

Die Modelle werden in einer Bibliothek von Pflanzenalgorithmen dem Benutzer zur Verfügung gestellt. Das kommerziell vertriebene Produkt (siehe auch www.bionatics.com) beinhaltet eine größere Anzahl verschiedener Spezies, die beim Einsatz vom Benutzer über das Alter und die Wuchsstärke parametrisiert werden können.



Abbildung 4.11
Ergebnisse botanisch motivierter
Wachstumsmodelle
(Bilder: P. de Reffye)

Neben den bereits erwähnten botanischen Wachstumssimulationen ist das Verfahren von de Reffye et al. in der Lage, anatomisch korrektes Wachstum zu ermöglichen, obwohl die Autoren dies in [32] nicht durchführen. Die Animation ist außerdem in der präsentierten Form des Algorithmus auf diskrete Zeitschritte festgelegt und muss durch geeignete Interpolationsmethoden ergänzt werden, um gleichmäßige Animationen zu erlauben.

4.9 Eine kombinatorische Methode

Abschnitt 4.9

EINE KOMBINATORISCHE METHODE

In Abschnitt 3.2 wurde bereits auf die Strahler-Analyse von Bäumen und anderen Netzwerken eingegangen. Vannimenus und Viennot [220] sowie Viennot et al. [223] erweitern diese Beschreibung mit dem Ziel, einen kombinatorischen Mechanismus zur Erzeugung von Verzweigungsstrukturen zu gewinnen. Auch hier wird also ein zufallsgesteuerter Algorithmus verwendet, dieser ist allerdings im Gegensatz zu den früheren Verfahren mit einem komplexen statistischen Modell der Verzweigungsstruktur als Ganzes unterlegt.

Mit dieser Verfahrensweise umgeht man teilweise das Problem, das Aussehen des Baumes ausschließlich über lokale Regeln definieren zu müssen, stattdessen hat man einen Mechanismus, der die Topologie des gesamten Baumes verändern kann, was bei den vorangehenden Methoden nicht oder nur eingeschränkt möglich war.

Für die Analyse einer Verzweigungsstruktur weist die Strahler-Analyse jedem Knoten und jeder Kante in einem Baum eine Zahl zu: deren Ordnung. Viennot et al. erweitern diese Nummerierung zu einer Biordnung, welche ein Zahlenpaar (c, d) pro Knoten speichert. Ist k die Strahler-Ordnung des Vaters und i und j die der Söhne, so ist

$$\begin{aligned} c = k, d = i & \quad \text{wenn } j = k \text{ und } i < k \\ c = d = k - 1 & \quad \text{sonst } (i = j = k - 1). \end{aligned}$$

← Strahler-Analyse

Die Biordnung stellt also ein Maß für einen Knoten dar, in das die Ordnungen beider Söhne eingehen. Der Parameter c enthält hierbei immer den größeren der beiden Strahlerwerte und d den kleineren. Man erhält ein Maß für die Art der Verzweigung bzw. für die Struktur des daran hängenden Teilbaums im Sinne der Strahler-Ordnung.

← Biordnung

Im nächsten Schritt wird für alle Knoten mit einer Strahlerzahl die Wahrscheinlichkeit festgestellt, mit der sie eine bestimmte Biordnung haben. Diese Wahrscheinlichkeiten werden in den Zeilen der Verzweigungsmatrix P gespeichert. Hierzu werden für den Baum Stück für Stück die folgenden Werte berechnet:

- a_k Anzahl Knoten mit Horton-Strahler-Ordnung k $k \geq 2$
- $b_{k,i}$ Anzahl Knoten mit Biordnung (k, i) $1 \leq i < k$
- $b_{k,k}$ Anzahl Knoten mit Biordnung $(k - 1, k - 1)$ $k \geq 2$
- $p_{kj} = b_{k,j}/a_k$ $1 \leq i \leq k$

