

# Algoritmo genético para la Descomposición de Minkowski de polígonos convexos <sup>\*</sup>

Edilma O. Gagliardi <sup>†</sup>    Gregorio Hernández <sup>‡</sup>    Guillermo Leguizamón <sup>§</sup>  
M<sup>a</sup> Teresa Taranilla <sup>¶</sup>

## Resumen

En este trabajo estudiamos el problema de la descomposición de Minkowski de polígonos convexos. Dado un polígono convexo  $S$ , queremos encontrar polígonos  $P$  y  $Q$  tales que  $S$  es la suma de Minkowski de  $P$  y  $Q$ . El problema de decidir si un polígono convexo admite una descomposición de Minkowski es un problema NP-completo. Una alternativa para la resolución aproximada de este tipo de problemas son las técnicas metaheurísticas. Aquí presentamos un algoritmo genético para el problema.

## 1 Introducción

En diversas disciplinas actuales como robótica, visión artificial, computación gráfica, sistemas de información geográfica, diseño asistido por computadora, entre otras, se requiere construir y manejar eficientemente objetos geométricos. En ocasiones los problemas son NP-duros, no conociéndose algoritmos eficientes que los resuelven. Sin embargo, existe la necesidad de encontrar respuestas a tales problemas, buscándose algoritmos que den respuestas aproximadas a los problemas planteados. Estos algoritmos aproximados pueden ser específicos para el problema tratado o formar parte de una estrategia general que se puede aplicar a multitud de problemas, en cuyo caso estamos hablando de metaheurísticas.

En este trabajo estudiamos el problema de la descomposición de Minkowski de polígonos convexos. Dado un polígono convexo  $S$ , queremos encontrar polígonos  $P$  y  $Q$  tales que  $S$  es la suma de Minkowski de  $P$  y  $Q$ . El problema de decidir si dado un polígono convexo  $S$  existen  $P$  y  $Q$  tales que  $S = P \oplus Q$  es un problema NP-completo cuando imponemos restricciones de cierto tipo a los sumandos, tal como se demuestra en [4], [5] y [7], por lo que una alternativa para la resolución aproximada del problema será la utilización de una técnica metaheurística.

Aquí presentamos una propuesta usando *Algoritmos Genéticos*, para resolver el problema de la descomposición de Minkowski de polígonos convexos. El artículo está organizado de la siguiente manera: en la sección 2 presentamos la descomposición de Minkowski mostrando sus aspectos y variantes más relevantes. En la sección 3 mostramos su resolución usando *Algoritmos Genéticos*. En la sección 4 se describen los lotes de polígonos sobre los cuales se trabajó en el estudio experimental y se muestran los resultados obtenidos por el algoritmo genético comparándolos con otra estrategia de búsqueda aleatoria de soluciones (*Random Search*).

---

<sup>\*</sup>Parcialmente subvencionado por Proyecto Tecnologías Avanzadas de Bases de Datos 22/F314, UNSL y Proyecto AL07-PAC-027, UPM.

<sup>†</sup>Departamento de Informática, Universidad Nacional de San Luis (Argentina) [oli@unsl.edu.ar](mailto:oli@unsl.edu.ar)

<sup>‡</sup>Facultad de Informática, Universidad Politécnica de Madrid [gregorio@fi.upm.es](mailto:gregorio@fi.upm.es)

<sup>§</sup>Departamento de Informática, Universidad Nacional de San Luis (Argentina) [legui@unsl.edu.ar](mailto:legui@unsl.edu.ar)

<sup>¶</sup>Departamento de Informática, Universidad Nacional de San Luis (Argentina) [tarani@unsl.edu.ar](mailto:tarani@unsl.edu.ar)

## 2 Descomposición en Suma de Minkowski

La suma de Minkowski es una operación geométrica ampliamente utilizada en diversas áreas entre las que se pueden citar: robótica, diseño y fabricación asistida por computadora, procesamiento de imágenes o sistemas de información geográfica.

