



UNIVERSITÀ DI PISA

Facoltà di Scienze Matematiche, Fisiche e Naturali  
Corso di Laurea Magistrale in Fisica delle Interazioni Fondamentali

Tesi Di Laurea Magistrale

**Studio delle prestazioni della nuova camera a  
deriva dell'esperimento MEG**

Candidato  
**Tiziano Rovai**

Relatore  
**Dr. Fabrizio Cei**

Anno Accademico 2012/2013

*Newton: Sa, io non sopporto il disordine.  
In fondo è proprio per questo che sono  
diventato un fisico: per amore dell'ordine.  
Per ricondurre a un ordine superiore  
l'apparente disordine della natura.*

*Friedrich Dürrenmatt  
I FISICI  
Atto Primo*

# Indice

|          |  |           |
|----------|--|-----------|
| <b>1</b> | <b>Motivazioni teoriche</b>                                | <b>7</b>  |
| 1.1      | Modello Standard . . . . .                                 | 7         |
| 1.1.1    | Interazione del muone nel Modello Standard . . . . .       | 11        |
| 1.1.2    | Modelli con massa del neutrino non nulla . . . . .         | 12        |
| 1.2      | Teorie oltre il Modello Standard . . . . .                 | 14        |
| 1.2.1    | Modelli supersimmetrici . . . . .                          | 14        |
| 1.3      | Ricerca della violazione del sapore leptonic . . . . .     | 15        |
| 1.3.1    | Conseguenze della misurazione di processi di LFV . . . . . | 16        |
| 1.3.2    | Connessione con le oscillazioni di neutrino . . . . .      | 17        |
| 1.3.3    | Stato dell'esperimento MEG . . . . .                       | 17        |
| 1.3.4    | Altri canali di ricerca di processi di LFV . . . . .       | 18        |
| <b>2</b> | <b>L'esperimento MEG ed il suo miglioramento</b>           | <b>21</b> |
| 2.1      | Sensibilità di singolo evento . . . . .                    | 23        |
| 2.2      | Eventi di fondo . . . . .                                  | 24        |
| 2.2.1    | Fondo correlato . . . . .                                  | 24        |
| 2.2.2    | Fondo accidentale . . . . .                                | 25        |
| 2.3      | Configurazione attuale . . . . .                           | 26        |
| 2.3.1    | Fascio e bersaglio . . . . .                               | 26        |
| 2.3.2    | Sistema di tracciamento dei positroni . . . . .            | 29        |
| 2.3.3    | Misura dei fotoni . . . . .                                | 41        |
| 2.4      | Miglioramento dell'apparato sperimentale . . . . .         | 44        |
| 2.4.1    | Il nuovo tracciatore di MEG: DRAGO . . . . .               | 47        |
| 2.4.2    | Altri miglioramenti . . . . .                              | 55        |
| <b>3</b> | <b>Identificazione delle tracce</b>                        | <b>61</b> |
| 3.1      | Simulazione . . . . .                                      | 68        |
| 3.1.1    | GEM4 e Tree . . . . .                                      | 68        |
| 3.1.2    | TreeReader . . . . .                                       | 71        |
| 3.2      | Mescolamento . . . . .                                     | 79        |

|          |   |            |
|----------|---|------------|
| 3.3      | Analisi . . . . .   | 80         |
| 3.3.1    | Lettura del file di testo . . . . .                               | 82         |
| 3.3.2    | Associazione degli <i>hit</i> del TC . . . . .                    | 82         |
| 3.3.3    | Associazione degli <i>hit</i> della camera a deriva . . . . .     | 86         |
| 3.3.4    | Associazione fra insiemi nel TC ed insiemi nella camera . . . . . | 109        |
| 3.3.5    | Dati in uscita e tempi di esecuzione . . . . .                    | 114        |
| 3.3.6    | Prestazioni dell'analisi . . . . .                                | 115        |
| <b>4</b> | <b>Analisi dei processi di deriva</b>                             | <b>127</b> |
| 4.1      | Simulazione del processo di deriva con GARFIELD++ . . . . .       | 128        |
| 4.1.1    | Parametri di trasporto . . . . .                                  | 130        |
| 4.1.2    | Simulazione dei processi di deriva . . . . .                      | 132        |
| 4.2      | Tabelle <i>TXY</i> . . . . .                                      | 140        |
| 4.2.1    | Generazione delle tabelle . . . . .                               | 141        |
| 4.2.2    | Interpolazione delle tabelle . . . . .                            | 141        |
| 4.2.3    | Inversione delle tabelle . . . . .                                | 145        |
| 4.3      | <i>Cluster Timing</i> . . . . .                                   | 148        |
| 4.3.1    | Individuazione dei picchi delle forme d'onda . . . . .            | 150        |
| <b>5</b> | <b>Conclusioni</b>  | <b>155</b> |

# Introduzione

L'obiettivo dell'esperimento MEG è quello di fornire una misura quantitativa del rapporto di decadimento (in inglese "Branching Ratio", BR) del processo

$$\mu \rightarrow e + \gamma \tag{1}$$

con una sensibilità di  $\approx 10^{-13}$  rispetto all'usuale decadimento del muone  $\mu \rightarrow e + \nu + \bar{\nu}$ , tramite un apparato sperimentale collocato presso il Paul Scherrer Institut (P.S.I.) di Villigen, in Svizzera.

