

(IV) SISTEMI A DUE POPOLAZIONI: Altri esempi

1) Interazioni tra popolazioni

Consideriamo due popolazioni in uno stesso ambiente biologico. Ancora una volta escluderemo variazioni spaziali, immigrazioni, emigrazioni, variabilità dell'habitat.

Supponiamo che ciascuna di esse, in assenza dell'altra, segua una dinamica di tipo logistico (vedi (1.4))

$$\dot{N}_i = r_i(1 - N_i/K_i) N_i \quad i=1,2 \quad (4.1)$$

La presenza dell'altra specie sarà tradotta in un termine addizionale al secondo membro della (4.1), dipendente da N_1 ed N_2 , che indichiamo con h_{ji} ($j \neq i$): effetto della popolazione j sulla popolazione i .

Avremo così il sistema:

$$\begin{cases} \dot{N}_1 = r_1(1 - N_1/K_1) N_1 - h_{21}(N_1, N_2) \\ \dot{N}_2 = r_2(1 - N_2/K_2) N_2 - h_{12}(N_1, N_2) \end{cases} \quad (4.2)$$

Con

$$h_{21}(N_1, 0) = h_{12}(0, N_2) = 0 \quad (4.3)$$

Se h_{21} è strettamente monotona rispetto alla seconda variabile e h_{12} lo è rispetto alla prima, avremo (se h_{ij} sono derivabili come supporremo) i seguenti tre casi:

$$\frac{\partial h_{21}}{\partial N_2} < 0 \quad , \quad \frac{\partial h_{12}}{\partial N_1} < 0 \quad (4.4)$$

$$\frac{\partial h_{21}}{\partial N_2} > 0 \quad , \quad \frac{\partial h_{12}}{\partial N_1} > 0 \quad (4.5)$$

$$\frac{\partial h_{21}}{\partial N_2} * \frac{\partial h_{12}}{\partial N_1} < 0 \quad (4.6)$$

Nel caso (4.4) ciascuna specie "danneggia" l'altra (ad esempio perchè entrambe competono per le stesse risorse). Nel caso (4.5) abbiamo un caso di simbiosi: ciascuna specie trae vantaggio dalla presenza dell'altra.

Infine, nel caso (4.6) avremo un caso di predatore-preda (oppure ospite-parassita) in quanto una specie e' favorita dalla presenza dell'altra ma non viceversa.

Ovviamente analogo discorso potrebbe farsi se invece della (4.1) si avesse una dinamica malthusiana per una delle specie o per entrambe (un tasso di crescita r positivo o negativo). Inoltre potrebbero essere considerati sistemi complessi con piu' popolazioni. Notiamo infine che modelli del tipo di quelli che esamineremo, possono essere applicati ai giochi di strategia. Altre situazioni si presentano quando una delle due derivate si annulla; qui non ne parleremo.

2) Due popolazioni in competizione

Scriviamo la (4.2) con

$$\begin{aligned} h_{21} &= -\alpha N_1 N_2 \\ h_{12} &= -\beta N_1 N_2 \end{aligned}$$

Rinominiamo appropriatamente le costanti per mettere il sistema nella forma:

$$\begin{cases} \dot{N}_1 = [r_1 - \gamma_1(h_1 N_1 + h_2 N_2)] N_1 \\ \dot{N}_2 = [r_2 - \gamma_2(h_1 N_1 + h_2 N_2)] N_2 \end{cases} \quad (4.7)$$

Dove γ_i , h_i sono costanti positive.

Il parametro h_i puo' essere interpretato come una misura dell'occupazione della nicchia ecologica da parte di ogni individuo della specie i -esima (ad esempio quanto consuma delle risorse per cui le due specie sono in competizione), cosicché $h_1 N_1 + h_2 N_2$ rappresenta il grado complessivo di occupazione della nicchia quando sono presenti N_1 individui della prima popolazione ed N_2 individui della seconda. Infine γ_i misura l'effetto che tale occupazione ha sul potenziale biologico della specie i -esima.

Cerchiamo di normalizzare il sistema (4.7) ponendo

$$N_1 = \bar{N}_1 x, \quad N_2 = \bar{N}_2 y, \quad t = \bar{t} \tau \quad (4.8)$$

E riservandoci di scegliere opportunamente le tre costanti positive $\bar{N}_1, \bar{N}_2, \bar{t}$.

Si hanno ovviamente varie possibilità di scelta. Una (che non è la più semplice, ma forse la più aderente al problema biologico) consiste nello scegliere $\bar{N}_1 = 1/h_1$, $\bar{N}_2 = 1/h_2$ (ogni specie conta...per quanto mangia!) e $\bar{t} = 1/\gamma_1$ (il tempo è misurato in funzione dell'effetto dell'occupazione della nicchia sul potenziale biologico della prima specie). Si ottiene così

$$\begin{cases} \frac{dx}{d\tau} = [a - (x + y)] x \\ \frac{dy}{d\tau} = c[b - (x + y)] y \end{cases} \quad (4.9)$$

ESERCIZIO: Trovare una normalizzazione che semplifica al massimo il sistema.

A questo punto studiamo la (4.9) a partire da una arbitraria condizione iniziale $x(0) = x_0 \geq 0$, $y(0) = y_0 \geq 0$.