**Definición 2.1.** Si  $P$  y  $Q$  son dos conjuntos en  $\mathbb{R}^n$ , la suma de Minkowski de  $P$  y  $Q$  se define como  $P \oplus Q = \{p + q/p \in P, q \in Q\}$

La complejidad de la suma de Minkowski de dos polígonos del plano  $P$  y  $Q$  con  $n$  y  $m$  vértices respectivamente, es  $O(n + m)$  si ambos polígonos son convexos,  $O(nm)$  si uno de los polígonos es convexo y el otro no convexo y  $O(n^2m^2)$  si ambos polígonos no son convexos (ver [1]). La construcción de la suma de Minkowski es un problema ampliamente estudiado. Es un problema de complejidad polinómica y en [3] pueden verse algoritmos eficientes para el caso plano.

**Definición 2.2.** Si  $S$  es un conjunto convexo en  $\mathbb{R}^n$ , una descomposición de Minkowski de  $S$  es un par de conjuntos convexos  $P$  y  $Q$  tales que  $S = P \oplus Q$

Todo conjunto convexo  $S$  se descompone trivialmente en una suma de la forma  $S = \lambda S \oplus (1 - \lambda)S$  para  $0 \leq \lambda \leq 1$ . Estas descomposiciones en sumandos homotéticos a  $S$  se denominan descomposiciones triviales. Si los conjuntos  $P$  y  $Q$  no son homotéticos a  $S$  se denominan sumandos de  $S$ . Un conjunto convexo  $S$  se dice descomponible si admite una descomposición no trivial. En la figura 1 se muestran dos descomposiciones de un polígono  $S$ , una de ellas trivial.

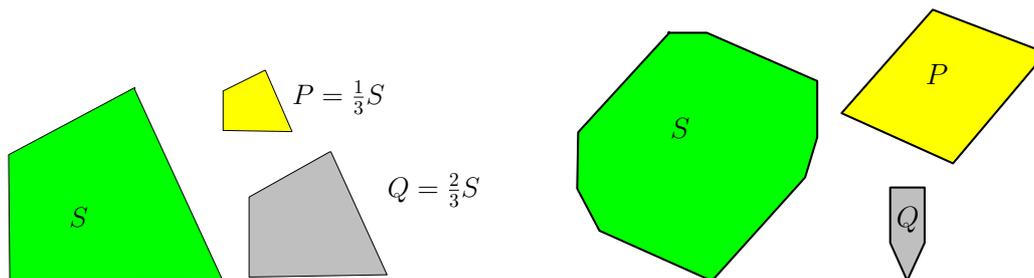


Figura 1: Dos descomposiciones de  $S$  en suma de Minkowski. A la izquierda una descomposición trivial.

La caracterización de los sumandos de un polítopo en dimensión  $d$  se debe a Shepard (ver [9]). Para polígonos convexos en el plano dice que:

**Proposición 2.3.** *Dados  $S$  y  $P$  polígonos convexos del plano,  $P$  es un sumando de  $S$  es decir, existe  $Q$  tal que  $S = P \oplus Q$  si y sólo si los lados de  $P$  son paralelos a los de  $S$  y la longitud de cada uno de ellos es menor o igual que la del correspondiente lado de  $S$ .*

Con esto el problema de existencia de sumandos para un polígono convexo dado queda resuelto de forma trivial. Todo polígono  $S$  tiene infinitos sumandos. Si  $S$  tiene por lados  $e_1, e_2, \dots, e_n$  con la condición  $\sum e_i = 0$  entonces sus sumandos son los polígonos de lados  $\lambda_1 e_1, \lambda_2 e_2, \dots, \lambda_n e_n$  con la condición  $\sum \lambda_i e_i = 0$ , por ser polígonos cerrados y  $0 \leq \lambda_i \leq 1$ . (Ver figura 2)

Pero los infinitos sumandos tienen sus lados paralelos. En 1987, Iwano y Steiglitz [5], estudiando problemas de aciclicidad en grafos infinitos, consideraron descomposiciones de polígonos convexos en las que no se admitían sumandos con lados paralelos. Este tipo de descomposición se denomina descomposición *fuerte*

**Definición 2.4.** Un polígono convexo  $S$  es fuertemente descomponible si admite una descomposición en sumandos tales que ninguna arista de un sumando es paralela a una arista del otro sumando.

