



## Modelado de la dinámica celular utilizando celdas de Voronoi

María Emilia Dussel<sup>\*1</sup>, Andrea Ridolfi<sup>2</sup>,

- 1 Departamento de Matemática, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de Córdoba. Instituto de Investigación y Desarrollo en Ingeniería de Procesos y Química Aplicada (IPQA), Universidad Nacional de Córdoba-CONICET, Córdoba 5000, Argentina.
- 2 Departamento de Física y Matemática, Facultad de Ciencias Aplicadas a la Industria, Universidad Nacional de Cuyo. Instituto de Ingeniería y Ciencias Aplicadas a la Industria, CONICET-UNCUYO, San Rafael, M5600AGP, Mendoza, Argentina.

\*E-mail: [emilia.dussel@unc.edu.ar](mailto:emilia.dussel@unc.edu.ar)

### PALABRAS CLAVES

Celdas de Voronoi  
Dinámica celular  
Convergencia de Hausdorff  
Convergencia de Kuratowski.

### RESUMEN

En este trabajo se presenta un modelo geométrico para describir la dinámica celular mediante el uso de celdas de Voronoi. Se estudian las condiciones bajo las cuales dichas celdas, construidas a partir de núcleos celulares en un dominio compacto, y modeladas como celdas de Voronoi, convergen en sentido de Kuratowski y de Hausdorff. Para ello, se formaliza el desplazamiento de una célula como una sucesión de sitios que tiende a una posición final, y se prueba que las correspondientes celdas convergen topológicamente. La división celular (mitosis) se modela como la adición de un nuevo sitio, mientras que la muerte se representa mediante celdas con peso, aumentando progresivamente dicho peso hasta anular la celda. Los resultados permiten establecer criterios matemáticos precisos para simular dinámicas celulares de manera estable. Este enfoque aporta una base formal al estudio de procesos biológicos mediante herramientas de la teoría de análisis lineal. Se muestran ejemplos de implementación de la simulación en el plano bidimensional.

## Modeling cell dynamics using Voronoi cells

### KEYWORDS

Voronoi cells  
Cellular dynamics  
Hausdorff convergence  
Kuratowski convergence

### ABSTRACT

In this work, a geometric model is presented to describe cellular dynamics using Voronoi cells. The conditions under which these cells, constructed from nuclei of cell within a compact domain and modeled as Voronoi cells, converge in the Kuratowski and Hausdorff sense, are studied. To this end, the displacement of a cell is formalized as a sequence of sites converging to a final position, and it is shown that the corresponding cells converge topologically. Cell division (mitosis) is modeled as the addition of a new site, while death is represented by weighted cells, increasing that weight progressively until the cell is nullified. The results allow for the establishment of precise mathematical criteria to simulate cellular dynamics in a stable manner. This approach provides a formal basis for the study of biological processes using tools from linear analysis theory. Examples of the simulation implemented in the two-dimensional plane are presented.

### 1. Introducción

Un diagrama o teselación de Voronoi es una partición del espacio euclídeo determinada por la cercanía a puntos pertenecientes a un conjunto dado,  $T$ , de sitios generadores. A los elementos de esta partición se los denomina celda de Voronoi. La geometría y propiedades de celdas y diagramas

dependen de la función distancia elegida para medir la cercanía entre puntos y de las características del conjunto generador  $T$ . Los primeros hallazgos se remontan a Descartes (1656), cuando publica que el sistema solar estaba compuesto por vórtices y regiones convexas formadas por materia que giraba alrededor de estrellas fijas. Dirichlet (1850) lo utiliza en el espacio tridimensional y Voronoi (1908) generaliza el concepto a espacios arbitrarios  $\mathbb{R}^n$ . El

dual geométrico de la teselación de Voronoi fue propuesta por Delaunay (1934) y se la denomina triangulación de Delaunay. A su vez, el método fue redescubierto en otros campos, recibiendo otras denominaciones, tales como los polígonos de Thiessen (1911) en meteorología, las células de Wigner-Seitz (1933), y las zonas de Brillouin (1930) en física del estado sólido. Sin embargo, los diagramas de Voronoi se popularizaron recién en 1985, con el avance tecnológico y científico, por sus aplicaciones en la geometría computacional (Preparata y Shamos, 1985).

Por otro lado, la teoría de desigualdades lineales ha sido particularmente valiosa para obtener información geométrica de las celdas deterministas de Voronoi. En el espacio euclíadiano, una celda clásica de Voronoi puede representarse como el conjunto solución de un sistema de desigualdades lineales y, es aquí donde dicha teoría contribuye fuertemente. Cuando el conjunto de sitios involucrados en la celda es infinito, éstas se representan por sistemas lineales semi-infinitos (LSIS, por sus siglas en inglés). Algunos trabajos que utilizan herramientas de LSIS para estudiar celdas de Voronoi son Voigt (2008), Goberna et al. (2012) y Goberna et. al. (2020). Recientemente, Ridolfi y Vera de Serio (2023) aplicaron resultados conocidos sobre LSIS en celdas alejadas de Voronoi y determinaron un radio robusto de factibilidad para dichas celdas, considerando incertidumbre en los sitios involucrados.

Otras generalizaciones posibles de teselaciones de Voronoi, son las generadas por funciones de distancias ponderadas con pesos (Aurenhammer y Edelsbrunner, 1984; Zou et al., 2024; Fan y Raichel, 2025). En particular, Bock y coautores (Bock et al., 2010), simulan la dinámica pluricelular en dos dimensiones, mostrando la viabilidad del método de Voronoi para generar formas celulares realistas. En dicho trabajo, utilizan funciones de distancia ponderada para definir celdas de Voronoi generalizadas, como base para la descripción de células dentro de tejidos epiteliales, representando las interacciones entre células mediante densidades de fuerza, adhesivas y repelentes, en los bordes de contacto celular. Esto motiva el interés en estudiar un modelado geométrico y dinámico que reproduzca las formas de las células observadas y simule su interacción y movimiento. En este trabajo presentamos una propuesta de formulación sencilla mediante el uso de una teselación de Voronoi adecuadamente ponderada, incorporando, en algunos casos, la teoría y herramientas de LSIS.

El objetivo de este trabajo es modelar distintas etapas del ciclo celular con celdas de Voronoi. En particular, se realiza un modelo simplificado del nacimiento, movimiento y muerte celular, a través de diagramas de Voronoi, utilizando la teoría de análisis convexo y sistemas lineales semi-infinitos. En la próxima sección, veremos teoría asociada a celdas y diagramas de Voronoi, multifunciones y convergencias de Hausdorff y Kuratowski. Posteriormente, se modela matemáticamente las tres etapas del ciclo celular y se hace un análisis de convergencia de Kuratowski y Hausdorff. Finalmente, se realiza una breve conclusión.

## 2. Materiales y métodos

Para analizar la dinámica celular se utilizará un modelo basado en celdas de Voronoi. Dado un conjunto de sitios  $T \subset \mathbb{R}^m$  que contiene al menos dos elementos, decimos que la celda de Voronoi de  $s \in T$  es el conjunto de puntos que se encuentra más cerca del sitio  $s$  que del resto de los sitios en  $T$ , es decir:

$$V_T(s) := \{x \in \mathbb{R}^m : d(x, s) \leq d(x, T \setminus \{s\})\}, \quad (1)$$

donde  $d(x, y) = \|x - y\|$  representa la distancia en  $\mathbb{R}^m$  dada por la norma euclídea  $\|\cdot\|$  y  $d(x, A) = \inf_{a \in A} d(x, a)$  es la distancia de un punto a un conjunto. El diagrama de Voronoi de  $T$  es la familia de celdas generadas por cada sitio  $s$  en  $T$ , e.d.:  $Vor(T) := \{V_T(s) : s \in T\}$ .