Abbiamo i seguenti risultati

(1) $\forall x_0, y_0$ limitati (4.9) soddisfa le ipotesi del teorema di Cauchy

\Rightarrow finché la soluzione si mantiene limitata è prolungabile

\Rightarrow ogni soluzione limitata esiste $\forall \tau > 0$ (esistenza globale)

(2) $x_0 = 0 \Rightarrow x(t) = 0$ (e $y(t)$ segue una logistica $\forall x_0 > 0$ quindi il semiasse delle y positive è un'orbita di (4.9) similmente il semiasse delle x positive è un'orbita di (4.9)) $\Rightarrow \{x_0 \geq 0, y_0 \geq 0\} \Rightarrow \{x(t) \geq 0, y(t) \geq 0\}$ perché due orbite non possono incrociarsi. Non negatività delle soluzioni.

(3) $x > a \Rightarrow \dot{x} < 0$ (segue subito dalla 1^a equazione data che $y \geq 0$);

analogamente $y > b \Rightarrow \dot{y} < 0$.

(4) $x < \max(a, x_0)$

DIM. di (4)

Se $y_0 = 0$ segue dalla soluzione esplicita.

Sia allora $y_0 > 0$ e quindi $y(t) > 0$.

- Se $x_0 < a$, $x(t)$ non può raggiungere il valore a ; se lo raggiungesse a un certo istante per la prima volta dovrebbe farlo con derivata $\frac{dx}{dt}$ non negativa e l'equazione ci dice il contrario.
- Se $x_0 \geq a$ la derivata è inizialmente negativa e $x(t)$ non può ritornare al valore x_0 visto che in un intorno sinistro di x_0 $\dot{x}(t) < 0$.

$$(4') y < \max(b, y_0)$$

Il ragionamento è analogo.

(5) Da quanto detto in (1) ogni soluzione esiste globalmente.

$$(6) \quad \frac{1}{x} \frac{dx}{dt} - \frac{1}{c} \frac{1}{y} \frac{dy}{dt} = a - b$$

(Si ottiene dividendo la prima per x , la seconda per cy e sottraendo).

Quindi

$$\text{ossia} \quad \frac{d}{dt} \ln x/y^{1/c} = a - b$$

$$x/y^{1/c} = k e^{(a-b)t}$$

quindi se $(a-b) > 0$ la prima specie tenderà asintoticamente a sparire; se $(a-b) < 0$ sarà la prima a far scomparire l'altra.

Questo è il cosiddetto PRINCIPIO DELL'ESCLUSIONE BIOLOGICA: due specie distinte non possono occupare indefinitamente una stessa nicchia ecologica; necessariamente una si estingue e l'altra tende a saturare la nicchia.

Il caso $a=b$ non ha interesse perchè le due specie sono equivalenti, l'unica differenza è (se $b \neq 1$) la misura del tempo biologico da parte di ciascuna specie ossia la rapidità con cui il potenziale biologico risente dell'occupazione della nicchia.

Torniamo al caso $a \neq b$. Notiamo che il sistema ha tre punti di equilibrio: $P_0 \equiv (0,0)$, $P_1 \equiv (a,0)$, $P_2 \equiv (0,b)$.

La jacobiana della funzione a secondo membro di (4.9) è'

$$J(x,y) = \begin{pmatrix} a-2x-y & -x \\ -cy & cb-cx-2cy \end{pmatrix}$$

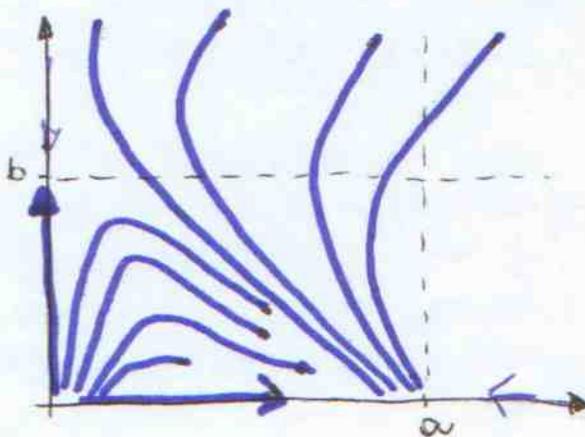
e quindi

$$J(0,0) = \begin{pmatrix} a & 0 \\ 0 & cb \end{pmatrix} \quad J(0,b) = \begin{pmatrix} a-b & 0 \\ -cb & -cb \end{pmatrix}$$

$$J(a,0) = \begin{pmatrix} -a & -a \\ 0 & c(b-a) \end{pmatrix}$$

Assumendo $(a-b) > 0$ (nel caso opposto basta scambiare il nome alle due popolazioni), segue che P_1 e' un nodo a due tangenti attrattivo (stabile), mentre $(0,b)$ e' un colle.

Quanto a $(0,0)$ e' in ogni caso un nodo a due tangenti repulsivo (instabile).



Sperimentalmente il principio viene regolarmente confermato e se in natura specie molto simili possono convivere, ciò è perchè attraverso la selezione naturale esse hanno elaborato nicchie differenti. Il problema della competizione e della definizione delle nicchie ecologiche è uno dei più importanti problemi dell'ecologia.