Die entstehenden Verzweigungsmatrizen haben charakteristische Formen für verschiedene Arten von Bäumen. Ein perfekt verzweigender binärer Baum hat

folgende Verzweigungsmatrix (die erste Zeile mit $p_{1,1} = 1$ wird jeweils weggelassen):

$$P_{perfekt} = \begin{pmatrix} 0 & 1 & & & \\ 0 & 0 & 1 & & \\ 0 & 0 & 0 & 1 & \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots \end{pmatrix}$$

Zufällige Binärbäume mit n Knoten haben für größere Knotenzahlen statistisch gesehen die folgende Verzweigungsmatrix:

$$P_{zufall} = \begin{pmatrix} 1/2 & 1/2 & & & \\ 1/2 & 1/4 & 1/4 & & \\ 1/2 & 1/4 & 1/8 & 1/8 & \\ 1/2 & 1/4 & 1/8 & 1/16 & 1/16 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots \end{pmatrix}$$

Selbstähnliche Verzweigungsstrukturen, wie die schon in Abschnitt 3.3 angesprochenen Farne, besitzen aufgrund der Definition der Biordnung gleiche Zeilen, die um jeweils eine Spalte nach rechts verschoben sind.

$$P_{Farn} = \begin{pmatrix} 1 - 1/p & 1/p & & & \\ 0 & 1 - 1/p & 1/p & & \\ 0 & 0 & 1 - 1/p & 1/p & \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots \end{pmatrix}$$

Zur Herstellung einer Verzweigungsstruktur wird aus einer gegebenen dreiecksförmigen $(s - 1) \times s$ Verzweigungsmatrix R und gegebenen $S \leq s$ per Zufallsprozess ein Binärbaum T_n mit Strahlerzahl S erzeugt, dessen Verzweigungsmatrix ähnlich zu R ist.



Abbildung 4.12
 Kombinatorischer Aufbau von Bäumen
 (Bild: X. Viennot, G. Eyrolles,
 N. Janey, D. Arques)

Der Algorithmus erzeugt hierfür aus einem Startbaum T_1 , welcher nur die Wurzelkante mit der Strahler-Ordnung S enthält, nach und nach die Teilbäume T_n .

Algorithmus 4.3:

```
procedure kombitree()  
  begin  
    erzeuge  $T_1$   
     $n = 1$   
    repeat  
      Wähle terminale Kante aus  $T_n$  mit Strahler-Ordnung  $k > 1$   
      Verzweige von dieser Kante und gebe den Kindkanten Ordnungen  
       $k$  und  $i$  entsprechend der Wahrscheinlichkeiten für die  
      Biordnung der Kanten dieser Ordnung in der Verzweigungsmatrix  
       $T_{n+1} = T_n$   
    until für alle terminalen Kanten von  $T_{n+1}$  gilt:  $k = 1$   
  end
```

Welche der beiden Kindkanten in Algorithmus 4.3 bei der Verzweigung die Ordnung k und welche i erhält, wird entweder zufällig entschieden oder alternierend bzw. einseitig festgelegt.

Zur Herstellung der Geometrie werden die Astdicken und Verzweigungswinkel aus der Ordnung bzw. der Biordnung der Verzweigungen errechnet. Die Ergebnisse sind nicht spektakulär (siehe Abb. 4.12), die Methode verdient aber wegen ihrer Herangehensweise Beachtung.

4.10 Bäume aus Strängen

Leonardo da Vinci äußerte die Vermutung, dass für Bäume in einer Astgabelung der Querschnitt des Vaterasts gleich der Summe der Querschnitte der Kinder sei. Dies wurde bereits in Abschnitt 3.3 näher behandelt, dort wurde auch erwähnt, dass dieser Schätzwert sich als erstaunlich präzise erwiesen hat.