Un polígono puede tener más de una descomposición fuerte, según se muestra en el ejemplo de la figura 3, donde el polígono  $S$  de vértices  $\{(0, 0), (1, 0), (2, 1), (2, 2), (1, 2), (0, 1)\}$  se descompone en

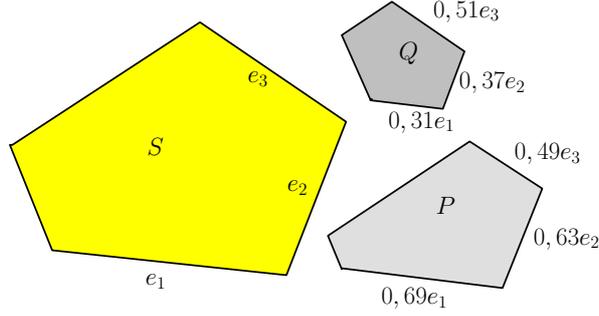


Figura 2: Una de las infinitas descomposiciones de  $S$

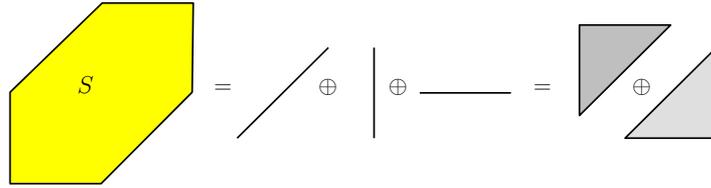


Figura 3: Un polígono que admite dos descomposiciones fuertes

suma de los segmentos  $\{(0, 0), (1, 1)\}$ ,  $\{(0, 0), (0, 1)\}$  y  $\{(0, 0), (1, 0)\}$  o de los triángulos rectángulos  $T = \{(0, 0), (1, 1), (0, 1)\}$  y  $T' = \{(0, 0), (1, 0), (1, 1)\}$ .

Debemos observar aquí que se consideran orientadas las aristas del polígono. Es decir, un polígono está definido por la sucesión ordenada de sus vectores lado,  $e_1, e_2, \dots, e_n$  con la condición  $\sum e_i = 0$ . Con esto los triángulos  $T$  y  $T'$  del ejemplo anterior no tienen aristas paralelas. Iwano e Steiglitz demostraron que el problema de determinar si un polígono es fuertemente descomponible es NP-completo.

Un tercer tipo de descomposición de polígonos aparece en relación con la factorización de polinomios. Ostrowski [8], observó que la factorización de un polinomio en  $n$  variables estaba relacionada con la descomposición de cierto politopo en  $\mathbb{R}^n$ , llamado *politopo de Newton*,  $S(f)$ , y demostró que si un polinomio  $f$  factoriza en el producto  $f = g \cdot h$  entonces el *politopo de Newton* de  $f$  se descompone en la suma de los politopos de Newton correspondientes a  $g$  y  $h$ , es decir,  $S(f) = S(g) \oplus S(h)$ .

Las coordenadas de los vértices de los politopos de Newton son números enteros por lo que se denominan *politopos integrales*. Así resulta de interés estudiar la *descomposición integral de politopos*, introducida en 2001 por Gao y Lauder en [4], para caracterizar la irreducibilidad de polinomios.

**Definición 2.5.** Un politopo integral es integralmente descomponible si puede descomponerse en suma de Minkowski de dos politopos integrales, cada uno de ellos con más de un punto.

Gao y Lauder demuestran en [4] que el problema de decidir la existencia de una descomposición integral para un politopo integral también es NP-completo, incluso en el caso de dimensión 2.

En este trabajo estudiaremos la descomposición fuerte de polígonos convexos presentando algoritmos aproximados para la obtención de sumandos.

### 3 Algoritmo genético para la descomposición fuerte

Dado un polígono convexo  $S$  queremos hallar dos polígonos convexos  $P$  y  $Q$ , sin lados paralelos, de forma que el polígono  $P \oplus Q$  sea una buena aproximación de  $S$ . La bondad de esa aproximación se medirá con la diferencia simétrica de los polígonos inicial y final. Planteamos el problema a resolver más formalmente.