En algunos casos se utilizará la siguiente representación de la celda como conjunto solución de un sistema lineal de inecuaciones (Voigt, 2008):

$$V_T(s) := \left\{x \in \mathbb{R}^m : (t - s)^T x \leq \frac{\|t\|^2 - \|s\|^2}{2}, \quad t \in T\right\} \quad (2)$$

donde  $x^T y$  representa el producto escalar usual. Esta representación lineal permite mostrar que, para  $T$  finito,  $V_T(s)$  es un poliedro convexo cerrado (Goberna et al., 2012).

El modelo se basa en considerar una porción de tejido constituido por cierta cantidad de  $r + 1$  de células, cada una de ellas será representada por una celda de Voronoi, donde los sitios simularán los núcleos de las células. Se considerará  $T = \{s, t_1, t_2, \dots, t_r\} \subseteq \mathbb{R}^m$  al conjunto de sitios. Si bien todo el trabajo está desarrollado en un espacio genérico  $\mathbb{R}^m$ , la interpretación e implementación de las simulaciones están realizadas para  $m = 2$ , es decir, considerando un tejido bidimensional.

Para el movimiento celular, se simulará el movimiento de una única célula, a través del movimiento de su núcleo  $s$  y se supondrá que el

resto de las  $r$  células restantes mantienen sus núcleos  $t_1, t_2, \dots, t_r$ , fijos, aunque su geometría se modificará en función de la célula que se mueve, como se muestran en los ejemplos de simulaciones realizados. Este movimiento será discreto, y se modela a través de una sucesión de sitios  $\{s_n\}$  que convergen a una posición final  $s$ , es decir,  $s_n \rightarrow s$  en  $\mathbb{R}^m$ . Como  $s$  es un punto aislado de  $T$ , se considera, sin pérdida de generalidad, que  $s_n \notin T \setminus \{s\}$  para cada  $n \in \mathbb{N}$ .

Debido a que, al mover la célula, cambia el conjunto de sitios (núcleos) se define, además,

$$T' = T \setminus \{s\} ; \quad T_n = T' \cup \{s_n\} \quad (3)$$

y la multifunción  $\mathcal{V}: \mathbb{R}^m \rightrightarrows \mathbb{R}^m$ , definida como:

$$\mathcal{V}(\bar{s}) := \left\{ x \in \mathbb{R}^m : (t - \bar{s})^T x \leq \frac{\|t\|^2 - \|s\|^2}{2}, \quad t \in T \setminus \{s\} \right\} \quad (4)$$

que modela la célula que se mueve, generada por el sitio  $\bar{s}$ , en reemplazo del sitio  $s$ .

Similarmente, para modelar el caso del nacimiento, en este caso, la mitosis, se parte del supuesto de que la célula que se reproduce es la celda con sitio  $s$ , y a partir de allí, la nueva celda (célula) se desplazará hasta finalizar en algún punto  $\bar{s}$ . Por lo tanto, se utiliza el mismo modelo que el del movimiento, pero se agrega un nuevo sitio al principio.

Para modelar la muerte celular, se aplica una nueva definición de celda, teniendo en cuenta la teoría de Nguyen et al. (2015), en donde se utilizan celdas de Voronoi con pesos. Para un conjunto de sitios  $T$ , se define la celda de Voronoi de  $\bar{t} \in T$  con peso  $\alpha \in [0,1]$  como:

$$\begin{aligned} V_T^\alpha(\bar{t}) &:= \{x \in \mathbb{R}^m : \|x - \bar{t}\|^2 - \alpha\|\bar{t} - s\|^2 \\ &\leq \|x - t\|^2 - \alpha\|t - s\|^2, t \in T \setminus \{\bar{t}\}\}. \end{aligned} \quad (5)$$

Se simula la muerte de una célula con núcleo en el sitio  $s$  aumentando el peso de las celdas vecinas, con las que  $V_T(s)$  comparte caras, hasta que  $V_T(s) = \{s\}$  y ahí, se puede considerar que dicha célula "ha muerto".

Para analizar cierta estabilidad en estos modelos, se estudia una propiedad cualitativa utilizando herramientas del análisis convexo en relación a la convergencia de conjuntos. Se muestra que, si el núcleo converge a un sitio fijo final, esto implica la convergencia de las células a la célula generada por el sitio final.

Este análisis se realizará utilizando la noción de excedente de un conjunto sobre otro y las convergencias en sentido de Kuratowski y Hausdorff (Luchetti, 2006), que se definen a continuación:

Dados dos conjuntos cerrados no vacíos  $A$  y  $B$ , definimos el **excedente de  $A$  sobre  $B$**  como

$e(A, B) := \sup_{a \in A} d(a, B)$ , considerando  $e(A, B) = \infty$  cuando  $B = \emptyset$  y  $A \neq \emptyset$ .

**Definición 1: (Convergencia de Hausdorff)** Una sucesión  $\{A_n\}$  de conjuntos cerrados en  $\mathbb{R}^m$ , converge en el sentido de Hausdorff al conjunto  $A$ , si  $e(A_n, A) \rightarrow 0$  y  $e(A, A_n) \rightarrow 0$ , cuando  $n \rightarrow \infty$ . En este caso se utiliza la notación:

$$A_n \xrightarrow{H} A.$$

**Definición 2: (Convergencia de Kuratowski)** Una sucesión  $\{A_n\}$  de conjuntos cerrados en  $\mathbb{R}^m$ , converge al conjunto  $A$  en el sentido de Kuratowski si

$$LsA_n \subseteq A \subseteq LiA_n,$$

donde  $LiA_n$  es el **límite inferior** de la sucesión, definido por:

$$LiA_n := \left\{ x \in \mathbb{R}^m : x = \lim_{k \rightarrow \infty} x_k ; \quad x_k \in A_k, \quad k \geq N \right\},$$

para algún  $N \in \mathbb{N}$  y  $LsA_n$  es el **límite superior** de la sucesión y está definido por:

$$LsA_n := \left\{ x \in \mathbb{R}^m : x = \lim_{k \rightarrow \infty} x_k ; \quad x_k \in A_{n_k}; \quad \{n_k\} \subset \mathbb{N} \right\}.$$

En este caso se utiliza la notación:  $A_n \xrightarrow{K} A$ .

Para comparar resultados entre estas convergencias se utilizará la siguiente proposición (Ambrosio, 2004):

**Proposición 1:** Si  $A$  y  $A_n$ ,  $n \in \mathbb{N}$ , son conjuntos cerrados en  $\mathbb{R}^m$ , entonces:  $A_n \xrightarrow{H} A$  implica que:  $A_n \xrightarrow{K} A$ . El recíproco es verdadero si todos estos conjuntos son subconjuntos de un mismo conjunto compacto.

Finalmente, se utilizan implementaciones de Voronoi en el lenguaje Python para realizar las simulaciones en  $\mathbb{R}^2$ . En particular se utiliza la biblioteca Scipy que incluye el cálculo de celdas de Voronoi a partir del software Qhull (Barber et. al, 1996).

### 3. Resultados y Discusión

#### Movimiento celular

Para simular el movimiento celular, debe demostrarse -utilizando celdas de Voronoi- que una célula puede desplazarse a otro sitio a través del tejido en el que se encuentra. En este caso,  $\{s_n\}$  representa la posición que va tomando el núcleo de una célula a medida que se mueve hasta la posición final  $s$ , y, de manera análoga,  $V_{T_n}(s_n)$  representa la posición que va tomando la célula a medida que se mueve hasta la posición final  $V_T(s)$ , como lo muestra

la siguiente proposición, en sentido de convergencia de Kuratowski.