← Leonardo da Vinci

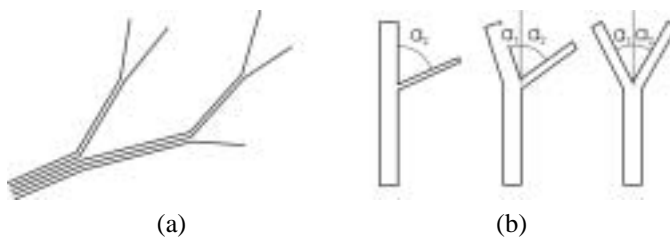


Abbildung 4.13
Baummodell aus Strängen:
a) Strangverlauf im Baum;
b) Verzweigungsparameter

Diese Erkenntnis, zusammen mit dem vaskulären inneren Aufbau von Bäumen, legte es für da Vinci nahe, eine Baumstruktur über kleine Stränge zu definieren, die von der Wurzel des Baumes bis in die Blätter reichen. In einer Gabelung werden die Stränge aufgeteilt und laufen in den Kindern weiter. Liegt eine dichte Packung vor, so ergeben sich auf diese Weise die obigen Querschnittsverhältnisse.

Matthew Holton [92] modelliert Bäume nach diesem Verfahren (siehe Abb. 4.13(a)). Die Anzahl der Stränge bestimmt hierbei nicht nur die Dicke der

Äste, sondern auch deren Länge und die Anzahl der Blätter sowie den Verzweigungswinkel.

Soll sich ein Ast mit S_0 Strängen gabeln, wobei das Verhältnis der Strangzahlen mit $P_{G,W}$ in Abhängigkeit von der Gravelius- und Weibull-Ordnungszahl des Asts gegeben ist (siehe Abschnitt 3.2), so gilt für die Anzahl der Stränge S_1, S_2 in den Kindern

$$\begin{aligned} S_1 &= 1 + P_{G,W}(S_0 - 2) \\ S_2 &= 1 + (1 - P_{G,W})(S_0 - 2) \\ S_0 &= S_1 + S_2. \end{aligned}$$

Der Durchmesser der Äste wird berechnet mit $d_i = T\sqrt{S_i}$, wobei T eine Konstante ist. Hiermit ergibt sich das geforderte d zu

$$d_0^2 = d_1^2 + d_2^2.$$

Die Verzweigungswinkel a_1 und a_2 (siehe Abb. 4.13(b)) berechnen sich aus dem gesamten Verzweigungswinkel $A_{G,W}$ über

$$a_1 = \frac{S_2}{S_0} A_{G,W} \qquad a_2 = A_{G,W} - a_1$$

Die Länge der Zweige wird nun ebenfalls aus den Strängen berechnet, wobei das Verhältnis der Wurzelfunktionen der Strangzahlen verwendet wird:

$$\begin{aligned} R_1 &= \sqrt{S_1}/\sqrt{S_0} & L_1 &= R_1 L_0 \\ R_2 &= \sqrt{S_2}/\sqrt{S_0} & L_2 &= R_2 L_0 \end{aligned}$$

An dieser Stelle gehen vom Benutzer vorgegebene Parameter mit ein. Holton unterscheidet zwischen der charakteristischen Länge L_i und der aktiven, im Modell erscheinenden Länge l_i .



Abbildung 4.14
Beispielbäume, über Stränge
modelliert (Bild: M. Holton)

Während die charakteristische Länge der Söhne aus der Länge der Eltern berechnet wird, sie also eine hierarchisch definierte Eigenschaft des Modells darstellt, ist die aktive Länge unabhängig von anderen aktiven Längen, benutzt aber die charakteristische Länge des jeweiligen Vaters. Für beide Längen werden Maximalwerte (charakteristisch: $M_{t,G,W}$, aktiv: $m_{t,G,W}$) und Minimalwerte (charakteristisch: $N_{t,G,W}$, aktiv: $n_{t,G,W}$) in Abhängigkeit vom Typ t

des Astes (Hauptpfad: $t=\text{maj}$, Nebenpfad: $t=\text{min}$) vom Benutzer vorgegeben. Für die Faktoren R_i, r_i gilt dann

$$\begin{aligned} m_{maj,G,W} \leq R_1 \leq M_{maj,G,W} & & m_{min,G,W} \leq R_2 \leq M_{min,G,W} \\ n_{maj,G,W} \leq r_1 \leq N_{maj,G,W} & & n_{min,G,W} \leq r_2 \leq N_{min,G,W}. \end{aligned}$$