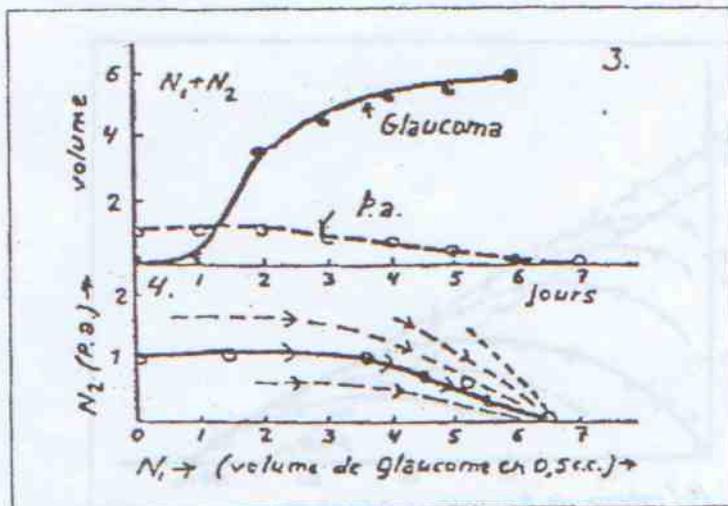


Figura 8

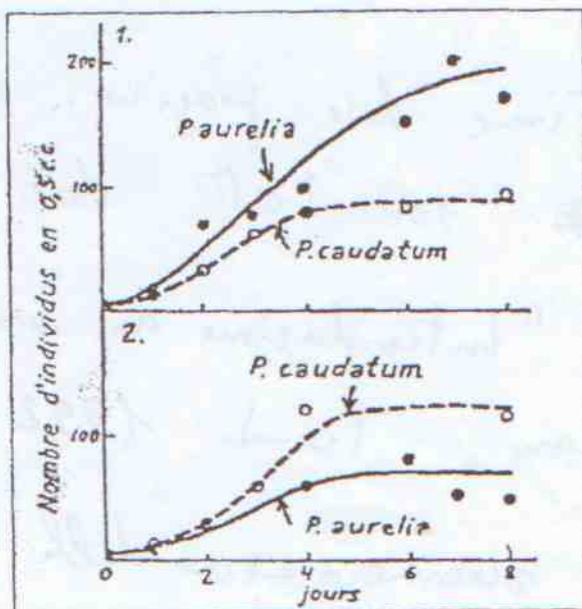


Figura 9

Nella figura 8 sono riportati i dati di Gause [3] relativi alla coltura mista di *Paramecium aurelia* e *Glaucoma scintillans* la cui crescita logistica in colture separate è già stata mostrata

nel capitolo I

nelle figure 2 e 3, è qui verificato il principio di esclusione a vantaggio del *Glaucoma scintillans*. In figura 9, poi, sono riportati i dati relativi al *Paramecium aurelia* e al *Paramecium caudatum* che ancora sfruttano la stessa nicchia ecologica. I dati si riferiscono alla crescita separata delle due specie, in due diverse condizioni ambientali, e si vede che l'efficienza relativa delle due specie si inverte al variare di tali condizioni. Infine, in figura 10, si possono vedere i dati relativi alla coltura mista, che porta all'esclusione del *Paramecium caudatum*.

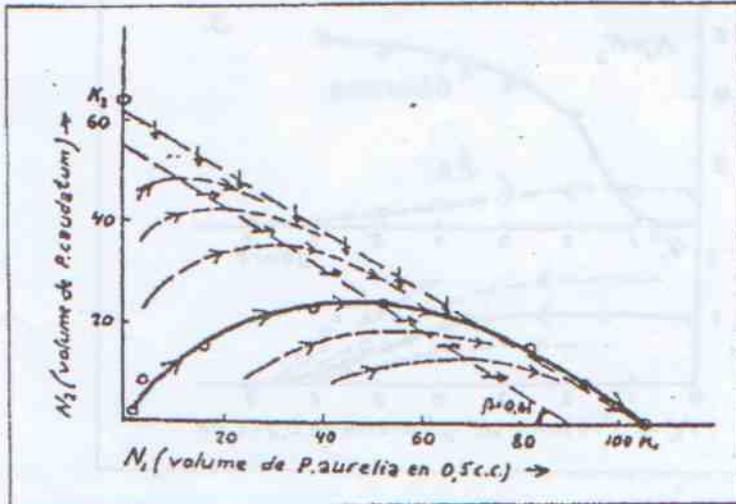


Figura 10

Queste ultime due pagine e le
pagine ~~47-53~~ ⁴⁷⁻⁵³ sono tratte da:

M. Iannelli "Introduzione ai modelli
di popolazione" Trenti 1992

Ovviamente lo numero zero delle formule cam-
ba, ma non dovrebbe produrre inconvenienti.

3) Popolazioni in simbiosi

Facciamo solo l'esempio semplice in cui una delle due popolazioni, in assenza dell'altra, segue una legge logistica mentre l'altra si regge da una dinamica malthusiana a potenziale biologico negativo. Per entrambe l'interazione porta un effetto positivo proporzionale al prodotto $N_1 N_2$. Si ha dunque

$$(4.10) \begin{cases} \dot{N}_1 = r (K - N_1) N_1 + a N_1 N_2 \\ \dot{N}_2 = -\lambda N_2 + b N_1 N_2 \end{cases}$$

Normalizzando (ad esempio con $\bar{t} = \frac{1}{\lambda}$, $\bar{N}_1 = \lambda/b$, $\bar{N}_2 = \lambda/a$) si ottiene un sistema del tipo

$$(4.11) \begin{cases} \dot{x} = x(\alpha - \beta x + y) \\ \dot{y} = y(x - 1) \end{cases}$$

Si vede subito che i seniassi sono
orbite (il primo quadrante è quindi un
insieme invariante) e che il punto singolare sono

$$P_0 \equiv (0, 0), \quad P_1 \equiv \left(\frac{\alpha}{\beta}, 0\right), \quad P_2 \equiv (0, 1, \beta - \alpha)$$

ma il punto P_2 si trova nel primo quadrante
(e quindi è per noi accettabile) solo se $\alpha > \beta > \alpha$.

