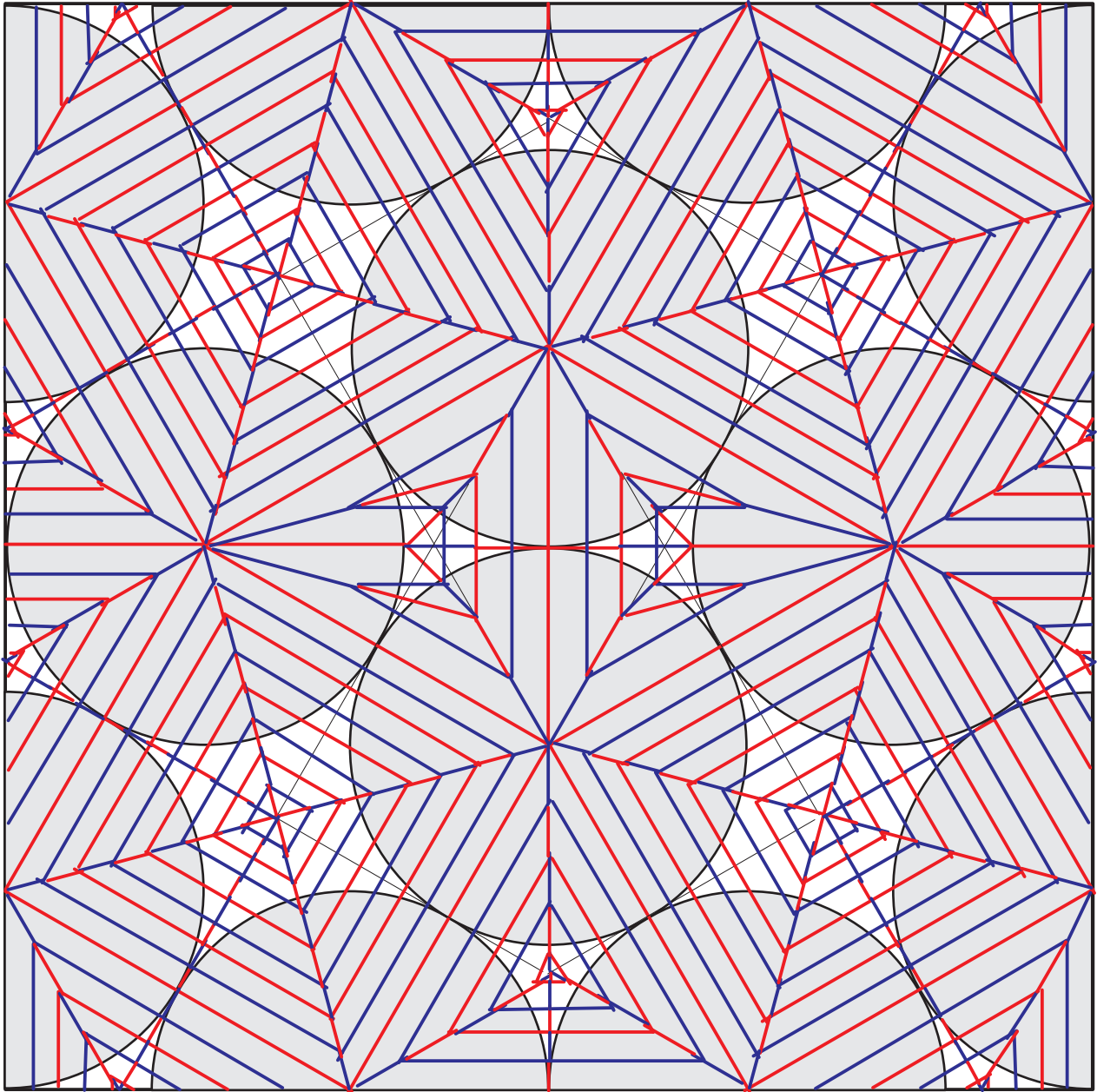


ESEMPIO 3

Tarantola - Alessandro Beber

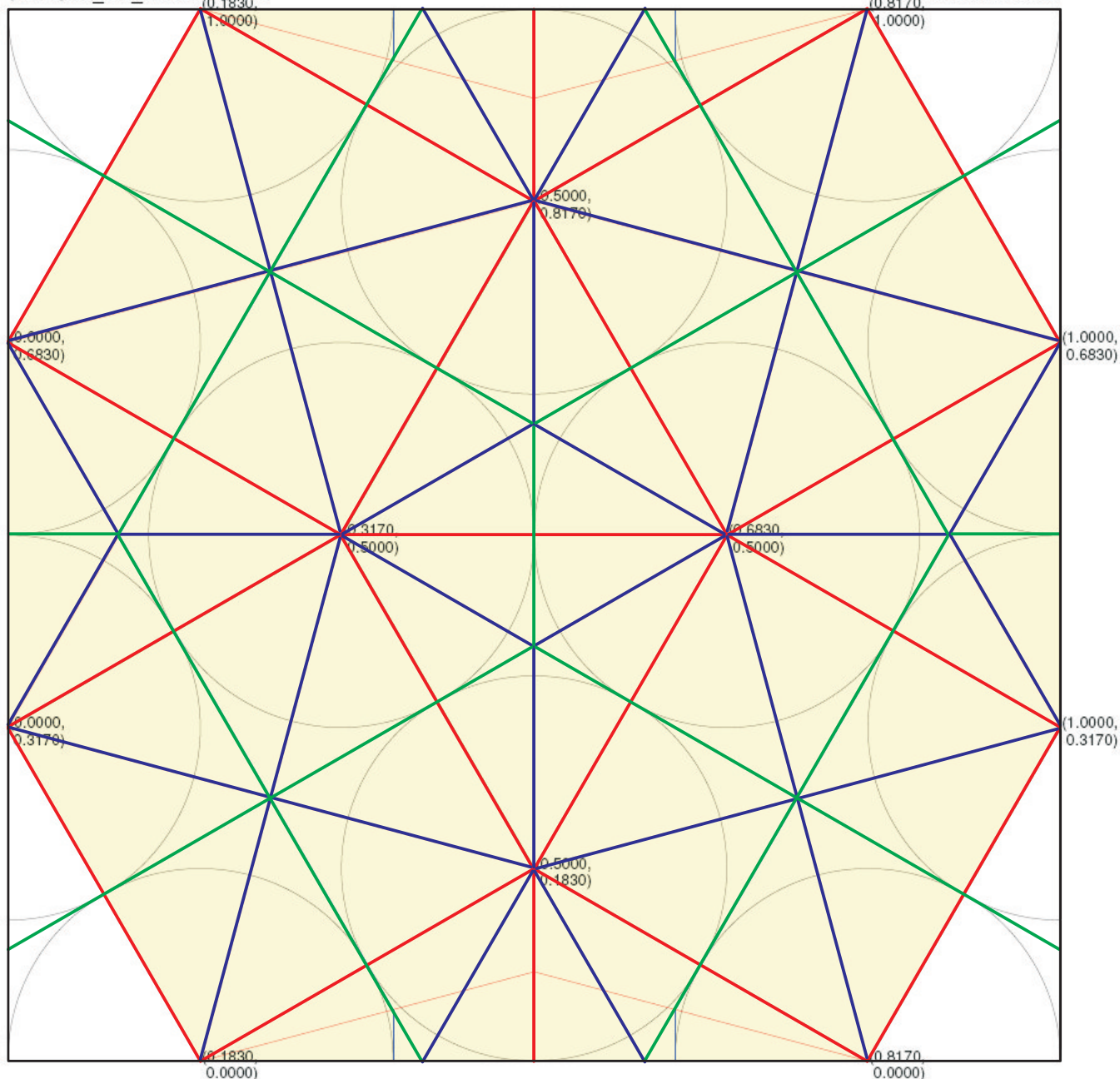
Tecnica: Molecole



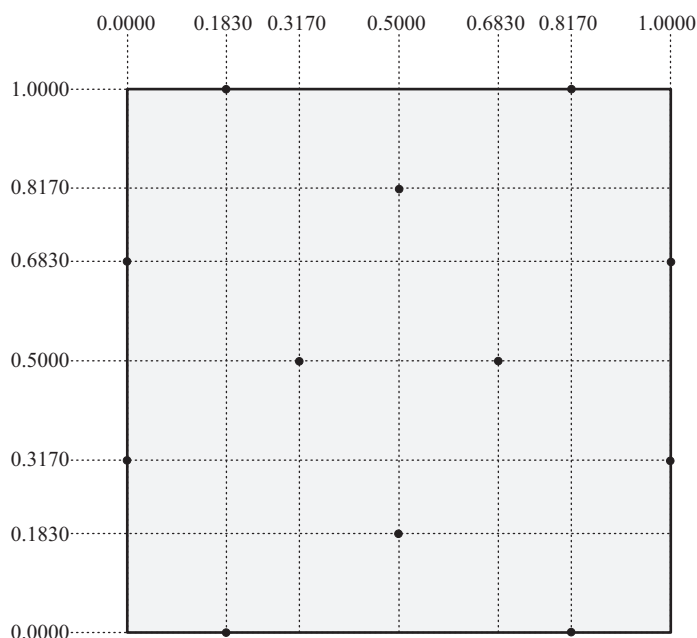
Questo modello è stato progettato con TreeMaker, un software sviluppato da Robert Lang per la progettazione di modelli complessi.