Charakteristische und aktive Längen werden nun berechnet über

$$\begin{aligned} L_1 &= R_1 L_0, & L_2 &= R_2 L_0, \\ l_1 &= r_1 L_0, & l_2 &= r_2 L_0. \end{aligned}$$

In Abb. 4.14 sind Ergebnisse zu sehen. Die Tannen wurden aus jeweils 2500 Strängen erzeugt, für die Verzweigungsverhältnisse und -winkel gilt hierbei

$$P_{0,all} = 0.985, \quad P_{i,all} = 0.6, \quad A_{0,all} = 115^\circ, \quad A_{i,all} = 35^\circ \quad i = 1, 2, 3 \dots$$

Die weiteren Parameter sind in [92] nachzulesen. Holten schreibt auch, dass zur Modellierung der Form der Tannen aus Abb. 4.14(b) weitere Randbedingungen verwendet wurden, die er aber nicht näher bezeichnet.

4.11 Approximatives Modellieren

Während die bisher vorgestellten Ansätze, mit Ausnahme des partikelbasierten Verfahrens von Reeves und Blau, sich bemühen, Bäume möglichst realistisch nachzubilden, ist es das erklärte Ziel von Weber und Penn [229], approximative, aber gut aussehende Lösungen für Bäume zu finden. Ihre Baumprozedur benötigt einen Satz von etwa 50 Parametern, die alle in der Arbeit beschrieben sind. Grundlegende Parameter sind etwa die Gesamtgestalt des Baumes (als umschließende Geometrie), die Größe des unteren Teils ohne Äste, die Anzahl der Verzweigungsebenen sowie die Form des Stammfußes.



Abbildung 4.15
Beispielpflanzen von Weber und Penn

Für jede der maximal drei Verzweigungsebenen werden weitere Parameter über Mittelwert mit jeweiliger Variationsbreite angegeben: vertikaler Verzweigungswinkel zum Vaterast, Deviationswinkel, Länge relativ zum Vater, Verzweigungsanzahl und Fototropismus (als Curve-Parameter bezeichnet).

Obwohl das verwendete Modell kaum neue Aspekte für die Herstellung von Bäumen einbringt, sind die visuellen Ergebnisse beeindruckend. In der Arbeit werden außerdem Methoden zur Interaktion mit Wind und zu Level-of-Detail-Darstellungen beschrieben (siehe Abschnitt 10.3).

4.12 Wachstum in Voxeln

Die letzte prozedurale Methode dieses Kapitels erzeugt Windepflanzen, fällt also eigentlich in eine andere Kategorie. Ned Greene [77] beschäftigt sich mit der Frage, wie man die Interaktion solcher Pflanzen mit der Umgebung, also anderen Objekten, und dem einfallenden Licht effizient gestalten und die Pflanzen realistisch an Wänden entlang wachsen lassen kann.

Er zerlegt die Szene in Voxel (quaderförmige Volumenelemente, vgl. [108, 47]) und spezifiziert diejenigen Voxel, in denen die Windepflanze wachsen kann. Ein parametrisierbarer probabilistischer Algorithmus lässt die Pflanzen, ausgehend von manuell spezifizierten Saatpunkten, wachsen.

Abbildung 4.16
Voxelmodell für Pflanzen:
a) überwachsenes Haus
b) Detailansicht einer Überwucherung
(Bild: N. Greene und NYIT Comp.
Graphics Lab)



(a)



(b)

Beleuchtung →

Über eine Suchstrategie werden Internodien in den möglichen Voxeln platziert, wobei der Algorithmus auf das direkt einfallende Sonnenlicht und die diffuse Beleuchtung reagiert. Die Bestimmung des direkten Lichteinfalls geschieht über Abtastung der Sonnenbahn von jedem Voxel aus. Der berechnete Wert gibt an, wie viel Zeit das Voxel von der Sonne beschienen wurde. Zur Berechnung des diffusen Lichts wird für jedes Voxel bestimmt, wie viel jeweils vom Himmel zu sehen ist. Beide Werte werden auf das Intervall $[0,1]$ normiert.