La matrice jacobiana è

$$J(x, y) \equiv \begin{pmatrix} \alpha - 2\beta x + y & x \\ y & x - 1 \end{pmatrix}$$

Quindi $J(0, 0) \equiv \begin{pmatrix} \alpha & 0 \\ 0 & -1 \end{pmatrix}$ e il punto è

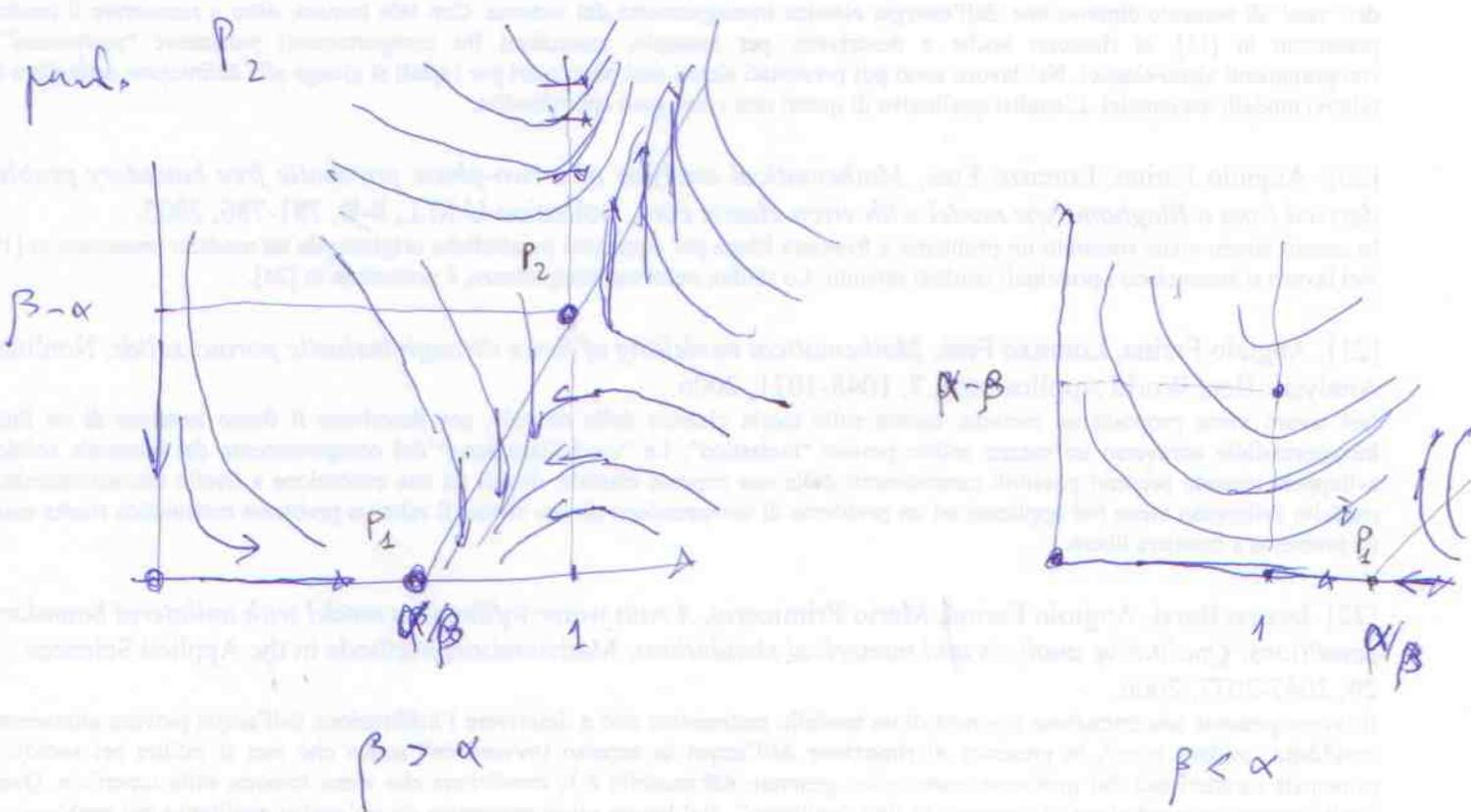
un collo (quinto instabile) qualunque siano α e β

$$J\left(\frac{\alpha}{\beta}, 0\right) = \begin{pmatrix} -\alpha & \alpha/\beta \\ 0 & \frac{\alpha}{\beta} - 1 \end{pmatrix}$$

Quindi, se $\alpha > \beta$ il determinante è negativo
e il punto è instabile. Se invece

$\frac{\alpha}{\beta} < 1$ si vede che il punto P_1 è

un nodo a due lobi, stabile, mentre
 in P_2 (sempre con $\alpha < \beta$) si ha che la
 matrice jacobiana ha determinante nullo e quindi
 la stabilità del punto singolare non è deducibile
 dalla nostra trattazione che è basata sulle
 linearizzazioni. Si può allora vedere
 graficamente l'andamento delle orbite attorno al



4) Un sistema predatore-prede

Consideriamo due popolazioni ciascuna delle quali, in assenza dell'altra, segue una dinamica malthusiana; i due potenziali biologici non si seguono opposti.