### Problema 3.1. $SMINK^{-1}$

Sean  $S$  un polígono convexo de  $n$  lados y  $P$  otro polígono convexo obtenido a partir de la elección de algunos lados de  $S$ . Sea  $Q$  un polígono convexo obtenido a partir de los restantes lados de  $S$ . Se calcula  $P \oplus Q$  y se mide el área de la diferencia simétrica entre  $P \oplus Q$  y  $S$ . El problema consiste en encontrar un polígono  $P$  que minimice el valor de  $f(P) = \text{Área}((P \oplus Q) \triangle S)$ .

Resolveremos el problema con un algoritmo genético y contrastaremos los resultados obtenidos con un algoritmo de búsqueda aleatoria (*random search*).

Los *Algoritmos Genéticos* son una de las técnicas metaheurísticas de resolución de problemas dentro de lo que se ha definido como **Algoritmos Evolutivos** término que agrupa a los *Algoritmos Genéticos*, las *Estrategias Evolutivas* y la *Programación Evolutiva*. Los *Algoritmos Genéticos* son métodos de búsqueda que recorren el espacio de soluciones en forma paralela y aleatoria. Con este fin, se mantiene una población de individuos que representan las soluciones candidatas. Dicha población evoluciona en el tiempo a través de la competencia entre los individuos y una variación controlada de los mismos. En cada etapa, a partir de la población de soluciones candidatas, se genera una nueva población de soluciones mediante mecanismos que simulan la selección, el cruzamiento y la mutación de las especies. El método trabaja, generación tras generación, mejorando la calidad de la mejor solución (ver [6]). Seguidamente describimos brevemente los componentes principales del algoritmo genético implementado para este problema.

**Representación.** Un polígono  $P$  se representa por una cadena binaria de  $n$  bits donde un 1 en la posición  $i$  significa que el lado  $i$ -ésimo de  $S$  forma parte de  $P$ , y un 0 que no forma parte. El polígono  $S$  y los sumandos  $P$  y  $Q$  deben ser polígonos convexos. Pero con la elección de lados que se ha hecho para  $P$  sólo garantizamos que sea una cadena poligonal y lo mismo sucede con los restantes lados, que dan lugar a una cadena poligonal  $Q$ , y tanto  $P$  como  $Q$  no siempre son polígonos simples. En ese caso  $P$  (o  $Q$ ) se consideran una solución no factible. Para evitar que esta situación impacte sobre el tamaño del espacio de soluciones factibles, se modificó el proceso de decodificación de forma que siempre se obtenga un polígono convexo. El proceso de decodificación es el siguiente: dada una cadena binaria  $x \in \{0, 1\}^n$ , construimos la cadena poligonal correspondiente  $P$  y su cierre convexo  $P' = CH(P)$ . El polígono  $P'$  es una aproximación geométrica de  $P$  y cumple con las condiciones requeridas para considerar factible una solución. Este proceso de decodificación, no implica reparación de las soluciones y permite que las soluciones no factibles siempre se puedan evaluar como factibles.

**Población inicial.** Una población de cromosomas donde cada cromosoma es una cadena binaria de  $n$  bits, donde  $n$  es el número de lados de  $S$  y cada bit se genera en forma aleatoria.

**Función de evaluación.** La función de evaluación recibe como parámetro un cromosoma que representa una secuencia de lados de  $P$ . Obtiene  $Q$  como complemento del cromosoma recibido como parámetro. Decodifica  $P$  y  $Q$  hallando  $P' = CH(P)$  y  $Q' = CH(Q)$ , calcula  $S' = P' \oplus Q'$  y devuelve el área de la diferencia simétrica entre  $S$  y  $S'$ .

**Operadores genéticos.** Utilizamos la recombinación (*crossover*) de un punto que intercambia subcadenas determinadas en una posición aleatoria. La operación de mutación usada consiste en reemplazar con cierta probabilidad el valor de un bit. El operador de selección utilizado es el de selección por torneo; este método selecciona un cierto número de candidatos (en nuestro caso dos individuos) y elige el mejor individuo entre ellos.