La base è formata da 12 punte di uguale lunghezza: gli 8 cerchi posti sui bordi del foglio (quindi semicerchi) rappresentano le 8 zampe, i 2 cerchi interni posti sulla mediana orizzontale i 2 pedipalpi (organi sensoriali di molti invertebrati) e i 2 cerchi interni posti sulla mediana verticale formeranno il corpo (cefalotorace e addome).

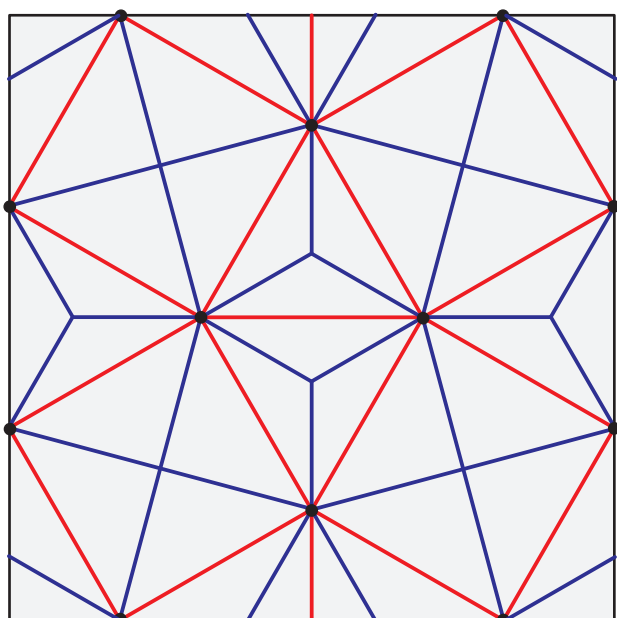
La base mostra già come andranno assottigliate tutte le punte, ma questo può essere fatto dopo aver chiuso la base (semplificata) con una serie di sink aperti. Le punte possono essere assottigliate anche in altri modi, cambiando la sequenza di piegatura, per ottenere i dettagli in modo diverso o per cambiare alcune proporzioni (ad esempio per avere zampe più o meno sottili).