Supponiamo poi che la popolazione con potenziale negativo si avvantaggi della presenza dell'altra (prede); la interazione ne è ancora una volta proporzionale al prodotto $M_1 M_2$. Avremo dunque

$$(4.12) \begin{cases} \dot{M}_1 = r_1 M_1 - p M_1 M_2 \\ \dot{M}_2 = -r_2 M_2 + \gamma p M_1 M_2 \end{cases}$$

che normalizziamo con:

$$(4.13) \begin{cases} \dot{x} = x - x y \\ \dot{y} = -\theta y + x y \end{cases}$$

Ancora una volta i sistemi sono orbitali e la positività è garantita.

Chiaramente risulta

$$\dot{x} + \dot{y} = g \frac{\dot{x}}{x} + \frac{\dot{y}}{y}, \quad * xy \neq 0$$

Perciò:

$$(4.14) \quad x^g e^{-x} = \frac{C}{y} e^y \quad xy \neq 0$$

sono le orbite del sistema (4.13).

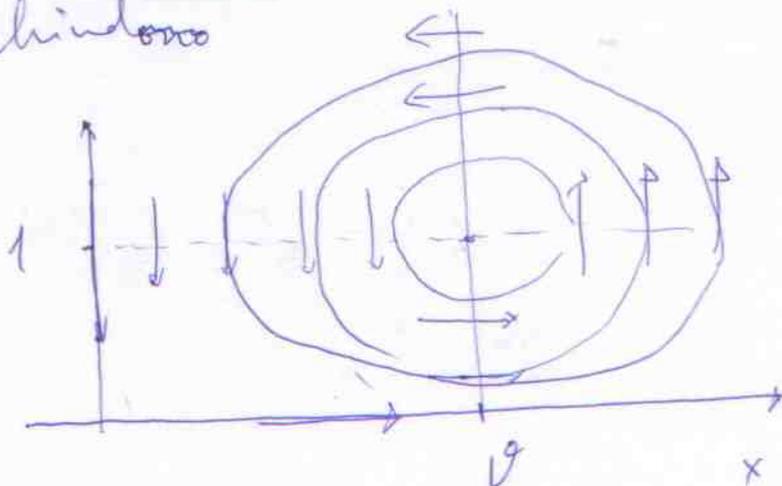
I punti singolari sono $P_0 \equiv (0,0)$ e $P_1(g, 1)$.

P_0 è chiaramente un collo

$$J(P_0) = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & -g \end{pmatrix}$$

mentre si può far vedere che P_1 è un
centro e che le orbite sono cicli chiusi che

lo racchiudono



V MODELLI EPIDEMIOLOGICI

1) Modelli tipo S.I.S.

Ggnente, coraggio, sor Andrea. Si è mmale
D'arifreddore, se pijja una rapa,
Se cosce sù la bbrascia, poi se capa,
E sse magna a ddìggiuno senza sale.

... ..
G. Belli

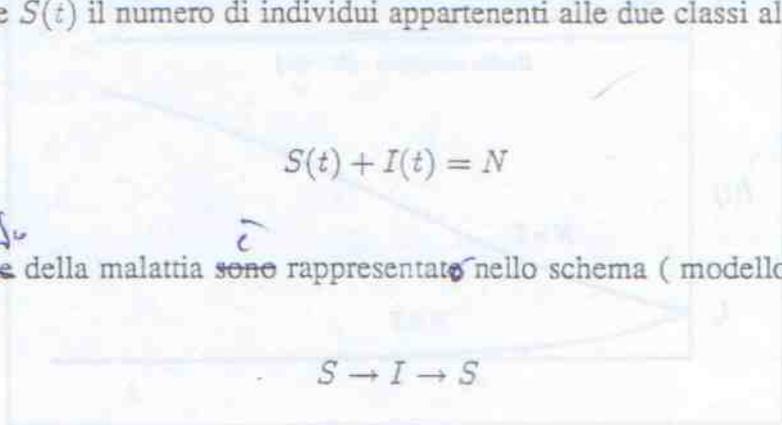
"Er mal de petto", 1837

Consideriamo ora una popolazione isolata in cui non si verificano né nascite né morti. Una tale popolazione si dice **chiusa** e, naturalmente, corrisponde ad una idealizzazione adatta a descrivere la realtà solo entro certi limiti. Sia N il numero di individui della popolazione. Vogliamo studiare la propagazione di una malattia infettiva **non mortale** e **non immunizzante** quale ad esempio il raffreddore comune o la gonorrea.