## 4 Estudio experimental y resultados obtenidos

La evaluación del comportamiento de heurísticas aplicadas en la resolución de problemas geométricos necesita generar aleatoriamente instancias de prueba. En este caso necesitamos contar con un conjunto adecuado de instancias de tamaño y complejidad variados generadas aleatoriamente para experimentación, prueba y verificación del algoritmo genético que resuelve el problema  $SMINK^{-1}$ . Con esta finalidad, construimos un generador aleatorio de polígonos convexos que nos permite construir lotes de prueba de diferentes magnitudes; en cantidad de polígonos, en número de vértices y en su forma. El método utilizado para la generación de polígonos convexos es un método incremental, que

en cada paso añade un nuevo vértice al polígono construido, manteniendo la condición de convexidad del polígono. El algoritmo incluye una manera de controlar la forma del polígono, permitiendo obtener polígonos de forma *alargada* o *redondeada*. En la figura 4 se muestran ejemplos de polígonos convexos obtenidos con nuestro generador.

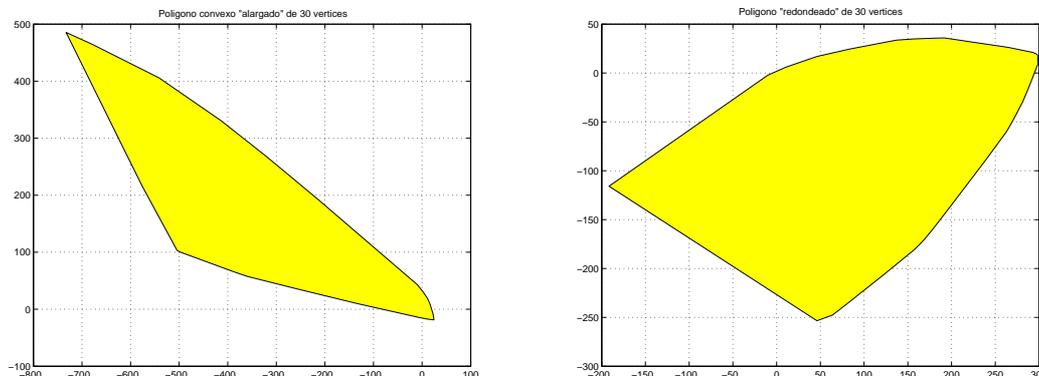


Figura 4: Polígonos aleatorios de 30 vértices. Alargado a la izquierda, redondeado a la derecha.

Los lotes de prueba sobre los que se realizaron los experimentos son:

- Lote PG-R: contiene cuatro lotes de prueba, denominados LotePG-R-30, LotePG-R-50, LotePG-R-80 y LotePG-R-100, con 30, 50, 80 y 100 vértices respectivamente. Cada uno de estos lotes es un conjunto de 30 instancias donde cada instancia es un polígono convexo de forma *redondeada*
- Lote PG-NR: consta de cuatro lotes de prueba, denominados Lote PG-NR-30, Lote PG-NR-50, Lote PG-NR-80 y Lote PG-NR-100. Cada uno de estos lotes es un conjunto de 30 instancias donde cada instancia es un polígono convexo de forma *alargada*

La medida utilizada para comparar la similitud entre la forma del polígono inicial  $S$  y el polígono  $S'$  obtenido por el algoritmo genético, es el área de la diferencia simétrica entre ambos. Se utilizaron dos ubicaciones diferentes para comparar los polígonos, obteniendo así dos funciones de evaluación.

1. Función  $f_1$ : Minimiza el área de la diferencia simétrica entre el polígono  $S$  y el polígono  $S'$  cuando se superponen de forma que coincidan los vértices de menor ordenada de cada polígono.
2. Función  $f_2$ : Minimiza el área de la diferencia simétrica entre el polígono  $S$  y  $S'$  cuando se superponen los baricentros de ambos polígonos.

## 4.1 Búsqueda aleatoria

En esta sección proponemos un algoritmo sencillo de búsqueda aleatoria (*Random Search*) para el problema  $SMINK^{-1}$ , cuyos resultados serán comparados con los obtenidos por el Algoritmo Genético implementado. La idea es realizar una búsqueda aleatoria sobre el conjunto de posibles soluciones. Dado el polígono convexo  $S$  se construye un polígono  $P$  eligiendo aleatoriamente algunos de los lados de  $S$ . Esta solución se evalúa del mismo modo que lo hace el algoritmo genético, calculando el área de la diferencia simétrica entre el polígono inicial y el polígono obtenido con la solución generada al azar. Se generan 100 soluciones al azar, se evalúa cada una de ellas y se elige aquella que minimice el área de la diferencia simétrica.