**Proposición 2: (Convergencia de Kuratowski para el movimiento celular).** Sea  $\{s_n\}$  una sucesión de puntos en  $\mathbb{R}^m$  y sean  $T'$  y  $T_n$  los conjuntos de sitios definidos en (3). Si  $s_n \rightarrow s$ , entonces

$$V_{T_n}(s_n) \xrightarrow{K} V_T(s).$$

*Demostración.* Observemos que de la ec. (1) se tiene que  $V_T(s) := \{x \in \mathbb{R}^m : d(x, s) \leq d(x, T')\}$  y de (3),

$$\begin{aligned} V_{T_n}(s_n) &= \{x \in \mathbb{R}^m : d(x, s_n) \leq d(x, T_n \setminus \{s_n\})\} \\ &= \{x \in \mathbb{R}^m : d(x, s_n) \leq d(x, T')\}. \end{aligned} \quad (6)$$

Consideremos los límites inferior y superior:

$$LiV_{T_n}(s_n) = \left\{ x \in \mathbb{R}^m : x = \lim_{n \rightarrow \infty} x_n, x_n \in V_{T_n}(s_n), n \geq N_0 \right\},$$

para algún  $N_0 \in \mathbb{N}$ , y

$$LsV_{T_n}(s_n) = \{x \in \mathbb{R}^m : x = \lim_{k \rightarrow \infty} x_k, x_k \in V_{T_{n_k}}(s_{n_k}), \{n_k\} \subset \mathbb{N}\}$$

Se demostrará que  $V_T(s) \subseteq LiV_{T_n}(s_n)$ : Sea  $a \in V_T(s)$ , para cada  $n \in \mathbb{N}$ , se toma  $a_n \in V_{T_n}(s_n)$  tal que  $d(a, a_n) = d(a, V_{T_n}(s_n))$ . Tal  $a_n$  existe porque  $V_{T_n}(s_n)$  es cerrado, convexo y no vacío.

Si  $\{a_n\}_{n \in \mathbb{N}}$  no converge a  $a$  cuando  $n \rightarrow \infty$ , entonces existe  $\varepsilon > 0$  y una subsucesión  $\{s_{n_k}\}$  tal que  $d(a, V_{T_n}(s_{n_k})) > \varepsilon$ . Como  $s_n \rightarrow s$ , entonces  $s_{n_k} \rightarrow s$  cuando  $k \rightarrow \infty$ . Además,  $B_\varepsilon(a) \cap V_{T_{n_k}}(s_{n_k}) = \emptyset$ , para todo  $k \in \mathbb{N}$ .

Si se define la multifuncióñ  $\mathcal{V} : \mathbb{R}^m \rightrightarrows \mathbb{R}^m$  como en (4), aplicando el Teorema 1 de Goberna et al. 2012, se tiene que  $\mathcal{V}$  es semicontinua inferiormente en  $s$ , ya que  $s$  es un punto aislado de  $T$ . Como  $B_\varepsilon(a) \cap V_T(s) \neq \emptyset$ , existe un abierto  $W$  tal que  $s \in W$  y  $B_\varepsilon(a) \cap \mathcal{V}(v) \neq \emptyset$ , para todo  $v \in W$ . Del hecho de que  $s_{n_k} \rightarrow s$ , existe  $n \in \mathbb{N}$  tal que si  $k > N$ , entonces  $s_{n_k} \in W$ . Luego,  $B_\varepsilon(a) \cap V(s_{n_k}) = B_\varepsilon(a) \cap V_{T_{n_k}}(s_{n_k}) \neq \emptyset$ , lo cual es absurdo. Esta contradicción implica que  $a_n \rightarrow a$ . Así,  $a \in LiV_{T_n}(s_n)$  y, por lo tanto,  $V_T(s) \subseteq LiV_{T_n}(s_n)$ .

Se mostrará ahora que  $LsV_{T_n}(s_n) \subseteq V_T(s)$ : Sea  $a \in LsV_{T_n}(s_n)$ . Entonces, existe una sucesión  $\{a_k\}_k \in \mathbb{N} \subseteq \mathbb{R}^n$  tal que  $a_k \rightarrow a$  y  $a_k \in V_{T_{n_k}}(s_{n_k})$ , donde  $\{n_k\}$  es una subsucesión de enteros. Se quiere probar que  $a \in V_T(s)$ , es decir, que  $d(a, s) \leq d(a, T')$ .

Como  $\{s_{n_k}\}_{n_k \in \mathbb{N}}$  es una subsucesión de  $\{s_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ , y  $s_n \rightarrow s$ , entonces  $s_{n_k} \rightarrow s$ . Además, como  $a_k \in V_{T_{n_k}}(s_{n_k})$ , se tiene que  $d(a_k, s_{n_k}) \leq d(a_k, T')$ . Así, dado  $\varepsilon > 0$ , existe  $N \in \mathbb{N}$  tal que si  $k \geq N$  entonces:  $d(a, a_k) < \frac{\varepsilon}{2}$  y  $d(s_{n_k}, s) < \frac{\varepsilon}{2}$ .

Luego,

$$\begin{aligned} d(a, s) &\leq d(a, a_k) + d(a_k, s_{n_k}) + d(s_{n_k}, s) \\ &< \varepsilon + d(a_k, T'), \end{aligned}$$

para todo  $k > N$ . Como  $d(a_k, T') \rightarrow d(a, T')$  cuando  $k \rightarrow \infty$ , se obtiene que  $d(a, s) < \varepsilon + d(a, T')$ , para todo  $\varepsilon > 0$ . Esto implica que  $d(a, s) \leq d(a, T')$ . Luego,  $a \in V_T(s)$  y, por lo tanto,  $LsV_{T_n}(s_n) \subseteq V_T(s)$ .

Se ha probado así que  $LsV_{T_n}(s_n) \subseteq V_T(s) \subseteq LiV_{T_n}(s_n)$  y, por Definición 2, se tiene que

$$V_{T_n}(s_n) \xrightarrow{K} V_T(s).$$

Para que las celdas de Voronoi converjan en sentido Hausdorff, por Definición 1, debe cumplirse que:  $e(V_T(s), V_{T_n}(s_n)) \rightarrow 0$ , y  $e(V_{T_n}(s_n), V_T(s)) \rightarrow 0$ , para todo que  $n \in \mathbb{N}$ .

Esto se cumple bajo el supuesto de que las celdas estén en un dominio compacto, como se muestra en la Proposición 2. El siguiente ejemplo muestra que, sin esta hipótesis, no se puede garantizar la convergencia de Hausdorff.

**Ejemplo 1:** Sea  $T = \{a, s, b\} \subset \mathbb{R}^2$ , donde:

$a = (-2, 0)$ ,  $s = (0, 0)$  y  $b = (2, 0)$  (ver Figura 1).

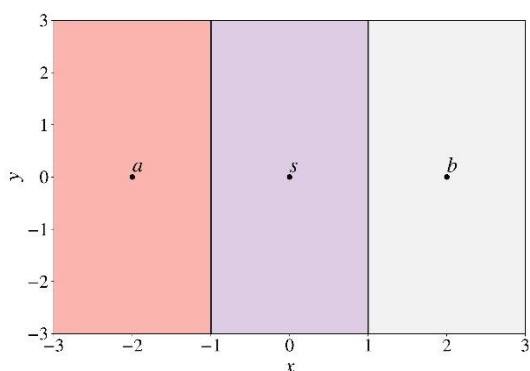


Figura 1. Diagrama de Voronoi de  $T = \{a, s, b\}$ .