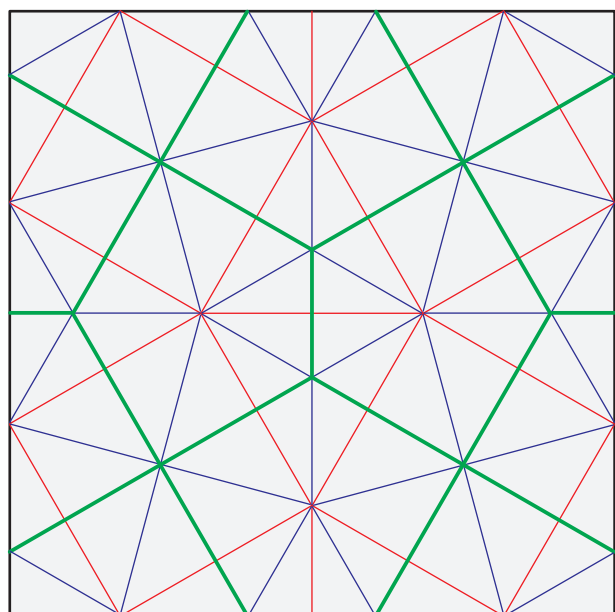
Questo è il CP ottenuto con TreeMaker (modificato un po') che rappresenta il CP-base. Questa base avrà già tutte le parti anatomiche del ragno in maniera molto semplificata. Per prima cosa si può notare che le pieghe che uniscono i centri dei cerchi tra loro (contrassegnati dalle loro coordinate) sono tutte a valle (in rosso). Queste pieghe a valle delimitano le molecole che formano il CP. In questo caso le molecole sono molto semplici, perché sono tutte di forma triangolare o quadrata. Poi si può osservare che tutte le bisettrici (all'interno delle molecole) sono a monte (in blu). Sono presenti anche altre pieghe (in verde), che delimitano la parte di foglio utilizzata da ogni punta. Queste non hanno un verso prestabilito (sono in parte a monte, in parte a valle e in parte inutilizzate), ma comunque sono abbastanza facili da ottenere.



Prima di tutto si segnano i punti di riferimento, misurando. In alternativa si può utilizzare ReferenceFinder (un altro software sviluppato da Lang) per trovare una sequenza di pieghe con la quale ottenere i punti necessari. In questo caso si potrebbe anche utilizzare un altro metodo grazie alla particolare geometria di questo CP: piegare lungo le mediane e per ogni quadrato ($1/4$), dividere il centro in angoli da 60° , 30° e 15° (rispetto alle mediane dello stesso quadrato).



Ora si congiungono tutti i punti di riferimento con delle pieghe a valle. Poi si piegano a monte le bisettrici degli angoli di ogni molecola. Per molecole di forma triangolare (di qualsiasi tipo) o quadrata non ci sono problemi, perché tutte le bisettrici si incrociano al centro, in un unico punto. Spesso con altri quadrilateri questo non avviene e sono necessari metodi più complessi per “chiudere” la molecola. Nei quadrati queste corrispondono alle diagonali.

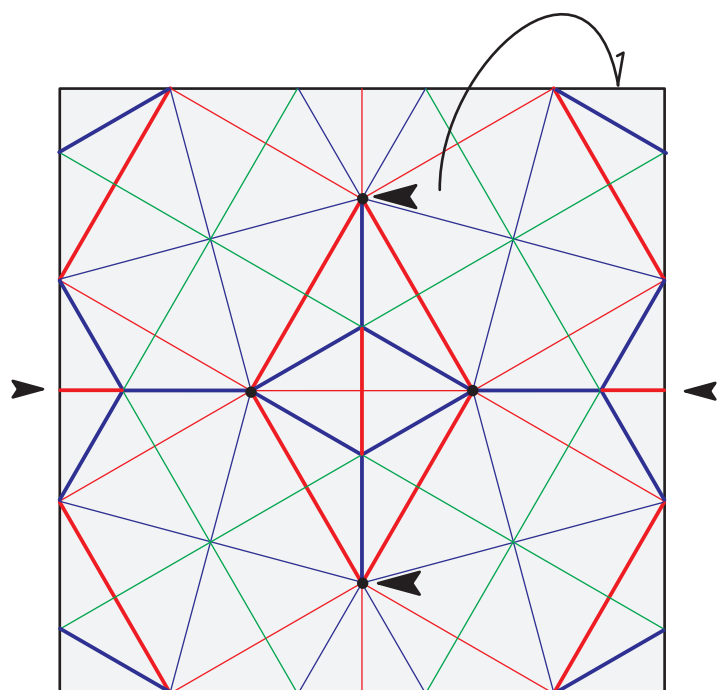
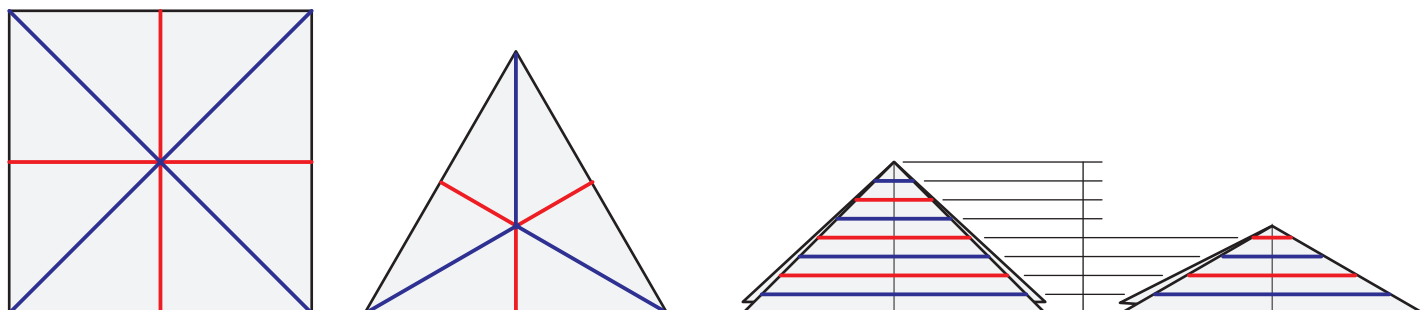