Dividiamo la popolazione in due classi, gli **infettivi** (individui malati in grado di trasmettere il contagio) e i **suscettibili** (individui sani passibili di contagio), indicando rispettivamente con $I(t)$ e $S(t)$ il numero di individui appartenenti alle due classi al tempo t . Risulta ovviamente:

$$(7) \quad S(t) + I(t) = N$$

Le caratteristiche della malattia sono rappresentate nello schema (modello SIS) :



che descrive l'itinerario di ciascun individuo che contrae la malattia, attraverso le classi in cui è divisa la popolazione. L'evoluzione dell'infezione è regolata dalle seguenti ipotesi:

- (8) Nell'unità di tempo una frazione fissa r del numero degli incontri possibili risulta efficace per la trasmissione della malattia.
- (9) Nell'unità di tempo una frazione fissa γ del numero di infettivi guarisce tornando ad essere suscettibile.

r e γ si dicono rispettivamente **tasso di contagio** e **tasso di guarigione**. Così rSI rappresenta il numero di nuovi infetti nell'unità di tempo, mentre γI è il numero degli infetti che guarisce nell'unità di tempo. Ciò conduce all'equazione:

$$(10) \quad \frac{d}{dt}I(t) = rS(t)I(t) - \gamma I(t)$$

Tenendo conto della (7) si ha

$$(11) \quad \begin{cases} \frac{d}{dt}I(t) = r(N - I(t))I(t) - \gamma I(t) = [(rN - \gamma) - rI(t)]I(t) \\ I(0) = I_0 \end{cases}$$

dove I_0 è il numero iniziale di infetti ed è tale che:

$$0 < I_0 < N$$

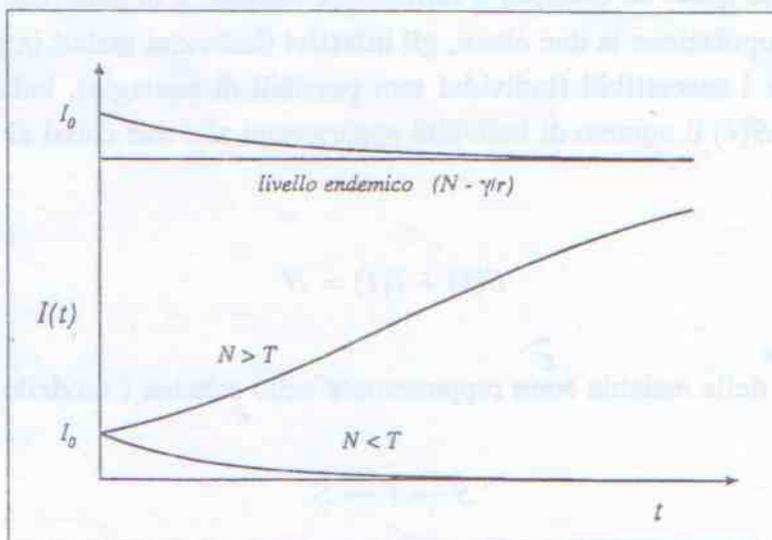


Figura 5

La (11) è dello stesso tipo della (5), con la differenza che ora il termine $(rN - \gamma)$ può essere negativo. Si ha quindi (cfr. (6))

$$I(t) = \frac{(rN - \gamma)I_0}{(rN - \gamma - rI_0)e^{(r-rN)t} + rI_0}$$

da cui si conclude (vedi figura 5)

$$\begin{aligned} \text{se } (rN - \gamma) < 0 & \quad \text{allora } I(t) \searrow 0 \text{ per } t \rightarrow +\infty \\ \text{se } (rN - \gamma) > 0 & \quad \text{allora } I(t) \nearrow (N - \frac{\gamma}{r}) \text{ per } t \rightarrow +\infty \end{aligned}$$

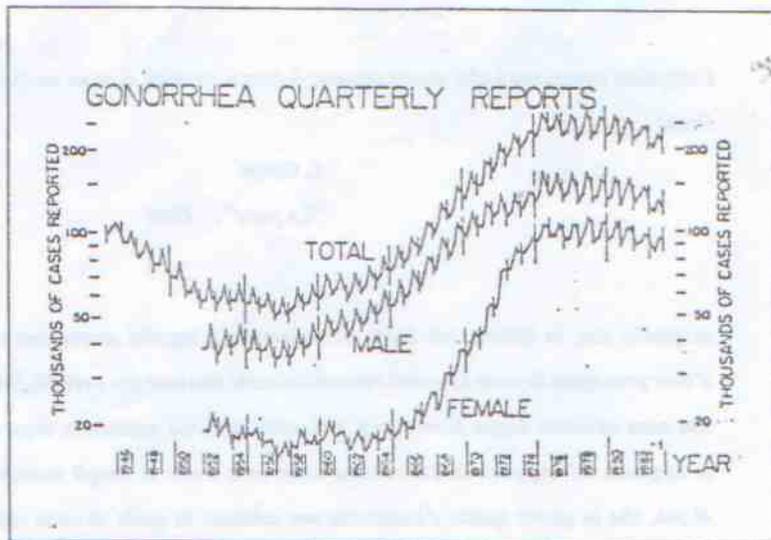


Figura 6

Esiste quindi una soglia $T = \gamma/r$, per la popolazione N , al di sotto della quale la malattia si estingue, mentre altrimenti diviene endemica.