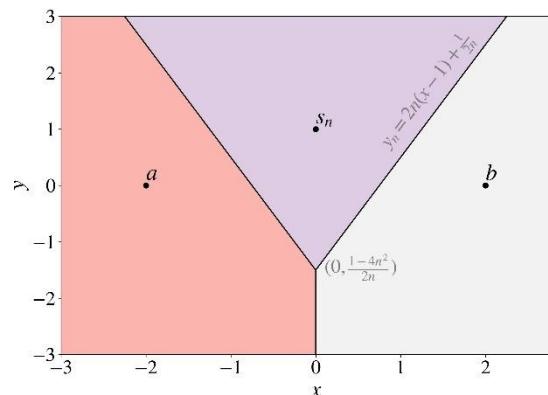
Sea  $\{s_n\}_{n \in \mathbb{N}} \subset \mathbb{R}^2$  una sucesión definida por  $s_n = \left(0, \frac{1}{n}\right)$ . Sea  $T_n = \{a, \left(0, \frac{1}{n}\right), b\}$ . Es claro que  $s_n \rightarrow s$ . La recta que une los puntos  $b$  y  $s_n$ , está dada por:  $\hat{y}_n(x) = -\frac{1}{2n}x + \frac{1}{n}$  y la mediatrix entre el segmento que une los puntos  $b$  y  $s_n$ , es decir, la cara que

comparten las celdas  $V_{T_n}(b)$  y  $V_{T_n}(s_n)$ , está dada por:  $y_n(x) = 2n(x - 1) + \frac{1}{2n}$ , tal como lo muestra la Figura 2.

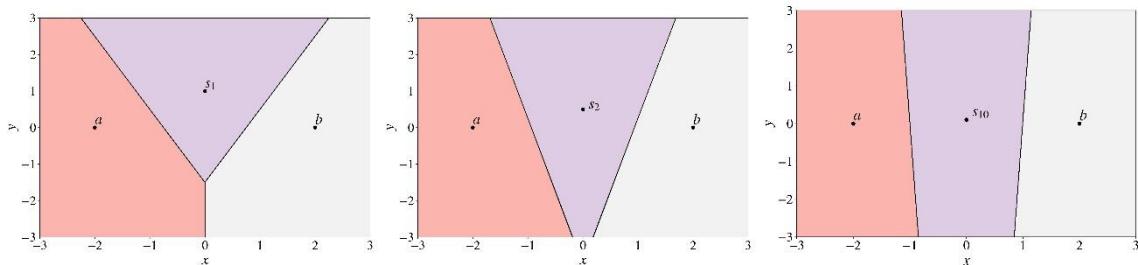
Dado que  $V_T(s) = \{(x, y) \in \mathbb{R}^2 : -1 \leq x \leq 1\}$ , si  $(n, y) \in V_{T_n}(s_n)$ , con  $n \in \mathbb{N}$ , entonces:

$$e(V_{T_n}(s_n), V_T(s)) \geq d((x, y), V_T(s)) = |x - 1| = n - 1$$

Luego  $e(V_{T_n}(s_n), V_T(s)) \rightarrow \infty$  cuando  $n \rightarrow \infty$ . Por lo tanto,  $V_{T_n}(s_n)$  no converge en sentido Hausdorff a  $V_T(s)$ , aunque  $s_n \rightarrow s$  (ver Figura 3)



**Figura 2.** Diagrama de Voronoi de  $T_n = \{a, s_n, b\}$ . Nótese que a partir del punto  $(0, \frac{1-4n^2}{2n})$ , cuando  $x \geq 0$ , la cara común de las celdas  $V_{T_n}(s_n)$  y  $V_{T_n}(b)$  coincide con la mediatrix del segmento  $s_n \bar{b}$ .



**Figura 3.** Diagramas de Voronoi de  $T_n$ , para  $T_1, T_2$  y  $T_{10}$ . Puede observarse (de izquierda a derecha) que la celda generada por el sitio  $s_n$  (lila claro) no converge a la celda generada por  $s$ , aunque  $s_n \rightarrow s$ .

El ejemplo anterior muestra la necesidad de agregar la hipótesis de que las celdas estén contenidas en un conjunto compacto  $E$ . Si esto no ocurriese, se toma  $V_T(s) \cap E$  y  $V_{T_n}(s_n) \cap E$ . Esta hipótesis, no representa un inconveniente en el modelo de la dinámica celular, ya que  $E$  puede representar una porción de tejido.

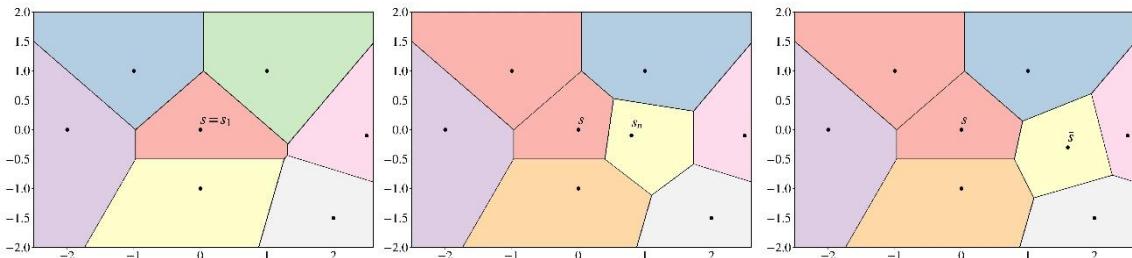
converge en sentido de Hausdorff a  $V_T(s)$ , ya que  $V_T(s)$  y  $V_{T_n}(s_n)$  son conjuntos cerrados dentro de un compacto, para todo  $n \in \mathbb{N}$ .

#### División celular

Para modelar la división celular, en este caso, la mitosis, se considera que la célula que se reproduce es la celda con sitio  $s$  (que representa ahora el primer elemento de la sucesión  $\{s_n\}$ ). A partir de allí, la nueva celda se desplazará hasta finalizar en algún punto  $\bar{s}$  (ver Figura 4). Por lo tanto, se aplica el modelo del movimiento al conjunto de sitios  $\bar{T} = T \cup \{\bar{s}\}$ , donde  $\bar{s}$  es el límite de la sucesión  $\{s_n\}$  y  $s_1 = s$ , dando en este caso,  $\bar{T}_1 = T$ ,  $\bar{T}' = \bar{T} \setminus \{\bar{s}\} = T$  y  $\bar{T}_n = \bar{T}' \cup \{s_n\} = T \cup \{s_n\}$ .

**Proposición 3: (Convergencia de Hausdorff en el movimiento celular).** Sea  $E \subseteq \mathbb{R}^m$  compacto, de modo que  $V_T(s) \subseteq E$  y  $V_{T_n}(s_n) \subseteq E$ , para cada  $n \in \mathbb{N}$ . Si  $s_n \rightarrow s$ , entonces  $V_{T_n}(s_n)$  converge en sentido de Hausdorff a  $V_T(s)$ .

**Demostración.** De la Proposición 2, se obtiene que  $V_{T_n}(s_n)$  converge en sentido de Kuratowski a  $V_T(s)$  y por Proposición 2, esto implica que  $V_{T_n}(s_n)$

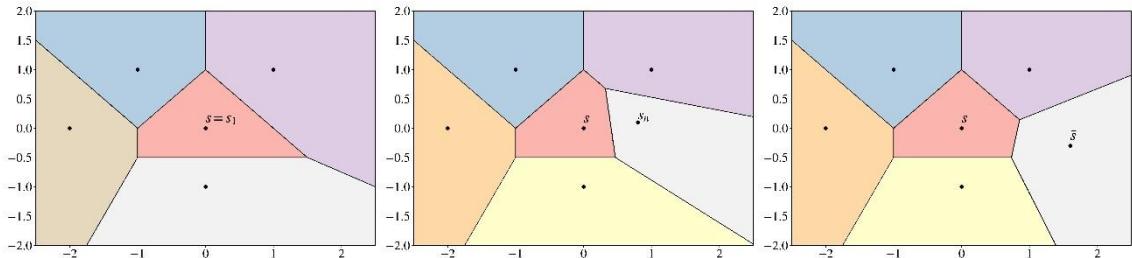


**Figura 4.** Diagramas de Voronoi de la división celular. Puede observarse (de izquierda a derecha) la división de la celda con sitio  $s$  (rosa) tras la aparición de una nueva celda con sitio  $s_n$  (amarillo) que converge a la posición final  $\bar{s}$ .