Ora si preparano le pieghe segnate in verde. Non ha importanza il verso (valle o monte). In questo caso, avendo come molecole solo poligoni regolari, basta piegare a metà ogni lato delle molecole; oppure congiungere il centro di una molecola con il centro della molecola vicina.

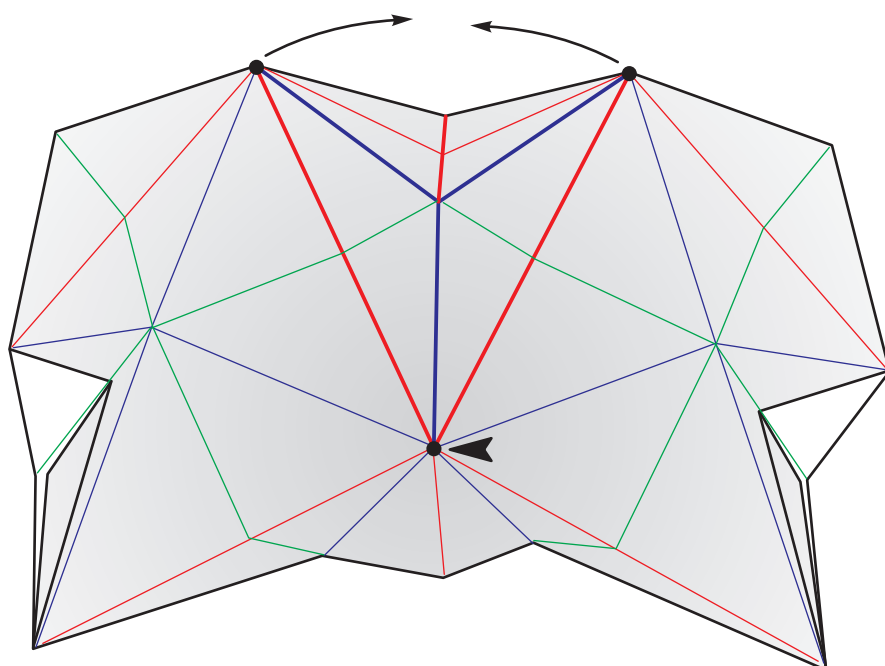
In generale, si piega la tangente che passa nel punto d’incontro di due cerchi (e quindi anche della piega che congiunge i loro centri = lato molecola) che, nelle molecole più semplici, passerà per il centro della molecola, assieme alle varie bisettrici.

Queste corrispondono, nei quadrati, alle mediane.