Para cada lote presentamos una tabla que resume los resultados obtenidos con esta estrategia, *Random Search*, utilizando las funciones de evaluación  $f_1$  y  $f_2$ . La primera columna muestra el nombre del lote. La segunda columna el tamaño de los polígonos de ese lote. Las columnas %similitud- $f_1$  y %similitud- $f_2$  representan el porcentaje medio de similitud obtenido entre los 30 polígonos del

lote usando las funciones de evaluación  $f_1$  y  $f_2$  respectivamente. Las columnas `std-dev1` y `std-dev2` representan la desviación estándar. La tabla 1 expone los resultados obtenidos para el lote de polígonos redondeados, LotePG-R, y la tabla 2 los valores obtenidos para el lote de polígonos alargados, LotePG-NR.

Lotes	vértices	% Similitud- $f_1$	Std-dev	% Similitud- $f_2$	Std-dev
LotePG-R-30	30	90,17	5,36	93,24	3,65
LotePG-R-50	50	87,26	8,92	91,46	6,59
LotePG-R-80	80	90,94	7,01	92,08	4,17
LotePG-R-100	100	92,94	7,80	90,85	3,88

Table 1: Resultados del Lote PG-R con *Random Search*

En la tabla 1, se observa que el porcentaje medio de similitud obtenido con *Random Search* oscila entre el 87% y el 92%, obteniéndose resultados ligeramente mejores con la función  $f_2$ .

Lotes	vértices	% Similitud- $f_1$	Std-dev	% Similitud- $f_2$	Std-dev
LotePG-NR-30	30	90,77	5,40	91,36	4,50
LotePG-NR-50	50	90,86	6,24	89,77	5,42
LotePG-NR-80	80	92,89	3,24	91,32	3,93
LotePG-NR-100	100	94,91	2,78	91,69	3,73

Table 2: Resultados Lote PG-NR con *Random Search*

En la tabla 2, se observa que el porcentaje medio de similitud obtenido con *Random Search* oscila entre el 89% y el 94%, obteniéndose resultados ligeramente mejores con la función  $f_1$ .

## 4.2 Algoritmo Genético

El algoritmo genético se ejecutó para cada uno de los lotes descriptos anteriormente utilizando dos conjuntos de parámetros:

- Parámetros AG1: una población de 50 individuos, probabilidad de *crossover*  $p_{cross} = 0,65$ , probabilidad de mutación  $p_{mut} = 0,005$  y 500 generaciones.
- Parámetros AG2: una población de 50 individuos, probabilidad de *crossover*  $p_{cross} = 0,8$ , probabilidad de mutación  $p_{mut} = \frac{1}{n}$  y 500 generaciones.

Para cada instancia se replicaron 30 ejecuciones usando diferentes semillas. Los resultados obtenidos en las 30 ejecuciones fueron promediados y se presentan a continuación. Para cada lote, presentamos una tabla que resume los resultados obtenidos con las configuraciones de parámetros AG1 y AG2, utilizando las funciones de evaluación  $f_1$  y  $f_2$ . En cada tabla, la primera columna muestra el nombre del lote. La segunda columna el tamaño de los polígonos de ese lote. Las columnas % similitud- $f_1$  y %similitud- $f_2$  representan el porcentaje medio de similitud obtenido con la media de las 30 ejecuciones realizadas para cada uno de los 30 polígonos del lote, usando las funciones de evaluación  $f_1$  y  $f_2$  respectivamente. Las columnas `std-dev1` y `std-dev2` representan la desviación estándar. Las tablas 3 y 4 exponen los resultados obtenidos por el *Algoritmo Genético* para el LotePG-R de polígonos redondeados. Seguidamente las tablas 5 y 6 muestran los valores obtenidos por el *Algoritmo Genético* para el LotePG-NR de polígonos alargados.

En las tablas 3 y 4 se observa que el porcentaje medio de similitud obtenido tanto con AG1 como con AG2 supera el 99%, obteniéndose resultados ligeramente mejores con la función  $f_1$ .