Tale decadimento è proibito dal Modello Standard (SM), il quale prescrive che il sapore leptonico sia conservato separatamente per ognuna delle tre famiglie  $e, \mu$  e  $\tau$ ; il processo (1) quindi violerebbe questa regola (si parla infatti, con terminologia inglese, di "lepton flavour violation", LFV). Introducendo il mescolamento di sapore fra neutrini indotto dall'esistenza di autostati di massa non nulli, la cui esistenza è stata verificata dagli esperimenti di oscillazione di neutrini atmosferici, solari e prodotti da acceleratori e reattori, la reazione (1) diventa possibile, ma con un rapporto di decadimento non misurabile, dell'ordine di  $\sim 10^{-54}$ .

Tuttavia la quasi totalità delle estensioni del modello standard ed in particolare ampie classi di teorie supersimmetriche prevedono l'esistenza del decadimento (1) con BRs assai più alti, dell'ordine di  $10^{-12} \div 10^{-14}$ , e quindi sperimentalmente misurabili. L'osservazione e la misura del processo (1) sarebbe un segnale inequivocabile della necessità di superare definitivamente il Modello Standard e consentirebbe di porre dei precisi vincoli sullo spazio dei parametri previsti dai vari modelli "oltre lo SM". Anche un risultato negativo, cioè una *non* osservazione del processo (1) ottenuto con elevata sensibilità, fornirebbe un importante contributo nella determinazione delle regioni ammesse nello spazio dei parametri, per cui risulterebbe comunque di grande utilità.

MEG utilizza il fascio continuo di muoni ad oggi più intenso al mondo ( $\sim 10^8 \mu/s$ ), prodotto come fascio secondario dal protosincrotrone del P.S.I.. Nell'esperimento vengono utilizzati soltanto i muoni positivi, al fine di evitare processi di cattura nucleare di muoni negativi, per cui il processo (1) va inteso come  $\mu^+ \rightarrow e^+ + \gamma$ .

Il muone viene arrestato nel bersaglio dell'esperimento, dove decade a riposo. Poiché il decadimento è a due corpi, nel sistema di riferimento del centro di massa del  $\mu$  (che, essendo a riposo, corrisponde a quello del laboratorio) il processo è monocromatico, con i

prodotti di decadimento emessi nello stesso istante, con un angolo relativo di  $\pi$  ed entrambi con un'energia  $E = m_\mu/2 \simeq 52.83 \text{ MeV}/c^2$ . La segnatura dell'evento (1) è quindi molto semplice.

Nella configurazione attuale dell'esperimento la misura viene effettuata tramite l'uso di tre rivelatori: un insieme di camere a deriva (in inglese "drift chambers", DCH) per il tracciamento e la misura del quadrimpulso del positrone, un calorimetro a xenon liquido (LXe) per la misura dell'energia del fotone, del suo tempo di arrivo e del suo punto di interazione, ed un sistema di barre scintillanti ("Timing Counter", TC) per la misura del tempo del positrone. Bersaglio, camere e barre scintillanti sono inserite all'interno di uno speciale magnete superconduttore, chiamato COBRA ("COntant Bending RAdius", cioè angolo di curvatura costante), dotato di una configurazione di campo che consente di limitare il tempo di permanenza nelle camere dei positroni a basso impulso longitudinale e rendere il loro raggio di curvatura quasi indipendente dall'angolo di emissione.

Con questa configurazione MEG ha stabilito, analizzando i primi tre anni di presa dati (2009, 2010 e 2011), il miglior limite superiore oggi disponibile sulla violazione del sapore leptonic nel processo (1), stabilendo che il suo rapporto di decadimento è  $\text{BR} < 5.7 \cdot 10^{-13}$  con un livello di confidenza del 90% [1]. Non è stata finora osservata alcuna evidenza di un eccesso di eventi rispetto al fondo atteso nella regione di segnale. L'acquisizione dati dell'esperimento è continuata nel 2012 e terminerà alla fine dell'estate 2013. La sensibilità finale attesa, al termine dell'analisi del campione completo dei dati, è  $5 \cdot 10^{-13}$ . Per riuscire a migliorare ulteriormente la sensibilità dell'esperimento e permettere di esplorare l'intervallo di BR fra  $10^{-13}$  e  $10^{-14}$  è stata elaborata una proposta di miglioramento dell'apparato sperimentale, che interesserà tutti e tre i rivelatori suddetti.