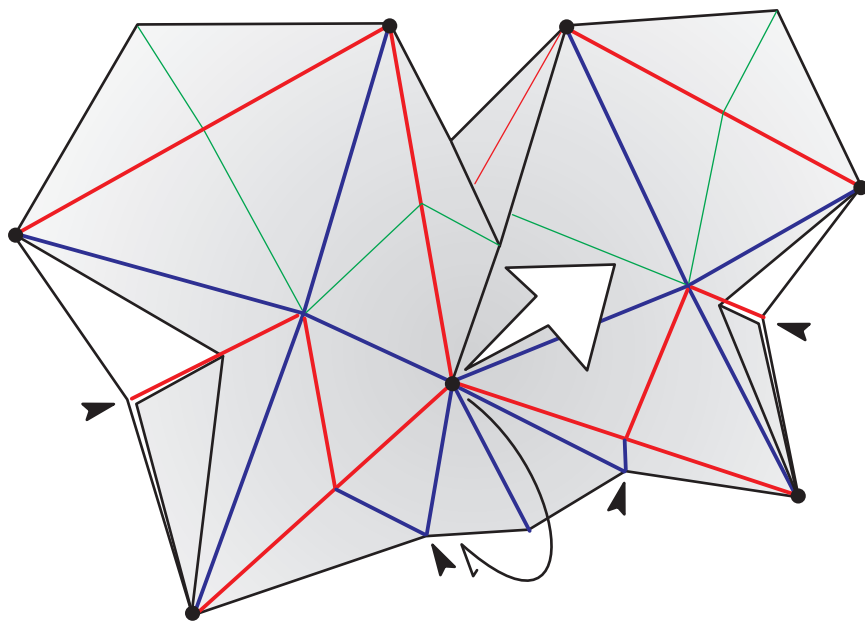
Ogni molecola si può chiudere in maniera piana utilizzando le pieghe già preparate, ed è “indipendente” dalle molecole vicine. Quindi una molecola di forma quadrata si chiuderà allo stesso modo della classica “base triangolare”, e tutte le molecole triangolari in modo praticamente identico. Sfruttando questo, si possono preparare già ora le pieghe per assottigliare tutte le punte: si chiude una molecola soltanto e si divide in un certo numero di parti lungo la sua altezza (oppure in parti di un certo spessore). Poi si riapre e si ripete su ogni molecola dove necessario.



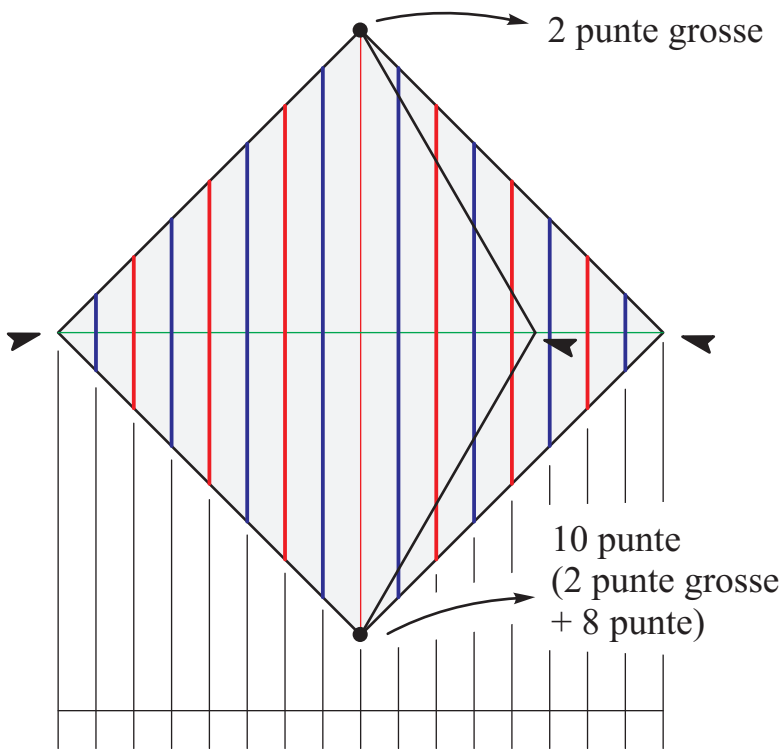
Ora si inizia a chiudere la base.
Si inizia a chiuderla partendo dal centro, ma nello stesso momento si possono chiudere anche alcune parti esterne, come ad esempio gli angoli del foglio, che in questo modello non vengono utilizzati.
Questo modello è più complesso dei precedenti, per il fatto di avere 4 punte provenienti dal mezzo del foglio (anziché soltanto una come negli altri esempi), oltre alle punte poste sui bordi.