**Proposición 4: (Convergencia de Kuratowski para la división celular).** Sea  $\bar{s} \in \mathbb{R}^m$ ,  $\bar{T} = T \cup \{\bar{s}\}$  y  $\bar{T}_n = T \cup \{s_n\}$  para todo  $n \in \mathbb{N}$ . Si  $\{s_n\}$  es una sucesión en  $\mathbb{R}^m$  tal que  $s_1 = s$  y  $s_n \rightarrow \bar{s}$ , entonces  $V_{\bar{T}_n}(s_n)$  converge en sentido de Kuratowski a  $V_{\bar{T}}(\bar{s})$ .

**Demostración.** Se aplica directamente la Proposición 2 al conjunto  $\bar{T} = T \cup \{\bar{s}\}$ . Por lo tanto  $V_{\bar{T}_n}(s_n) \xrightarrow{K} V_{\bar{T}}(\bar{s})$ .

Se puede observar en la Figura que si no tomamos  $\bar{s} \in \text{int conv } T'$ , el análisis no tiene sentido biológico, ya que el tamaño de la célula aumenta demasiado apenas se divide.



**Figura 5.** Diagramas de Voronoi de la división si  $\bar{s} \notin \text{int conv } T'$ . Puede observarse (de izquierda a derecha) la división de la celda con sitio  $s$  (rosa) y la aparición de una nueva celda con sitio  $s_n$  (gris) de gran tamaño que converge a la posición final  $\bar{s}$ .

**Proposición 5: (Convergencia de Hausdorff en la división celular).** Sea  $E \subseteq \mathbb{R}^m$  compacto, de modo que  $V_{\bar{T}}(\bar{s}) \subseteq E$  y  $V_{\bar{T}_n}(s_n) \subseteq E$ , para todo  $n \in \mathbb{N}$ . Si  $s_n \rightarrow \bar{s}$ , entonces  $V_{\bar{T}_n}(s_n)$  converge en sentido de Hausdorff a  $V_{\bar{T}}(\bar{s})$ .

**Demostración.** Si se considera la sucesión  $\{s_n\}$  a partir de  $n = 2$ , y como  $E$  es compacto, el análisis es equivalente al movimiento celular, sustituyendo  $T$  por  $\bar{T}$ ,  $T'$  por  $T$  y  $T_n$  por  $\bar{T}_n = T \cup \{s_n\}$ , por lo que, aplicando la Proposición 2,  $V_{\bar{T}_n}(s_n) \xrightarrow{H} V_{\bar{T}}(\bar{s})$ .

#### Muerte celular

Finalmente, en esta última etapa, se considera la muerte celular como una célula que se une a otra y, así, disminuir en uno la cantidad de sitios. Es decir, hacer  $s_n \rightarrow s$  sin retirar a  $s$  del conjunto  $T_n$ . Sin embargo, este tipo de razonamiento no garantiza la convergencia en sentido Hausdorff de las células, como lo muestra el siguiente ejemplo.

**Ejemplo 2:** Sean  $T = \{(0,0), (-1,1), (1,1)\}$  y  $\hat{T}_n = T \cup \left\{(0, -\frac{1}{n})\right\}$ ,  $n \in \mathbb{N}$  conjuntos de sitios en el conjunto compacto  $E = [-2,2] \times [-2,2] \subset \mathbb{R}^2$ . Se considera  $s = (0,0)$  y  $s_n = \left(0, -\frac{1}{n}\right)$ , para cada

$n \in \mathbb{N}$ . Es claro que  $s_n \rightarrow s$ . Además  $(0,1) \in V_{\hat{T}_n}(s)$  y  $1 < d((0,1), V_{\hat{T}_n}(s_n)) \leq e(V_T(s), V_{\hat{T}_n}(s_n))$ , para todo  $n \in \mathbb{N}$ . Por lo tanto,  $e(V_T(s), V_{\hat{T}_n}(s_n)) \not\rightarrow 0$  y

así  $V_{\hat{T}_n}(s_n)$  no converge en sentido Hausdorff a  $V_T(s)$ , como se visualiza en la Figura 6, donde el diagrama realiza un cambio brusco cuando alcanza el límite.

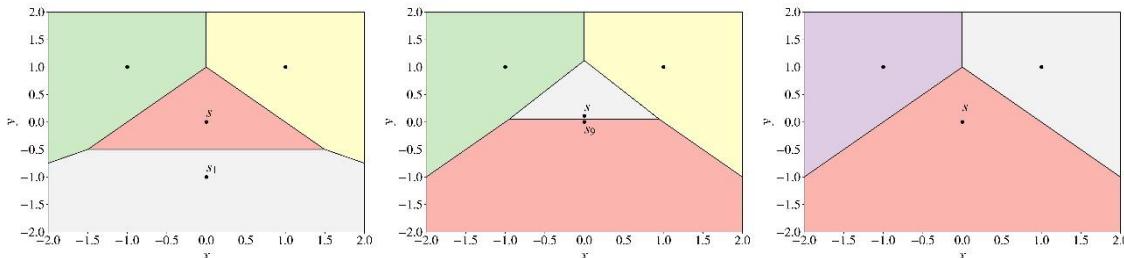


Figura 6. Diagramas de Voronoi en  $\mathbb{R}^2$  de  $\hat{T}_n$ , para  $\hat{T}_1, \hat{T}_9$  y en el límite  $T$ . Se puede observar (de izquierda a derecha) como la celda  $V_{\hat{T}_n}(s_n)$  no converge en sentido Hausdorff a  $V_T(s)$ .

Por este motivo, para modelar la muerte celular, se utiliza la generalización de celdas de Voronoi con peso  $\alpha$ , definida en (3), para  $\alpha \in [0,1]$  y  $\bar{t} \in T$ . Con los mismos argumentos dados por Voigt, 2008 para obtener la representación dada en **¡Error! No se encuentra el origen de la referencia.** se obtiene que  $V_T^\alpha(\bar{t})$  es el conjunto de puntos  $x \in \mathbb{R}^m$  tales que:

$$x^T(t - \bar{t}) \frac{1 - \alpha}{2} (\|t\|^2 - \|\bar{t}\|^2) + \alpha s^T(t - \bar{t}), t \in T \quad (7)$$

Con esta nueva definición y, teniendo en cuenta que por (7), las celdas mantienen sus propiedades de linealidad y convexidad, se modela la muerte de la célula con núcleo en el sitio  $s$  aumentando el peso  $\alpha$  en las celdas vecinas hasta lograr que  $V_T(s) = \{s\}$ , como se observa en la Figura .

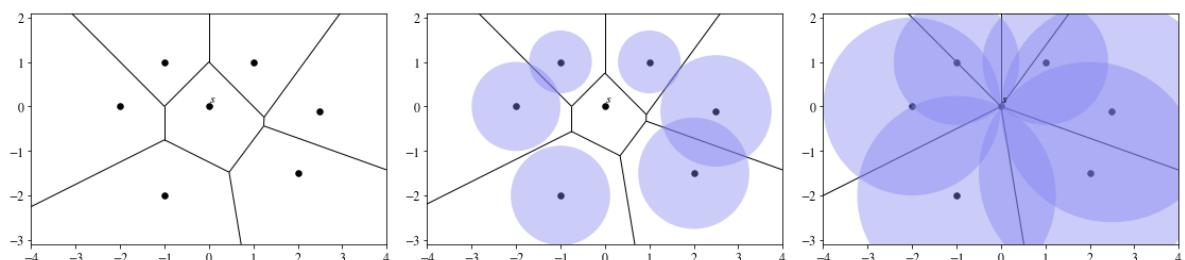


Figura 7. Diagramas de Voronoi con peso  $\alpha_n$ , para  $T$  en  $\mathbb{R}^2$ , simulando la muerte celular, para  $\alpha_n = 1 - \frac{1}{n}$  con  $n = 1$  (izquierda),  $n = 2$  (centro) y cuando  $n \rightarrow \infty$  (derecha).