In figura 6 sono riportati i dati dell'evoluzione della gonorrea, negli Stati Uniti, a partire dal 1946; le caratteristiche di questa malattia si inquadrano infatti in un modello tipo SIS. C'è ovviamente da dire che il modello che abbiamo appena discusso, non è sufficientemente strutturato per essere utilizzato nell'analisi delle situazioni reali, ma, tuttavia, costituisce un punto di partenza per l'elaborazione di strumenti più adeguati (per la gonorrea vedere H.W. Hethcote e J.A. Yorke [4])

Anche in questo caso si può ripetere il discorso sulla normalizzazione. Fatto per esercizio.

$$R = (1)R + (1)R + (1)R \quad (20)$$

La (1) rappresenta il numero dei suscettibili, la (2) il numero dei malati, la (3) il numero dei guariti. Il numero di malati è sempre $\frac{1}{2}$ del numero dei suscettibili e il numero dei guariti è sempre $\frac{1}{2}$ del numero dei suscettibili.

$$\left. \begin{aligned} 0 < S &= (1)R & (1)R &= (1)R \\ 0 < I &= (1)R & (1)R &= (1)R \end{aligned} \right\} \quad (21)$$

$$D = R = (1)R \quad (1)R = (1)R$$

2) Epidemia tipo SIR

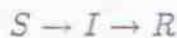
I singolari avvenimenti che danno materia a questa cronaca si sono verificati nel 194... a Orano;

A. Camus
"La peste", 1946

Ai giudici che, in Milano, nel 1630, condannarono a supplizi atrocissimi alcuni accusati, d'aver propagata la peste con certi ritrovati sciocchi non men che orribili, parve d'aver fatto una cosa talmente degna di memoria, che, nella sentenza medesima, dopo aver decretata, in aggiunta de' supplizi, la demolizione della casa d'uno di quegli sventurati, decretaron di più, che in quello spazio s'innalzasse una colonna, la quale dovesse chiamarsi infame, con un'iscrizione che tramandasse ai posteri la notizia dell' attentato e della pena. E in ciò non s'ingannarono: quel giudizio fu veramente memorabile.

A. Manzoni
"Storia della colonna infame", 1842

Consideriamo nuovamente una popolazione chiusa di N individui e in essa la propagazione di una malattia infettiva il cui esito per un individuo è, questa volta, l'immunizzazione oppure la morte. In questo caso la popolazione si divide nelle tre classi dei suscettibili, infettivi, e rimossi, delle quali l'ultima comprende gli individui che, avendo contratto la malattia, sono immunizzati oppure morti. Lo schema relativo al decorso della malattia è dunque



e si ha

$$(28) \quad S(t) + I(t) + R(t) = N$$

Dove $S(t)$, $I(t)$, $R(t)$ rappresentano rispettivamente il numero dei suscettibili, infettivi e rimossi al tempo t . Il meccanismo di contagio, supporremo sia regolato ancora dalla (8) mentre la (9) descrive ora il passaggio dalla classe degli infettivi a quella dei rimossi. Le equazioni del modello sono quindi

$$(29) \quad \begin{cases} \frac{d}{dt} S(t) = -rS(t)I(t) & , S(0) = S_0 > 0 \\ \frac{d}{dt} I(t) = rS(t)I(t) - \gamma I(t) & , I(0) = I_0 > 0 \\ \frac{d}{dt} R(t) = \gamma I(t) & R(0) = R_0 = 0 \end{cases}$$

50

dove $S_0 + I_0 = N$.

Si osserva che il sistema (29) ammette una unica soluzione locale e risulta $S(t) > 0$ e $I(t) > 0$. Siccome poi sommando le equazioni (29) si ha

$$(30) \quad \frac{d}{dt}(S(t) + I(t)) = -\gamma I(t) < 0$$

risulta

$$S(t) + I(t) \leq N$$

ciò che garantisce la globalità della soluzione.

Osserviamo ancora che risulta

$$(31) \quad \frac{d}{dt}S(t) < 0$$

per cui

$$(32) \quad S(t) \searrow S_\infty \quad \text{per } t \rightarrow \infty$$

D'altra parte dalle (30) e (28) si ha

$$(33) \quad \gamma \int_0^t I(s) ds = R(t) = N - S(t) - I(t) \leq N$$

per cui

$$\int_0^\infty I(s) ds < +\infty$$

e poi

$$I(t) \rightarrow N - S_\infty - \gamma \int_0^\infty I(s) ds \quad \text{per } t \rightarrow +\infty$$

quindi

$$(34) \quad I(t) \rightarrow 0 \quad \text{per } t \rightarrow +\infty$$

Dunque l'epidemia si estingue in ogni caso e il numero dei suscettibili si riduce al valore S_∞ . Per ciò che riguarda il valore di S_∞ risulta (dalla prima delle (29))

$$S_\infty \geq S_0 e^{-\frac{\gamma}{N} N} > 0$$

per cui l'epidemia si estingue, ma non per mancanza di suscettibili.

Infatti $\begin{cases} S(t) = 0 \\ I(t) = I_0 e^{-\gamma t} \end{cases}$

e $\begin{cases} S(t) = \text{costante} \\ I(t) = 0 \end{cases}$

risolvono le eq. diff.

Quindi l'asse delle $I > 0$ è un'orbita e tutti i punti dell'asse $S > 0$ sono orbite.

Quindi un'orbita che esce da un punto (S_0, I_0) del primo quadrante non può uscire dal quadrante stesso.