In questa tesi l'oggetto di studio saranno le caratteristiche della nuova camera a deriva progettata per MEG che, come osservato, sarà utilizzata per registrare la traccia dei positroni e misurarne l'energia e l'impulso. In particolare lo studio sarà incentrato sugli aspetti concernenti la ricostruzione delle tracce, ottenuta tramite programmi dedicati, simulazioni al computer ed analisi di segnali ottenuti dai primi prototipi della camera stessa costruiti all'INFN di Pisa e su un'analisi dettagliata delle relazioni fra posizione e tempo di deriva per gli elettroni prodotti dalle ionizzazioni primarie.

# Capitolo 1

## Motivazioni teoriche

### 1.1 Modello Standard

Scopo della fisica delle interazioni fondamentali è quello di descrivere i costituenti ultimi della materia e le loro mutue interazioni.

Il *Modello Standard* (MS) è una teoria di gauge che descrive le particelle elementari e le loro interazioni forti, deboli ed elettromagnetiche. Il gruppo di simmetria di questa teoria è  $U(1)_Y \times SU(2)_L \times SU(3)_C$  dove  $Y$  rappresenta l'ipercarica,  $L$  lo stato di chiralità sinistrorsa (solitamente detta *left*) e  $C$  il numero quantico di colore. I fermioni della teoria rappresentano la cosiddetta “componente di materia” e possono essere divisi in due grandi gruppi: gli adroni (che risentono anche dell'interazione forte) ed i leptoni (che interagiscono solo in modo elettrodebole). I bosoni della teoria sono invece i bosoni di gauge, che rappresentano i campi mediatori delle interazioni (le connessioni dei gruppi di simmetria, che rendono covariante l'intera struttura teorica), ed il bosone di Higgs, responsabile degli accoppiamenti che generano la massa delle particelle attraverso il “meccanismo di Higgs”, cioè la rottura spontanea della simmetria locale. Tale meccanismo permette di mantenere rinormalizzabile la lagrangiana e covariante la teoria. Il bosone di Higgs, teorizzato a metà degli anni '60, è stato recentemente osservato dagli esperimenti ATLAS [2] e CMS [3] all'acceleratore di particelle LHC al CERN di Ginevra, con una massa di circa 126 MeV. Questa scoperta rappresenta l'ultimo mattone fondamentale per la convalida sperimentale del Modello Standard e costituisce, in ordine di tempo, l'ultimo grande successo della teoria.

I leptoni, che non risentono delle interazioni forti essendo singoletti di  $SU(3)_C$  (cioè privi di colore), possono essere raggruppati in tre famiglie, in base al loro autovalore rispetto ai tre operatori di sapore leptonico  $e, \mu$  e  $\tau$ <sup>1</sup>. I campi che descrivono le particelle di ciascuna

---

<sup>1</sup>I tre operatori  $L_e, L_\mu$  ed  $L_\tau$  sono introdotti nella teoria “a mano”, per motivi sperimentali. L'esistenza dei tre leptoni carichi e l'osservazione sperimentale dell'assenza di processi in cui il numero di leptoni delle varie famiglie potesse variare, ha infatti portato a formulare una teoria in cui i numeri quantici di sapore

famiglia sono due campi spinoriali left, che formano un doppietto di  $SU(2)_L$ , ed uno spinore right, che è invece formato da un unico singoletto. Questa caratteristica peculiare è inserita nel Modello Standard per riprodurre l'osservazione sperimentale secondo la quale i neutrini hanno massa nulla<sup>2</sup>; infatti in questo modo i  $\nu$  non hanno alcuna componente right da accoppiare alla left per produrre un termine di massa tramite il campo di Higgs. Indicando con  $\chi$  il generico campo di leptone carico, con  $\nu$  quello di neutrino e con  $(\alpha)$  l'indice di famiglia, i campi leptonici sono quindi descritti da

$$\psi_L^{(\alpha)} = \begin{pmatrix} \nu_L^{(\alpha)} \\ \chi_L^{(\alpha)} \end{pmatrix}; \quad \chi_R^{(\alpha)} \quad \text{con } \alpha = 1, 2, 3 \quad (1.1)$$

Gli adroni, a livello elementare, sono costituiti da fermioni fondamentali, chiamati quark, di sei possibili sapori, corrispondenti ad autostati di massa definita:  $u, d, s, c, b, t$ . Anche i quark possono essere raggruppati in multipletti di  $SU(2)_L$  attraverso un cambiamento di base operato dalla matrice di Cabibbo-Kobayashi-Maskawa (CKM). Chiamando  $U$  e  $D$  gli stati ottenuti tramite questa trasformazione (dotati di carica e chiralità definita, ma di massa non definita), i campi dei quark formano tre doppietti left e sei singoletti right, che possono essere anch'essi raggruppati in tre famiglie. Ogni famiglia, in questo caso, ha un doppietto e *due* singoletti: non esistono infatti adroni fondamentali a massa nulla. Indichiamo con  $(\beta)$  l'indice delle famiglie adroniche: ognuna di esse contiene due stati  $U$  (right e left) ottenuti mischiando i quark con carica elettrica  $2/3$  ( $u, c$  e  $t$ ) e due stati  $D$  (right e left) ottenuti mischiando i quark con carica  $-1/3$  ( $d, s$  e  $b$ ), con gli stati left che formano il doppietto. Riassumendo, i campi adronici sono quindi descritti da

$$q_L^{(\beta)} = \begin{pmatrix} U_L^{(\beta)} \\ D_L^{(\beta)} \end{pmatrix}; \quad U_R^{(\beta)}; \quad D_R^{(\beta)} \quad \text{con } \beta = 1, 2, 3 \quad (1.2)$$