Greene spricht zwar von einem Regelsystem zur Berechnung des Wuchses, gibt aber keine formalisierte Beschreibung an, sondern nur eine Auflistung der Parameter zur Steuerung des probabilistischen Algorithmus. Hierzu zählen die Länge der Internodien, die Anzahl der Internodien zwischen Verzweigungen, der Verzweigungswinkel, die Stärke des Fototropismus, die Wuchsstärke in Abhängigkeit vom Licht (gewichtete Summe aus direktem und diffusum Sonnenlicht) und die Anzahl der Blätter pro Verzweigung.

Die Geometrie der Pflanzen wird in polygonaler Form erzeugt, alle wichtigen Parameter werden aber für die Voxel bestimmt, was den Aufwand des Verfahrens verringert. In Abb. 4.16 sind Beispiele für Überwucherungen zu sehen, regelbasierte Windepflanzen finden sich auch in [166].

4.13 Modellierung von Phyllotaxis

In Abschnitt 3.4 wurde bereits die erstaunliche Tatsache erwähnt, dass die mathematische Beschreibung über den goldenen Schnitt die Anordnung der Samen in vielen Blüten sehr gut beschreibt, aber keinerlei Hinweise auf die biologische Entstehung dieser Muster gibt. Eigentlich wäre für die korrekte Platzierung der Samen nach dem goldenen Schnitt eine Winkelgenauigkeit erforderlich, die niemals über biologische Mechanismen erreicht werden könnte.

Daher ist es gängige Auffassung unter Biologen, dass die phyllotaktischen Anordnungen durch lokale Optimierungsprozesse erzeugt werden, welche die beim Wachstum sukzessive entstehenden Samenzellen in entsprechender Weise anordnen. Das Wachstum geschieht im Meristem, der kegelförmigen Spitze am Spross, in dem sich schnell teilende Zellen befinden. Durch das lineare Wachstum des Sprosses werden die erzeugten Zellen an den Rand verschoben und ordnen sich dort an (siehe Abb. 4.17). Das Problem des goldenen Schnittes wird hier im Gegensatz zur flachen Scheibe auf einen Zylinder übertragen, was neue Lösungen erfordert. So muss neben dem Divergenzwinkel aufeinander folgender Objekte auch die Höhe der Objekte am Zylinder berechnet werden. Prusinkiewicz und Lindenmayer [167] beschreiben ausführlich verschiedene Ansätze für die Simulation.

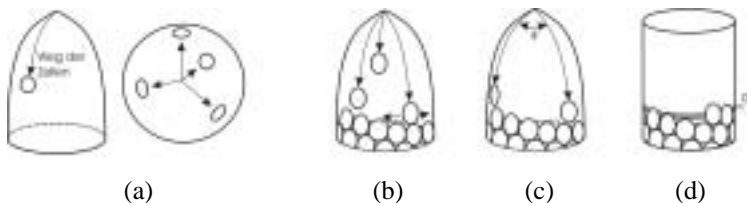


Abbildung 4.17
a) Zellwachstum in einem Spross;
b) Ansatz nach Adler; c) Ansatz nach
Fowler et al.; d) Methode nach Ridley

Adler [2] verwendet ein Simulationsmodell, bei dem eine konstante vertikale Geschwindigkeit der Zellen angenommen wird, bis diese am Rand bzw. an anderen Zellen anlangen. Dort wirken lokale Abstoßungskräfte zwischen den Zellen, wobei sich diese jetzt nur noch horizontal, d.h. durch Veränderung des Divergenzwinkels, bewegen können (Abb. 4.17(b)).

Ridley [178, 179] untersucht die Packungsvorgänge beim goldenen Schnitt und erhält schon eine sehr gute Anordnung, wenn ein Divergenzwinkel von ϕ eingehalten wird und der vertikale Versatz der Objekte aus deren Fläche A berechnet wird. Diese Fläche wird als Ring um den Spross mit Radius R gelegt und

bestimmt so die Veränderung der Höhe für das nächste Objekt, indem Ring an Ring für jedes neue Objekt um den Spross gelegt wird.

$$A = 2\pi R ds \quad \Rightarrow \quad ds = \frac{A}{2\pi R} \quad (4.2)$$

Demzufolge ist die Höhe des i -ten Objekts: $y_i = i ds$.