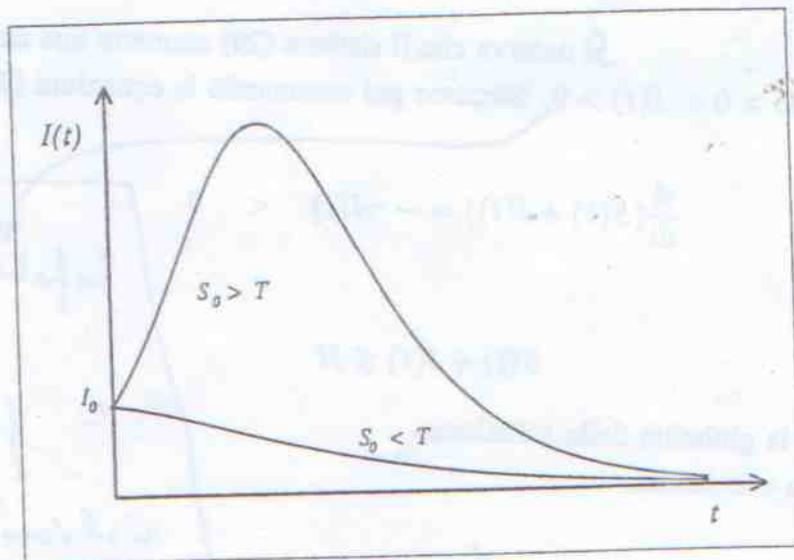


Figura 16

E' importante notare anche in questo caso il caratteristico fenomeno di soglia. Se infatti

$$S_0 < T = \frac{\gamma}{r}$$

risulta

$$S(t) < \frac{\gamma}{r} \quad \text{per } t \geq 0$$

e quindi

$$\frac{d}{dt} I(t) < 0 \quad \text{per } t \geq 0$$

In questo caso l'epidemia non si innesca e il numero di infettivi si estingue decrescendo. Nel caso invece di

$$S_0 > T = \frac{\gamma}{r}$$

risulta inizialmente

$$\frac{d}{dt} I(t) > 0$$

e l'epidemia si sviluppa, raggiunge un massimo per poi decrescere ed estinguersi.

In figura 16 si vede l'andamento di $I(t)$, nei due casi sopra e sotto soglia, ottenuto calcolando numericamente la soluzione del sistema (29). Nella figura 17 sono invece riportati i dati della peste di Bombay del 1905; questi dati sono ripresi dall'articolo di Kermack e McKendrick in cui viene formulato il modello su esposto. Infine in figura 18 si possono vedere i dati dell'epidemia di morbillo sviluppatasi nel Trentino a cavallo degli anni 1977 e 1978; le diverse curve si riferiscono a differenti valli, tranne quella superiore che si riferisce al totale.

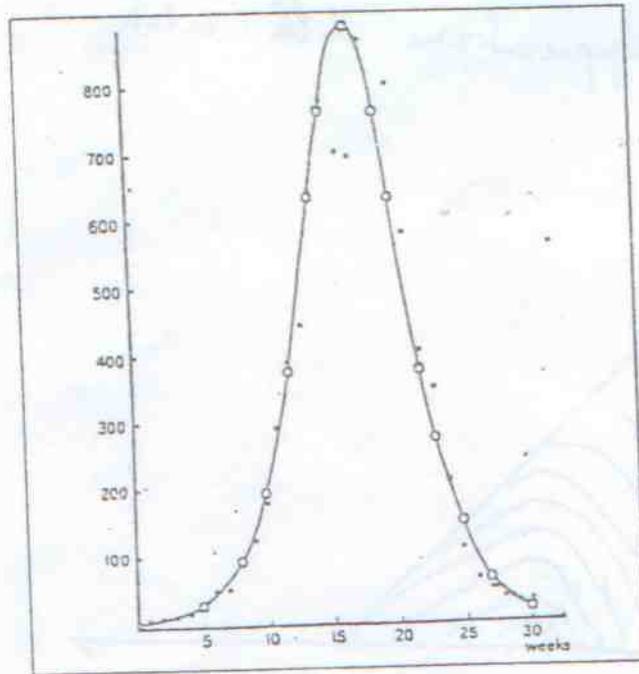
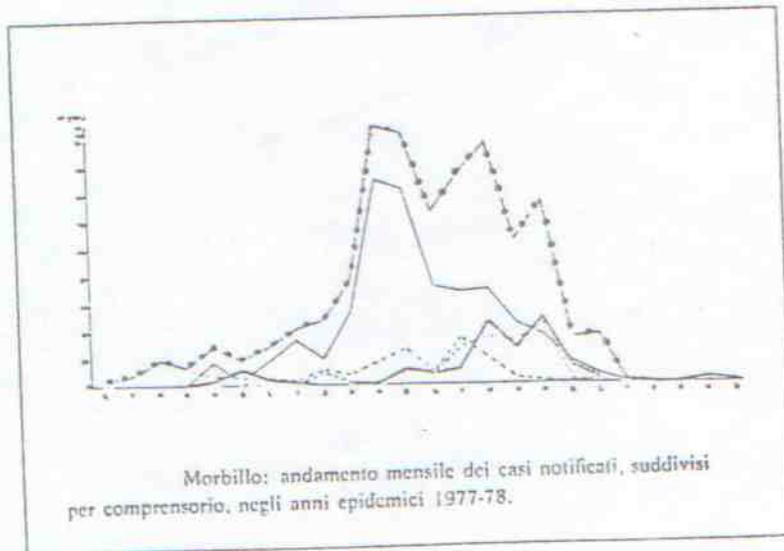


Figura 17



Morbillo: andamento mensile dei casi notificati, suddivisi per comprensorio, negli anni epidemici 1977-78.

Figura 18

Nel "piano delle fasi" (S, I) si ha
la seguente rappresentazione delle orbite