I bosoni di gauge, responsabili e mediatori delle interazioni, sono:

1. il fotone (indicato con  $\gamma$ );
2. i bosoni vettoriali intermedi massivi  $Z^0$  e  $W^\pm$ , che sono ottenuti dalle connessioni originali del gruppo elettrodebole  $U(1)_Y \times SU(2)_L$ , rotto spontaneamente, tramite il cambiamento di base operato attraverso l'angolo di Weinberg (il quale sarà definito più avanti);
3. gli otto gluoni, connessioni di  $SU(3)_C$ , sensibili alla carica di colore e mediatori delle interazioni forti.

---

leptonico associati ad  $e, \mu$  e  $\tau$  fossero tutti e tre separatamente conservati. L'impatto sulla formulazione del MS dell'evidenza sperimentale di conservazione del sapore leptonico è stata quindi enorme.

<sup>2</sup>In realtà è stato sperimentalmente dimostrato negli esperimenti di oscillazioni di neutrino che la massa dei neutrini non è nulla. Tuttavia, quando il modello è stato formulato, tali evidenze sperimentali non erano ancora disponibili, per cui nella sua versione originale lo SM prevede  $m_\nu = 0$ .

Completa la teoria il bosone di Higgs, responsabile degli accoppiamenti che generano le masse delle particelle.

La propagazione e le interazioni dei campi fermionici (1.1) e (1.2) e di quelli bosonici possono essere descritti da una lagrangiana, detta lagrangiana del Modello Standard, indicata con  $\mathcal{L}_{SM}$ . Tale lagrangiana può essere suddivisa, per semplicità, in tre parti: una  $\mathcal{L}_{Gauge}$  che descrive i termini cinetici delle particelle e dei campi e le interazioni fra le prime mediate dai secondi, una  $\mathcal{L}_{Yukawa}$  che contiene i termini di massa introdotti dal meccanismo di Higgs ed una  $\mathcal{L}_{Higgs}$  che contiene il potenziale di Higgs, responsabile della rottura spontanea della simmetria. Si ha quindi

$$\mathcal{L}_{SM} = \mathcal{L}_{Gauge} + \mathcal{L}_{Yukawa} + \mathcal{L}_{Higgs} \quad (1.3)$$

In particolare,

$$\mathcal{L}_{Gauge} = \sum_a F_a^{\mu\nu} F_{a\mu\nu} \quad (1.4)$$

$$+ i \sum_\alpha \bar{\psi}^{(\alpha)} \gamma^\mu D_\mu \psi^{(\alpha)} + i \sum_\beta \bar{q}^{(\beta)} \gamma^\mu D_\mu q^{(\beta)} \quad (1.5)$$

$$+ D^\mu H D_\mu H \quad (1.6)$$

dove il termine (1.4) rappresenta il cosiddetto termine di “pura gauge”, che descrive la propagazione dei campi liberi. L’indice  $a$  cicla su tutti i generatori di  $U(1)_Y \times SU(2)_L \times SU(3)_C$ , per cui la somma è da intendersi su tutti i gruppi ed il tensore  $F_a^{\mu\nu}$  è costruito a partire dai generatori  $G_a^\mu$  di ogni specifico gruppo:

$$F_a^{\mu\nu} = \partial^\mu G_a^\nu - \partial^\nu G_a^\mu - k \cdot f_{abc} G_b^\mu G_c^\nu \quad (1.7)$$

dove  $k$  rappresenta la generica costante d’accoppiamento ed  $f_{abc}$  la generica costante di struttura del gruppo (ad esempio nel caso di  $SU(2)_L$ :  $a = 1, 2, 3$ ;  $G_a^\mu = W_a^\mu$ ;  $k = g$  e  $f_{abc} = \epsilon_{abc}$ ).