**Proposición 6: (Convergencia de Kuratowski para muerte celular).** Sean  $s \in \text{int conv } T'$  y sea  $V_T^{\alpha_n}(s)$  la celda definida en (5) con  $\bar{t} = s$  y  $\alpha_n = 1 - \frac{1}{n}$ , para cada  $n \in \mathbb{N}$ . Entonces,  $V_T^{\alpha_n}(s)$  converge en sentido de Kuratowski a  $\{s\}$ .

**Demostración.** En primer lugar, de (5), se tiene que  $V_T^{\alpha_n}(s)$  es el conjunto de puntos  $x \in \mathbb{R}^m$  tales que

$$\|x - s\|^2 \leq \|x - t\|^2 - \left(1 - \frac{1}{n}\right) \|s - t\|^2,$$

para todo  $t \in T'$ . De Definición 2, los límites  $LiV_T^{\alpha_n}(s)$  y  $LsV_T^{\alpha_n}(s)$  para  $\{V_T^{\alpha_n}(s)\}$  son:

$$\left\{x \in \mathbb{R}^m: x = \lim_{n \rightarrow \infty} x_n, x_n \in V_T^{\alpha_n}(s), n \geq N\right\}$$

para algún  $N \in \mathbb{N}$ , y

$$\left\{x \in \mathbb{R}^m: x = \lim_{n \rightarrow \infty} x_k, x_k \in V_T^{\alpha_{n_k}}(s), \{n_k\} \subset \mathbb{N}\right\},$$

Respectivamente. Se demostrará que  $\{s\} \subseteq LiV_T^{\alpha_n}(s)$ : Claramente  $s \in V_T^{\alpha_n}(s)$  para todo  $n \in \mathbb{N}$ . Sea  $a_n = s$  para todo  $n \in \mathbb{N}$ . Entonces,  $a_n$  converge a  $s$  y  $a_n \in V_T^{\alpha_n}(s)$ , para todo  $n \in \mathbb{N}$ . Luego,  $s \in LiV_T^{\alpha_n}(s)$ , y así,  $\{s\} \subseteq LiV_T^{\alpha_n}(s)$ .

Se verá ahora que  $LsV_T^{\alpha_n}(s) \subseteq \{s\}$ : Sea  $a \in LsV_T^{\alpha_n}(s)$ . Entonces, existe una subsucesión  $\{n_k\}$  tal que  $x_{n_k} \in V_T^{\alpha_{n_k}}(s)$  y  $x_{n_k} \rightarrow a$ . Como  $x_{n_k} \in V_T^{\alpha_{n_k}}(s)$  entonces, sustituyendo  $\alpha_n$  por  $\left(1 - \frac{1}{n_k}\right)$  en (7), se tiene que

$$x_{n_k}^T(t-s) \leq \frac{1}{2n_k} (\|t\|^2 - \|s\|^2) + \left(1 - \frac{1}{n_k}\right) s^T(t-s)$$

luego,

$$x_{n_k}^T(t-s) - s^T t + \|s\|^2 \leq \frac{1}{2n_k} (\|t\|^2 + \|s\|^2 - s^T t),$$

$$(x_{n_k} - s)^T(t-s) \leq \frac{1}{2n_k} (\|t\|^2 - 2s^T t + \|s\|^2).$$

$$(x_{n_k} - s)^T(t-s) \leq \frac{1}{2n_k} \|t-s\|^2.$$

Luego, cuando  $n_k \rightarrow \infty$ ,  $(a-s)^T(t-s) \leq 0$ , para todo  $t \in T'$ .

Sea  $w \in \text{conv } T'$ . Entonces, existen escalares  $\beta_t > 0$ ,  $t \in T'$  tales que  $\sum_{t \in T'} \beta_t = 1$  y  $w = \sum_{t \in T'} \beta_t t$ . Luego,

$$\begin{aligned} (a-s)^T(w-s) &= (a-s)^T \left( \sum_{t \in T'} \beta_t t - s \right) \\ &= \sum_{t \in T'} \beta_t (a-s)^T(t-s) \\ &= \sum_{t \in T'} \beta_t (a-s)^T(t-s) \leq 0. \end{aligned}$$

Así,  $(a-s)^T(w-s) \leq 0$ , para todo  $t \in \text{conv } T'$ .

Por hipótesis,  $s \in \text{int conv } T'$ , luego existe  $\varepsilon > 0$  tal que  $s + \varepsilon z \in \text{conv } T'$  y  $s - \varepsilon z \in \text{conv } T'$ , para cada  $z \in B_1(0_n)$ . Si se considera  $w = s + \varepsilon z$ , entonces

$$\begin{aligned} (a-s)^T(s + \varepsilon z - s) &= (a-s)^T(\varepsilon z) \\ &= \varepsilon(a-s)^T z \\ &\leq 0. \end{aligned} \quad (8)$$

Ahora, si se considera  $w = s - \varepsilon z$ , entonces

$$\begin{aligned} (a-s)^T(s - \varepsilon z - s) &= (a-s)^T(-\varepsilon z) \\ &= -\varepsilon(a-s)^T z \leq 0. \end{aligned} \quad (9)$$

Por (8) y (9), se tiene que  $(a-s)^T z = 0$ , para todo  $z \in B_1(0_n)$ . En particular, si  $z = \frac{a-s}{\|a-s\|}$ , entonces  $(a-s)^T \frac{a-s}{\|a-s\|} = \|a-s\| = 0$ , y así,  $a = s$ . Por lo tanto,  $LsV_T^{\alpha_n}(s) \subseteq \{s\}$ .

Se ha probado así, que  $V_T^{\alpha_n}(s) \xrightarrow{K} \{s\}$ .

Para analizar la convergencia de Hausdorff, al igual que en los dos casos anteriores, se agrega el supuesto de que las celdas estén contenidas en un conjunto compacto  $E$ , si esto no ocurriese, se toma  $V_T^{\alpha_n}(s) \cap E$ .

**Proposición 3.2.6 (Convergencia de Hausdorff para muerte celular)** Sea  $E \subseteq \mathbb{R}^m$  compacto, de modo que  $V_T^n(s) \subseteq E$ , para todo  $n \in \mathbb{N}$ , y se supone  $s \in \text{int conv } T'$ . Entonces,  $V_T^{\alpha_n}(s)$  converge en sentido de Hausdorff a  $\{s\}$ .

*Demostración.* Si bien se puede utilizar la Proposición 1 para realizar esta demostración, se hará una demostración alternativa.

Según Definición 1 se debe demostrar que

$$e(\{s\}, V_T^{\alpha_n}(s)) \rightarrow 0 \quad \text{y} \quad e(V_T^{\alpha_n}(s), \{s\}) \rightarrow 0.$$

Se mostrará primero que  $e(V_T^{\alpha_n}(s), \{s\}) \rightarrow 0$ : Sea  $x_n \in V_T^{\alpha_n}(s)$  tal que  $d(x_n, s) = e(V_T^{\alpha_n}(s), \{s\})$ . Como  $E$  es compacto, existe  $\bar{x} \in E$  y una subsucesión  $\{x_{n_k}\}$  tal que  $x_{n_k} \rightarrow \bar{x} \in E$ . Por proposición 6,  $V_T^{\alpha_n}(s) \xrightarrow{K} \{s\}$ , entonces  $\bar{x} \in LsV_T^{\alpha_n}(s) \subseteq \{s\}$ . Es decir,  $\bar{x} = s$ . Así, dado  $\varepsilon > 0$ , existe  $N \in \mathbb{N}$  tal que si  $k > N$ , entonces  $d(x_{n_k}, s) < \varepsilon$ .