Para los polígonos convexos *alargados* se observa en las tablas 5 y 6 que el porcentaje medio de similitud es ligeramente inferior al obtenido para los polígonos redondeados, pero siempre supera el

Lotes	vértices	% Similitud- $f_1$	Std-dev	% Similitud- $f_2$	Std-dev
LotePG-R-30	30	99,92	0,04	99,82	0,32
LotePG-R-50	50	99,56	1,43	99,28	1,59
LotePG-R-80	50	99,91	0,07	99,55	0,83
LotePG-R-100	100	99,92	0,18	99,14	2,16

Table 3: Resultados Lote PG-R con parámetros AG1

Lotes	vértices	% Similitud- $f_1$	Std-dev	% Similitud- $f_2$	Std-dev
LotePG-R-30	30	99,90	0,04	99,84	0,30
LotePG-R-50	50	99,49	1,69	99,30	1,53
LotePG-R-80	50	99,88	0,17	99,49	0,97
LotePG-R-100	100	99,62	1,69	99,20	2,17

Table 4: Resultados Lote PG-R con parámetros AG2

Lotes	vértices	% Similitud- $f_1$	Std-dev	% Similitud- $f_2$	Std-dev
LotePG-NR-30	30	99,89	0,06	99,51	0,70
LotePG-NR-50	50	99,85	0,39	98,24	2,50
LotePG-NR-80	50	99,92	0,03	98,45	2,18
LotePG-NR-100	100	99,94	0,03	98,23	2,22

Table 5: Resultados Lote PG-NR con parámetros AG1

Lotes	vértices	% Similitud- $f_1$	Std-dev	% Similitud- $f_2$	Std-dev
LotePG-NR-30	30	99,90	0,06	99,58	0,62
LotePG-NR-50	50	99,77	0,75	98,68	1,81
LotePG-NR-80	50	99,93	0,03	98,61	2,07
LotePG-NR-100	100	99,94	0,03	97,93	3,14

Table 6: Resultados Lote PG-NR con parámetros AG2

98%, tanto con AG1 como con AG2. La función  $f_1$  obtiene también mejores resultados como en el caso anterior.

Finalmente observar que, si bien los resultados de la estrategia *Random Search* son buenos, los resultados obtenidos por los *Algoritmos Genéticos* son claramente superiores.

## 5 Conclusiones

El objetivo general del trabajo es proponer una solución alternativa a un problema geométrico para el que no existen algoritmos eficientes. Específicamente, para el problema de descomposición de Minkowski de polígonos se propone su resolución aproximada utilizando algoritmos genéticos. Los experimentos efectuados muestran la bondad de la estrategia utilizada. Este trabajo forma parte de la Tesis de Maestría [10].

## Referencias

- [1] M. de Berg, M. van Kreveld, M. Overmars, O. Schwarzkopf. *Computational geometry: Algorithms and Applications*, Springer, 1997.

- [2] I. Emiris, E. Tsigaridas. *Minkowski decomposition of convex lattice Polygons*, en “Algebraic and geometric modeling”, Springer, 2005.
- [3] E. Flato. *Robust and efficient construction of planar Minkowski sums*, M.Sc. thesis, School of Computer Science, Tel Aviv University, 2000.
- [4] S. Gao, A. Lauder A. *Decomposition of Polytopes and Polynomials*, Discrete and Computational Geometry, 26,1, pág. 89-104, 2001.
- [5] K. Iwano, K. Steiglitz. *Testing for cycles in infinite graphs with periodic structures*, Proc. 19th ACM Sympos. on Theory of Computing, pág. 46-55, 1987.
- [6] Z. Michalewicz. *Genetic algorithms + data structures = evolution programs*, Springer Verlag, 1997
- [7] D. Mount, R. Silverman. *Combinatorial and Computational aspects of Minkowski Decompositions*, Contemporary Mathematics, Vol.119, pág. 107-124, 1991.
- [8] A. Ostrowski. *Über die Bedeutung der Theorie der konvexen Polyeder für die formale Algebra*, Jahresbericht e Deutsch e Math. Verein 30, pág. 98-99, 1921.
- [9] G. Shepard. *Decomposable convex polytopes*, Matematika, 10, pág. 89-95, 1963.
- [10] M<sup>a</sup>. T. Taranilla. *Métodos Heurísticos para la Descomposición de polígonos en Suma de Minkowski*, Tesis de maestría (en preparación), Universidad Nacional de San Luis.