Il termine (1.5) contiene il fattore cinetico per i fermioni (cioè l’equazione di Dirac, escludendo il termine di massa), che produce i propagatori fermionici, e quello di accoppiamento fra campo e fermione, responsabile della generazione dei vertici di interazione. Il primo dei due addendi è relativo ai leptoni, il secondo agli adroni. Si noti che la  $\psi^{(\alpha)}$  accoppia solo con la sua rispettiva  $\bar{\psi}^{(\alpha)}$ , vietando così esplicitamente i processi che non conservano il sapore leptonico. La compresenza di propagazione ed interazione avviene grazie alla particolare definizione dell’operatore  $D_\mu$ , noto col nome di “derivata covariante”

$$D_\mu = \partial_\mu + \frac{i}{2} g' B_\mu Y + \frac{i}{2} g W_\mu^a \sigma^a + \frac{i}{2} g_s T_\mu^b \lambda^b \quad \text{con } a = 1, 2, 3 \text{ e } b = 1, 2, \dots, 8 \quad (1.8)$$

dove  $g'$  è la costante di accoppiamento di  $U(1)_Y$ ,  $\frac{Y}{2}$  il suo generatore (chiamato “ipercarica”) e  $B_\mu$  la sua connessione;  $g$  è la costante di accoppiamento di  $SU(2)_L$ ,  $\frac{\sigma^a}{2}$  i suoi generatori

(le matrici di Pauli) e  $W_\mu^a$  le sue connessioni;  $g_s$  è la costante di accoppiamento forte,  $\frac{\lambda^b}{2}$  i suoi generatori (le matrici di Gell-Mann) e  $T_\mu^b$  le sue connessioni.

La carica elettrica fondamentale si ottiene dalla relazione

$$e = \frac{g \cdot g'}{\sqrt{g^2 + g'^2}} = g \sin \theta_W \quad (1.9)$$

dove  $\theta_W$  è l'angolo di Weinberg, definito da  $\cos \theta_W = \frac{m_{Z^0}}{m_{W^\pm}}$ . La relazione (1.9) deriva dal fatto che il seno ed il coseno dell'angolo di Weinberg risultano essere i coefficienti opportuni per operare una trasformazione ortogonale sulle combinazioni di  $W_\mu^3$  e  $B_\mu$  che permette di isolare un campo privo di massa  $A_\mu$  (il campo elettromagnetico) ed un campo massivo  $Z_\mu$ . Una volta operata questa trasformazione, l'interazione elettromagnetica e quella debole possono essere distinte ed i loro singoli contributi sono chiaramente individuabili all'interno dell'equazione.

Il termine (1.6) rappresenta il termine cinetico per il bosone di Higgs (cioè l'equazione di Klein-Gordon, escludendo il termine di massa) e le sue interazioni.  $H$  rappresenta il campo di tale particella, di cui tra breve sarà fornita una forma esplicita.

Il secondo termine della (1.3) contiene i termini di massa dei fermioni generati dalla rottura spontanea di simmetria operata dal campo di Higgs, cioè i termini che servono a completare le equazioni del moto di quark e leptoni in assenza di interazioni, la cui parte cinetica è descritta, come osservato, nella (1.5).

Tale termine può essere scritto esplicitamente nella forma

$$\mathcal{L}_{Yukawa} = -(\bar{\chi}_R^{(\alpha)}(m_l)^{(\alpha)}\chi_L^{(\alpha)} + \bar{u}_R^{(\beta)}(m_{qu})^{(\beta)}u_L^{(\beta)} + \bar{d}_R^{(\beta)}(m_{qd})^{(\beta)}d_L^{(\beta)}) + \text{H.C.} \quad (1.10)$$

dove  $u$  e  $d$  sono gli autostati di massa dei quark, legati ad  $U$  e  $D$  (i campi che entrano nella (1.5)) dalla già citata matrice CKM. Il termine  $\mathcal{L}_{Yukawa}$  sarebbe proibito, in quanto non invariante di gauge, se non fosse per l'intervento del campo di Higgs. Infatti, per come è scritto nella (1.10), esso accoppia un elemento di un doppietto di  $SU(2)_L$  con un singoletto. Tuttavia il termine leptonic che compare nell'equazione è ottenuto a partire da un accoppiamento fra il campo di Higgs  $\phi$  ed i campi leptonici del tipo (1.1) siffatto

$$\mathcal{L}_{Yukawa_{Lept}} = \sum_{\alpha} \kappa^{(\alpha)} [\chi_R^{\dagger(\alpha)}(\phi^\dagger \psi_L^{(\alpha)}) + \text{H.C.}] \quad (1.11)$$

dove  $\phi$  è anch'esso un doppietto di  $SU(2)_L$  per cui il prodotto  $(\phi \cdot \psi_L)$  risulta un singoletto, che può accoppiarsi con  $\chi_R$  senza perdita di gauge-invarianza. Le  $\kappa^{(\alpha)}$  sono costanti, responsabili della differenza di massa fra i leptoni. Una forma analoga alla (1.11) può essere introdotta per gli adroni.