Del hecho de que  $\|x - t\|^2 - \left(1 - \frac{1}{n+1}\right) \|s - t\|^2$  es menor o igual a  $\|x - t\|^2 - \left(1 - \frac{1}{n}\right) \|s - t\|^2$ , se obtiene que  $V_T^{\alpha_{n+1}}(s) \subseteq V_T^{\alpha_n}(s)$ . Por lo tanto,  $e(V_T^{\alpha_{n+1}}(s), \{s\}) \leq e(V_T^{\alpha_n}(s), \{s\})$ . Luego, para cada  $n$  tal que  $n > n_k$ , con  $k > N$ , se cumple que

$$e(V_T^{\alpha_n}(s), \{s\}) \leq e(V_T^{\alpha_{n_k}}(s), \{s\}) = d(x_{n_k}, s) < \varepsilon.$$

Luego,  $e(V_T^{\alpha_n}(s), \{s\}) \rightarrow 0$ .

Se verá ahora que  $e(\{s\}, V_T^{\alpha_n}(s)) \rightarrow 0$ : Esto se deduce de que  $s \in V_T^{\alpha_n}(s)$  para todo  $n \in \mathbb{N}$ , lo que

## 1. Conclusiones

Los resultados presentados permiten interpretar los fenómenos de movimiento, la división (mitosis) y muerte celular desde una perspectiva geométrica basada en la teoría de celdas de Voronoi y las nociones de convergencia de Kuratowski y Hausdorff.

En el caso del movimiento celular, se demostró que, si el núcleo de una célula se desplaza según una sucesión de puntos que converge a una posición fija dentro de un dominio compacto, entonces la correspondiente celda de Voronoi también converge en sentido de Kuratowski y Hausdorff. Este resultado no solo valida el uso de diagramas de Voronoi para simular dinámicas celulares, sino que también proporciona una base teórica sólida para asegurar la estabilidad del modelo ante desplazamientos discretos de los núcleos celulares. Este fenómeno -el desplazamiento de una célula a través de un tejido- puede observarse, por ejemplo, en la cicatrización del epitelio, donde los fibroblastos migran hacia la zona lesionada para generar nuevo tejido conectivo.

Para el fenómeno la división celular, se modeló la mitosis como la adición de un nuevo sitio al conjunto de generadores. Al establecer que este nuevo sitio converge a una posición límite dentro del dominio, se logró demostrar la convergencia en ambos sentidos (Kuratowski y Hausdorff). Esta formalización se puede utilizar para describir procesos de proliferación celular, como la regeneración de tejidos o el crecimiento tumoral, en los que la estructura espacial de las células juega un rol central.

El análisis de la muerte celular fue más desafiante, ya que la simple eliminación de un sitio no garantiza convergencia. Para resolver esto, se introdujo una nueva definición de celdas de Voronoi con peso, en donde se aumenta progresivamente el peso de las celdas contiguas a la celda que se desea eliminar, hasta que su dimensión tiende a cero, simulando así una célula cuyo volumen tiende a cero. Este enfoque no solo permite modelar el proceso de muerte celular desde una perspectiva geométrica, sino que también asegura la continuidad del sistema en términos topológicos, algo que no era posible en el modelo clásico. Se trata, por lo tanto, de una

implica que  $e(\{s\}, V_T^{\alpha_n}(s)) = 0$ , para todo  $n \in \mathbb{N}$ .

Por lo tanto,  $V_T^{\alpha_n}(s) \xrightarrow{H} \{s\}$ .

propuesta original que puede ser útil en contextos en los que es necesario simular muertes celulares programadas, como la apoptosis o ciertos procesos de remodelación tisular.

En conjunto, estos resultados muestran que las nociones de convergencia de conjuntos aplicadas a celdas de Voronoi permiten formalizar y simular dinámicas celulares complejas con precisión matemática. Las propiedades de linealidad, convexidad y continuidad de las celdas juegan un papel central en esta construcción, y su preservación bajo ciertos supuestos garantiza la validez del modelo.

Como línea futura, se propone ampliar el marco teórico a espacios tridimensionales y explorar condiciones más generales de convergencia, así como integrar este enfoque en sistemas computacionales que permitan validar los modelos con datos empíricos o experimentales.

## 2. Agradecimientos

Los autores agradecen a la Universidad Nacional de Cuyo (SIIP 06/80020240100387UN, SIIP 06/80020240400087UN) y al Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) por el apoyo financiero que hizo posible la realización de este trabajo.

## 3. Referencias

- Ambrosio, L.; Tilli, P. (2004). Topics on analysis in metric spaces. Oxford University Press, USA.
- Aurenhammer, F.; Edelsbrunner, H. (1984). An optimal algorithm for constructing the weighted Voronoi diagram in the plane. Pattern recognition, 17(2), 251-257.
- Barber, C. B.; Dobkin, D. P.; Huhdanpaa, H. (1996). The quickhull algorithm for convex hulls. ACM Transactions on Mathematical Software, 22(4), 469-483.
- Bock, M.; Tyagi, A.K.; Kreft, JU.; Alt, W. (2010). Generalized Voronoi Tessellation as a

- Model of Two-dimensional Cell Tissue Dynamics. *Bull. Math. Biol.* 72, 1696–1731.
- Brillouin, L. (1930). Les électrons dans les métaux et le classement des ondes de de Broglie correspondantes. *C. R. Hebd. Séances Acad. Sci.* 191, 292.
- Delaunay, B. (1934). Sur la sphère vide. A la mémoire de Georges Voronoi. *Bulletin de l'Académie des Sciences de l'URSS.*, 6, 793-800.
- Descartes, R. (1656). *Renati Des-Cartes Principia philosophiae*. Amstelodami, apud Johannem Jansonium Juniorem.
- Dirichlet, G.L. (1850). Über die Reduction der positiven quadratischen Formen mit drei unbestimmten ganzen Zahlen. *Journal für die reine und angewandte Mathematik* 40, 209-227.
- Fan, C., Raichel, B. (2025). Linear Expected Complexity for Directional and Multiplicative Voronoi Diagrams. *Discrete Comput Geom* 73, 1–24
- Goberna, M.; Rodríguez, M.; Vera de Serio, V. (2012). Voronoi cells of arbitrary sets via linear inequality systems. *Linear Algebra Appl.* 436, 2169-2186.
- Lucchetti, R. (2006). Convexity and Well-Posed Problems. Springer New York.
- Nguyen, N. A.; Olaru, S.; Rodriguez-Ayerbe, P. (2015). Recognition of additively weighted Voronoi diagrams and weighted Delaunay decompositions. European Control Conference (ECC), 328-333.
- Preparata, F. P.; Shamos, M. I. (1985). Computational geometry: an introduction. NewYork.
- Ridolfi, A. B., Vera de Serio, V. N. (2023). A Radius of Robust Feasibility for Uncertain Farthest Voronoi Cells. *Set-Valued and Variational Analysis*, 31(1), 11.
- Thiessen, A.H., (1911). Precipitation averages for large areas. *Mont. Weather Rev.* 39, 1082-1084.
- Voronoi, G. (1908). Nouvelles applications des paramètres continus à la théorie des formes quadratiques. Deuxième mémoire. Recherches sur les paralléloèdres primitifs. *Journal für die reine und angewandte Mathematik* 134, 198-287.
- Voigt, I. K. (2008). Voronoizellen diskreter Punktmengen, Ph.D. thesis, TU Dortmund University, Faculty of Mathematics, Dortmund.
- Wigner, E.; Seitz, F. (1933). On the constitution of metallic sodium. *Phys. Rev.* 43, 804-810.
- Zou, S., Gong, H., Gao, J. Zhou, L. (2024). Simulation of cells mechanical responses during perfusion culture in Voronoi-lattice scaffolds using multiphase FSI model. *Acta Mech. Sin.* 40, 624031.