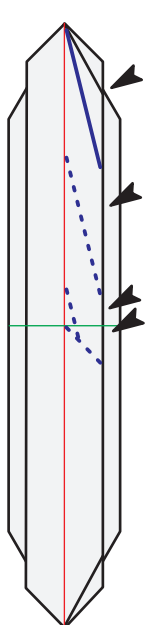
In questo passaggio viene visualizzato solo metà modello, visto di lato, perché la metà opposta è simmetrica. Questo è un passaggio intermedio durante la chiusura della parte centrale. Tutti i lati delle molecole (le linee rosse del CP alla seconda pagina) vanno un po' alla volta ad allinearsi lungo un unico asse centrale.



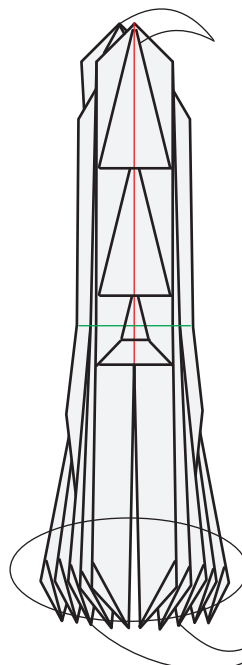
Si continua a chiudere la base, sempre in modo simmetrico. In basso la carta va rovesciata per non avere la punta centrale bianca (questo può accadere quando si hanno più punte centrali). Poi vanno utilizzate anche alcune delle pieghe prima segnate in verde, che possono essere utilizzate per cambiare la disposizione delle punte nella base piegata. 2 punte andranno a toccarsi in alto, mentre tutte le altre (10) si incontreranno in basso.



Ora la base principale è completa. Si può iniziare ad assottigliare le punte con le pieghe già preparate in precedenza, oppure si possono preparare ora. Le punte si possono assottigliare in diversi modi, ma spesso è necessaria una belle serie di sink... In questo esempio le punte vengono assottigliate con una serie di sink aperti paralleli all'asse della base, ma si potrebbero assottigliare anche lungo le bisettrici o in altri modi, anche a seconda del soggetto.



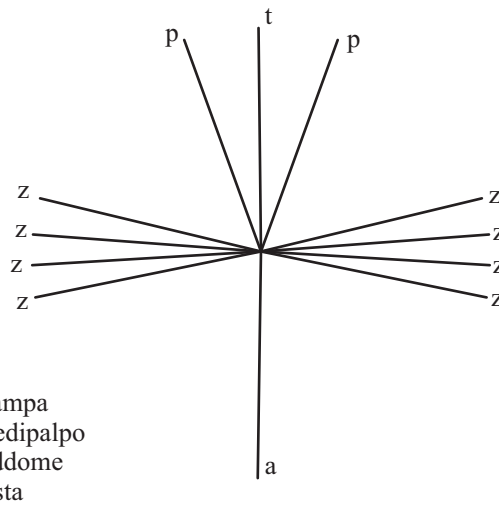
Possono essere necessari alcuni "spread-sink" per rendere la base completamente simmetrica.



Addome e cefalotorace



Vista di lato. Nella zona in basso si vedono solo metà delle punte perché le altre sono sul lato opposto.



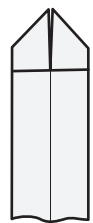
“**Tree-view**” = schema ad albero che rappresenta tutte le punte del modello.

La posizione delle punte va ora cambiata: i pedipalpi vanno ai lati della “testa”, l’addome in posizione opposta e le zampe verso l’esterno.

Per posizionare le varie punte si utilizzano le pieghe prima segnate in verde.

In questo modello va anche aggiunto un dettaglio, che non viene segnato nel CP: le mandibole del ragno.

Queste si ottengono dalla stessa punta che forma la testa, utilizzando un qualche tipo di “**point-splitting**” (metodi per dividere una punta in due o più punte, più piccole. Viene utilizzato per aggiungere dettagli minori senza dover cambiare l’intera struttura del CP).



Poi segue lo “**shaping**” finale...

Ora si modellano tutte le parti del soggetto dando la forma corretta a corpo, zampe, ecc...