La presenza dei doppietti  $\phi$  è giustificata proprio dal processo di rottura spontanea della simmetria. In particolare il campo di Higgs può essere scritto nella forma

$$\phi(x) = e^{i\alpha^a \frac{\sigma^a}{2}} H(x) \quad H(x) = \begin{pmatrix} 0 \\ v + \frac{h(x)}{\sqrt{2}} \end{pmatrix} \quad (1.12)$$

dove  $H$  è il campo che compare anche nella (1.6).  $v$  rappresenta il valore di aspettazione nel vuoto del campo  $\phi$ , definito da  $\langle 0|\phi|0\rangle = v$ , ed è una costante importante per dare massa alle particelle. Infatti, come si può dedurre dalle (1.11) e (1.12), la massa del leptone della famiglia ( $\alpha$ ) è data da

$$(m_l)^{(\alpha)} = \kappa^{(\alpha)} \frac{v}{\sqrt{2}}$$

Infine il terzo termine della (1.3) descrive il potenziale del campo di Higgs  $H$ , che è responsabile della rottura spontanea di simmetria. In particolare

$$\mathcal{L}_{Higgs} = -(-\mu^2|H|^2 + \lambda|H|^4) \quad (1.13)$$

dove  $\mu$  e  $\lambda$  rappresentano i parametri del potenziale.

Nel Modello Standard appena discusso i neutrini non hanno massa e non sono previsti vertici di interazione che mischiano il sapore leptonic, per cui sono proibiti processi che non conservano questo numero quantico. Il processo (1) non può dunque avvenire.

### 1.1.1 Interazione del muone nel Modello Standard

Per illustrare le motivazioni dell'esperimento MEG risulta importante estrapolare da tutti i termini della (1.3) quelli che rappresentano le interazioni dei muoni (cioè con  $\alpha = \mu$ ). Si ottiene così la lagrangiana che rappresenta la propagazione e l'interazione del solo muone:

$$\mathcal{L}_\mu = \bar{\chi}^{(\mu)}(m_\mu - i\gamma^\sigma \partial_\sigma)\chi^{(\mu)} \quad (1.14)$$

$$- e\bar{\chi}^{(\mu)}\gamma^\sigma\chi^{(\mu)}A_\sigma \quad (1.15)$$

$$- \frac{g}{\sqrt{2}}(\bar{\nu}_L^{(\mu)}\gamma^\sigma\chi_L^{(\mu)}W_\sigma^+ + \bar{\chi}_L^{(\mu)}\gamma^\sigma\nu_L^{(\mu)}W_\sigma^-) \quad (1.16)$$

$$- \frac{g}{\cos\theta_W} \left[ \left( \sin^2\theta_W - \frac{1}{2} \right) \bar{\chi}_L^{(\mu)}\gamma^\sigma\chi_L^{(\mu)} + \sin^2\theta_W \cdot \bar{\chi}_R^{(\mu)}\gamma^\sigma\chi_R^{(\mu)} \right] Z_\sigma^0 \quad (1.17)$$

dove  $\chi = \chi_L + \chi_R$  e  $W_\sigma^\pm = \frac{1}{\sqrt{2}}(W_\sigma^1 \pm iW_\sigma^2)$ . Il termine (1.14) rappresenta la propagazione libera del muone, il termine (1.15) la sua interazione elettromagnetica, il termine (1.16) la sua interazione debole carica (che provoca correnti muoniche con transizioni  $\nu_\mu \leftrightarrow \mu$ ) ed il termine (1.17) la sua interazione debole neutra.

Il termine (1.16) è responsabile dell'usuale decadimento del muone, vale a dire dei processi

$$\mu^- \rightarrow e^- + \bar{\nu}_e + \nu_\mu$$

$$\mu^+ \rightarrow e^+ + \bar{\nu}_\mu + \nu_e$$

detti “decadimenti di Michel”, in cui la regola di conservazione del numero quantico di sapore leptonic è rispettata. Il diagramma di Feynman del decadimento di Michel è mostrato nella figura 1.1 nel caso del muone negativo. Il muone decade secondo il processo di Michel nella quasi totalità dei casi ( $\sim 98\%$ ); tuttavia nel Modello Standard esiste un altro

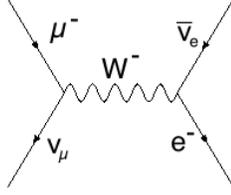


Figura 1.1: Diagramma del decadimento di Michel del muone

tipo di decadimento possibile per il  $\mu$ , il decadimento radiativo, che è lo stesso processo precedente con l'aggiunta di un fotone, vale a dire  $\mu \rightarrow e + \bar{\nu} + \nu + \gamma$ . Il BR di questo processo è  $(1.4 \pm 0.2)\%$  di quello usuale per  $E_\gamma > 10$  MeV [4]. La vita media del muone a riposo, misurata sperimentalmente, è  $\tau = (2.197019 \pm 0.000021) \times 10^{-6}$  s [5].