#### 4. Anexos

*Celdas sin peso:* A continuación, se presenta el código en Python utilizado para generar celdas de Voronoi sin peso, a partir de un conjunto de sitios definidos manualmente. El código permite graficar las regiones resultantes y exportar la imagen generada en alta resolución.

```
import numpy as np
from matplotlib import pyplot as plt
from scipy.spatial import distance
import matplotlib
matplotlib.rcParams['mathtext.fontset'] = 'stix'
matplotlib.rcParams['font.family'] = 'STIXGeneral'

sitios = np.array([[0.3,0],[-1,1],[1,1],[-2,0],[0,-1],[2.5,-0.1],
                  [2,-1.5], [-1.5,-1.75]])
#se colocan las coordenadas de los sitios

x = np.linspace(-2.5,2.5,1000)
y = np.linspace(-2,2,1000)
x,y = np.meshgrid(x,y)

points = np.stack((x.ravel(), y.ravel()), axis=1)

distances = distance.cdist(points, sitios)

celdas =
np.argmin(distances, axis=1).reshape(x.shape)

plt.figure(figsize=(10,7))
plt.contour(celdas, extent=(-2.5, 2.6, -2, 2), linewidths=1, colors='k')
```

```

plt.contourf(celdas, extent=(-2.5,2.6,-2,2),cmap="Pastel1")

plt.scatter(sitios[:, 0], sitios[:, 1],marker='o', s=40,color='k')

plt.xticks(size=24)
plt.yticks(size=24)

plt.text(0.3,0.1,'$ V_{T}(s)$', fontsize = 28)

plt.tight_layout()
plt.savefig('Imagen1-4.jpg',dpi=300)

```

### Celdas con peso

El siguiente script permite generar celdas de Voronoi con peso, simulando la desaparición progresiva de una célula. Este modelo fue adaptado a partir de un repositorio en línea y modificado para ajustarse al enfoque propuesto en este trabajo:

[https://gist.github.com/sunayana/a3a564058e97752f726ca65d56fab529.](https://gist.github.com/sunayana/a3a564058e97752f726ca65d56fab529)

```

import itertools
import numpy
from scipy.spatial import ConvexHull
from scipy.spatial import distance
from matplotlib.collections import LineCollection
from matplotlib import pyplot as plot
import matplotlib
matplotlib.rcParams['mathtext.fontset'] =
'stix'
matplotlib.rcParams['font.family'] =
'SТИXGeneral'

def disc_uniform_pick(N):
    angle = (2 * numpy.pi) *
        numpy.random.random(N)
    out = numpy.stack([numpy.cos(angle),
        numpy.sin(angle)], axis = 1)
    out *=
    numpy.sqrt(numpy.random.random(N))[:,None]
    return out

def norm2(X):
    return numpy.sqrt(numpy.sum(X ** 2))

def normalized(X):
    return X / norm2(X)

def get_triangle_normal(A, B, C):
    return normalized(numpy.cross(A,B) +
        numpy.cross(B, C) +
        numpy.cross(C, A))

def get_power_circumcenter(A, B, C):

```

```

N = get_triangle_normal(A, B, C)
return (-.5 / N[2]) * N[:2]

def is_ccw_triangle(A, B, C):
    M = numpy.concatenate([numpy.stack([A,
        B, C]), numpy.ones((3, 1))], axis = 1)
    return numpy.linalg.det(M) > 0

def get_power_triangulation(S, R):
    S_norm = numpy.sum(S ** 2, axis = 1) -
    R ** 2
    S_lifted = numpy.concatenate([S,
        S_norm[:,None]], axis = 1)
    if S.shape[0] == 3:
        if is_ccw_triangle(S[0], S[1],
            S[2]):
            return [[0, 1, 2]],
            numpy.array([get_power_circumcenter(*S_lifted)])
        else:
            return [[0, 2, 1]],
            numpy.array([get_power_circumcenter(*S_lifted)])
    hull = ConvexHull(S_lifted)

    tri_list = tuple([a, b, c] if
        is_ccw_triangle(S[a], S[b], S[c])
        else [a, c, b] for
        (a, b, c), eq in zip(hull.simplices,
        hull.equations) if eq[2] <= 0)

    V =
    numpy.array([get_power_circumcenter(*
        S_lifted[tri]) for tri in
        tri_list])

    return tri_list, V

def get_voronoi_cells(S, V, tri_list):
    vertices_set =
        frozenset(itertools.chain(*tri_list
            ))
    edge_map = { }
    for i, tri in
        enumerate(tri_list):
        for edge in
            itertools.combinations(tri, 2):
            edge = tuple(sorted(edge))
            if edge in edge_map:
                edge_map[edge].append(i)
            else:
                edge_map[edge] = [i]
    voronoi_cell_map = { i : [] for
        i in vertices_set }
    for i, (a, b, c) in
        enumerate(tri_list):
        for u, v, w in ((a, b, c),
            (b, c, a), (c, a, b)):
            edge = tuple(sorted((u,
                v)))
            if len(edge_map[edge]) ==
            2:
                j, k = edge_map[edge]

```

```

        if k == i:
            j, k = k, j
            U = V[k] -
            V[j]
            U_norm =
            norm2(U)
            voronoi_cell_map[u].append(((j, k),
            (V[j], U / U_norm, 0, U_norm)))
        else:
            A, B, C, D = S[u], S[v], S[w], V[i]
            U = normalized(B - A)
            I = A + numpy.dot(D - A, U) * U
            W = normalized(I - D)
            if numpy.dot(W, I - C) < 0:
                W = -W
            voronoi_cell_map[u].append(((edge_m
            ap[edge][0], -1), (D, W, 0,
            None)))
            voronoi_cell_map[v].append((-1,
            edge_map[edge][0]), (D, -W, None,
            0)))
    def order_segment_list(segment_list):
        first = min((seg[0][0], i) for i, seg
        in enumerate(segment_list))[1]
        segment_list[0],
        segment_list[first] =
        segment_list[first],
        segment_list[0]
        for i in range(len(segment_list) - 1):
            for j in range(i + 1,
            len(segment_list)):
                if segment_list[i][0][1] ==
                segment_list[j][0][0]:
                    segment_list[i+1],
                    segment_list[j] =
                    segment_list[j],
                    segment_list[i+1]
                    break
            return segment_list
        return {i :
        order_segment_list(segment_list) for i,
        segment_list in
        voronoi_cell_map.items() }

    def display(S, R, tri_list,
    voronoi_cell_map):
        fig, ax = plot.subplots()
        plot.axis('equal')
        plot.xlim(-4,4)
        plot.xticks(size=12)
        plot.yticks(size=12)
        for Si, Ri in zip(S, R):
            ax.add_artist(
                plot.Circle(Si, Ri, fill = True,
                alpha = .4, lw = 0.,
                color = '#8080f0', zorder = 1))
        plot.scatter(S[:, 0], S[:, 1], marker='o', s=30,color='k')
        plot.text(0,0,1,'$s$', fontsize =
        12)
        edge_map = { }
        for segment_list in
        voronoi_cell_map.values():
            for edge, (A, U, tmin, tmax) in
            segment_list:
                edge = tuple(sorted(edge))
                if edge not in edge_map:
                    if tmax is None:
                        tmax = 10
                    if tmin is None:
                        tmin = -10
                    edge_map[edge] = (A + tmin
                    * U, A + tmax * U)
                line_list =
                LineCollection(edge_map.values(), lw = 1.,
                colors = 'k')
                line_list.set_zorder(0)
                ax.add_collection(line_list)

        plot.savefig('Muerte_pesos_cuadrado
        s_5.jpg',dpi=300)
        plot.show()

    def main():
        sample_count = 7
        S = numpy.array([[0,0],
        [-1,1],[1,1],[-2,0],
        [-1,-2],[2.5,-0.1],
        [2,-1.5]])
        s = numpy.array([S[0]])
        alpha = 0.999
        weight = alpha *
        (distance.cdist(S,s))
        R = weight.flatten()
        print(R)

        tri_list, V =
        get_power_triangulation(S, R)

        voronoi_cell_map =
        get_voronoi_cells(S, V, tri_list)

        display(S, R, tri_list,
        voronoi_cell_map)

if __name__ == '__main__':
    main()

```