Dies stellt zwar kein erklärendes Modell dar, ist aber eine einfache und effektive Methode zur computergestützten Modellierung der Phyllotaxis entlang von Zylindern.

kollisionsbasierte Methode →

Fowler et al. beschreiben in [66] eine ähnliche, aber kollisionsbasierte Methode, bei der die Zellen mit einem Divergenzwinkel von ϕ erzeugt werden und dann nur noch vertikal beweglich sind. Sie wandern so lange zum Rand, bis sie eine andere Zelle berühren (Abb. 4.17(c)). Aufgrund des vorgegebenen Divergenzwinkels handelt es sich hierbei genau genommen um eine Mischung aus erklärendem und beschreibendem Modell. Leider lassen die Autoren offen, ob eine Variation des Winkels in Kombination mit einer horizontalen Verschieblichkeit ähnliche Muster entstehen lässt.

Reaktions-Diffusions-Modell →

Meinhardt [137] erklärt eine Reihe biologischer Muster mit Hilfe von örtlich verteilten fördernden und hemmenden Substanzen (Reaktions-Diffusions-Modell). Zur Erzeugung von Anordnungen nach dem goldenen Schnitt stellt er ein System mit zwei räumlichen Antagonisten und einem Inhibitor auf. Das System erzeugt die gewünschten Anordnungsmuster entlang von zylinderförmigen Geometrien, ist aber anfällig gegen Störungen. Bernasconi [15] erzielt stabilere Muster mit einem Inhibitor im Raum und einem weiteren in der Zeit.

4.14 Offene Fragen

Die Vielfalt der algorithmischen Methoden, mit denen sich Pflanzen und insbesondere Bäume überzeugend modellieren lassen, ist überraschend. Es mag an dem relativ unspezifischen Aufbau der botanischen Modelle liegen, dass mehrere gute Approximationsverfahren gefunden werden konnten. Der Sachverhalt eröffnet aber gleichzeitig auch die Frage danach, ob es einen unterhalb der Ebene der bisher verwendeten Verfahren liegenden Parameter- oder Regelsatz für botanische Objekte gibt. Dieser Basissatz wäre dann von den verschiedenartigen Parametern der einzelnen Verfahren mehr oder weniger intuitiv abgebildet worden.

Es besteht aber auch die Möglichkeit, dass ein oder mehrere Verfahren – etwa die von de Reffye und Holton – verschiedene Aspekte in ihrer Approximation natürlicher Wachstumsvorgänge verwenden, die für sich schon gute Ergebnisse zeigen, aber in Kombination ein noch vollständigeres Modell ergäben. Dies hätte unter Umständen eine Reduzierung der Vielzahl von Parametern zur Folge, die nach wie vor von Hand editiert werden müssen, um ein visuell ansprechendes Modell zu erzeugen. Der Parameterraum könnte so weit eingeschränkt

werden, dass beispielsweise nur noch statisch sinnvolle Bäume hergestellt werden könnten oder sich Dinge wie eine realistische Gesamtgestalt von alleine aus den Parametern ergäben.

Beide Fragen lassen sich an dieser Stelle nicht klären, da auch die Botanik noch weit entfernt ist von solchen einfachen Parametersätzen. Die regelbasierten Verfahren des nächsten Kapitels arbeiten mit ähnlich komplexen Parametersätzen, sind aufgrund ihrer Natur aber wesentlich genereller angelegt und können verschiedenste Gesetzmäßigkeiten abbilden.

Aus pragmatischer Sicht ergibt sich noch ein weiterer Lösungsansatz: Ist die Anlage eines Parametersatzes und seine Editierung durch ein System so effizient gelöst, dass der Benutzer sehr schnell und komfortabel Parameter ändern kann, so ist er trotz einer vielleicht noch nicht optimalen Wahl der Parameter in der Lage, ein korrekt erscheinendes Modell effizient herzustellen. Das in Kapitel 6 vorgestellte Verfahren geht diesen Weg.