### 1.1.2 Modelli con massa del neutrino non nulla

Numerosi esperimenti (*Homestake* [6], *SNO* [7], *Super Kamiokande* [8], *Opera* [9], *Borexino* [10], *MACRO* [11], *K2K* [12], *T2K* [13], *KamLAND* [14] fra gli altri) hanno osservato, direttamente o indirettamente, processi nei quali neutrini prodotti con uno specifico sapore leptonic (vale a dire autostati di uno dei tre operatori  $L_e, L_\mu$  o  $L_\tau$ ) venivano rivelati, ad una certa distanza dalla sorgente, in uno stato di sapore diverso (esperimenti di “apparizione”) o risultavano in numero inferiore a quanto previsto (esperimenti di “scomparsa”). Questi tipi di reazioni, nei quali un  $\nu$  cambia la propria famiglia leptonica di appartenenza, sono chiamate “oscillazioni di neutrino”. È evidente che interazioni di questo tipo non conservano il sapore leptonic, per cui non possono derivare da nessun accoppiamento contenuto nella (1.5); si tratta cioè di processi non previsti nel Modello Standard Minimale.

La soluzione proposta per spiegare questo fenomeno è basata sull'idea che la massa dei neutrini non sia in realtà nulla, bensì che esistano tre possibili autostati di massa dei  $\nu$ , indicati con,  $\nu_1, \nu_2$  e  $\nu_3$ , almeno due dei quali con  $m_{\nu_i} \neq 0$ <sup>3</sup>. In modo simile a quanto avviene per i quark (dove la matrice CKM mette in relazione gli autostati di massa e quelli di chiralità) si suppone che il sapore leptonic non sia diagonale nella base in cui lo è la massa e viceversa; di conseguenza un  $\nu$  di *sapore definito* (autostato di *produzione* e di *interazione*) non avrebbe *massa definita*.

La *propagazione temporale* del neutrino avviene tramite un operatore  $U(t) = e^{-iEt/\hbar}$  che tiene conto della sua massa, ma non del sapore. Può quindi accadere che un neutrino che si propaga temporalmente, pur essendo stato prodotto in uno stato definito di sapore  $|\nu^{(\alpha)}\rangle$ , durante il tragitto si venga a trovare in una condizione dove i sapori sono “mescolati”, ovvero che la sua funzione d'onda contenga tutti e tre i sapori, con le relative ampiezze di probabilità. Nell'istante in cui il neutrino subisce una conversione del tipo  $\nu \rightarrow \chi$ , la

<sup>3</sup>Tale ipotesi è stata confermata dalla misura di  $\Delta m^2$ , quantità che sarà definita fra poco.

sua funzione d'onda collassa di nuovo in uno stato di sapore definito  $|\nu^{(\alpha')}\rangle$ , che può anche essere diverso da quello in cui è stato prodotto.

Se si assume che le masse dei neutrini siano piccole rispetto alla loro tipica energia cinetica (il limite sperimentale superiore alla massa dei neutrini è attualmente  $m_\nu < 2.2 \text{ eV}/c^2$  [15]) e che, per semplicità, sia la base di sapore dei  $\nu$  che quella di massa abbiano dimensione 2, la probabilità che un neutrino di energia  $E$  subisca una transizione dopo aver attraversato una distanza  $L$  (cioè il modulo quadro dell'ampiezza dello stato  $(\alpha')$  nella sua funzione d'onda) può essere espressa dalla seguente formula

$$P_{\nu^{(\alpha)} \rightarrow \nu^{(\alpha')}} = \sin^2(2\theta) \sin^2 \left( 1.27 \frac{\Delta m^2 (\text{eV}^2) \cdot L (\text{m})}{E (\text{MeV})} \right) \quad (1.18)$$

dove è stato posto  $\hbar = c = 1$  e  $\Delta m^2 = m_1^2 - m_2^2$  è la differenza delle masse quadre fra gli autostati dell'hamiltoniana. La costante 1.27 deriva dalla scelta del sistema di unità di misura, in cui  $\Delta m^2$  è misurata in  $\text{eV}^2$ ,  $L$  in metri ed  $E$  in MeV (oppure  $L$  in chilometri ed  $E$  in GeV).  $\theta$  rappresenta l'angolo di mescolamento ("mixing") fra gli autostati di massa e quelli di sapore, e rappresenta l'equivalente dell'angolo di Cabibbo per i quark. La matrice che lega  $\nu_i$  e  $\nu^{(\alpha)}$  è quindi, in questo caso, la matrice di rotazione relativa a tale angolo. In presenza di 3 neutrini la matrice contiene 4 parametri liberi, tre angoli ed una fase, proprio come la CKM. La misurazione di questi parametri è uno degli scopi di esperimenti come *Super Kamiokande* [8], *SNO* [7], *KamLAND* [14], *MINOS* [16], *Chooz* [17], *Double Chooz* [18], *RENO* [19], *T2K* [13], *Daya Bay* [20], *K2K* [12]).

Le oscillazioni di neutrino potrebbero, in linea di principio, essere sufficienti a generare processi del tipo (1), tramite diagrammi come quello descritto nella figura 1.2; in questo contesto quindi una violazione del sapore leptonic anche per il settore carico sarebbe ammissibile. In realtà, però, questo tipo di processi risulta fortemente soppresso (cioè

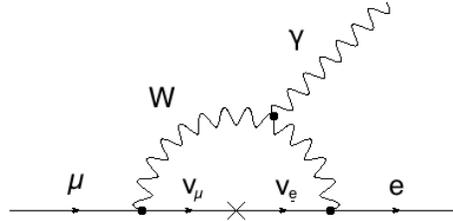


Figura 1.2: Diagramma del processo  $\mu \rightarrow e + \gamma$  indotto dalle oscillazioni di neutrino

con un rapporto di decadimento estremamente piccolo) proprio a causa della presenza del fenomeno di oscillazione. Bisogna infatti tener conto che le lunghezze tipiche del processo, come si può ricavare dal principio di indeterminazione di Heisenberg, sono dell'ordine dell'inverso della massa del  $W$ . Calcolando il contributo del diagramma in figura 1.2

al decadimento del muone si ricava infatti una larghezza di decadimento

$$\Gamma_{\mu \rightarrow e + \gamma} \approx \frac{G_F^2 m_\mu^5}{192\pi^3} \left(\frac{\alpha}{2\pi}\right) \sin^2 2\theta \sin^2 \left(\frac{1.27\Delta m^2}{M_W^2}\right) \approx 10^{-54} \quad (1.19)$$

fuori della portata di qualsiasi esperimento concepibile.

## 1.2 Teorie oltre il Modello Standard

Il Modello Standard è in grado di predire con successo la quasi totalità dei fenomeni che interessano le particelle elementari con un ottimo livello di precisione. L'ultimo grande successo in ordine di tempo di questa teoria è stata l'osservazione nel 2012 da parte di ATLAS [2] e CMS [3], i grandi rivelatori operativi sull'acceleratore LHC, del bosone di Higgs nell'intervallo di energia atteso ( $m_H \approx 126$  GeV). Il bosone di Higgs era l'ultima particella prevista dal modello, di cui costituisce un tassello fondamentale e che non era ancora stata osservata.

Nonostante questi eccellenti risultati, tuttavia, il Modello Standard, per quanto efficace nel descrivere la maggior parte dei processi fondamentali osservabili in natura, presenta alcune limitazioni, imprecisioni ed elementi non completamente chiariti che, soprattutto dal punto di vista teorico, non sono soddisfacenti. Questi problemi sono legati all'introduzione *ad hoc* di parametri fondamentali.

Si possono citare ad esempio la grande variabilità delle masse delle particelle fondamentali (da alcuni eV o frazioni di eV per le masse dei neutrini agli oltre 100 GeV della massa del quark top), la non prevedibilità delle costanti d'accoppiamento e dei parametri delle matrici di mescolamento dei quark (CKM) e dei leptoni, l'origine ed il numero delle generazioni di quark e leptoni, la non inclusione dell'interazione gravitazionale, la non comprensione della natura della materia oscura, la quantizzazione della carica elettrica, il problema della gerarchia, l'entità della violazione di CP...

Questi sono tutti indizi del fatto che il Modello Standard, nonostante le sue ottime capacità predittive e le sue conferme sperimentali, non è probabilmente la "vera" teoria fondamentale, ma solo una sua particolare approssimazione, valida in una scala di energia relativamente bassa, fino a  $100 \div 200$  GeV. Per la comprensione di questi fenomeni non è quindi sufficiente una semplice estensione nell'ambito dello stesso schema matematico, ma occorre una sua più profonda riformulazione basata su un gruppo di simmetria più ampio, il quale subendo una rottura spontanea, fa emergere le simmetrie dello SM minimale.

Nelle estensioni del Modello Standard compaiono nuovi elementi, alcuni dei quali possono predire l'esistenza di eventi del tipo (1) e, a seconda degli schemi, anche di nuove particelle.

### 1.2.1 Modelli supersimmetrici

Per cercare di dare risposta agli interrogativi appena discussi si ipotizza che il Modello Standard sia il risultato della rottura spontanea di un unico gruppo di simmetria più va-

sto,  $SU(5)$  o  $SO(10)$ , che costituirebbe il nucleo di un'unica Teoria di Grande Unificazione (GUT) valida fino a scale di energia dell'ordine della massa di Plank. È possibile elaborare dei *Modelli Supersimmetrici*, i quali prevedono l'introduzione di nuove particelle, dette "superparticelle" che, almeno finché la simmetria non è rotta, differiscono da quelle usuali soltanto per una differenza di  $1/2$  nello spin; nell'ambito di questo tipo di modelli possono essere costruite anche teorie GUT. Il processo di rottura spontanea le porta tuttavia ad avere masse molto maggiori, dell'ordine delle centinaia di GeV o superiori. Le eventuali superparticelle stabili potrebbero essere i costituenti della materia oscura.

Senza entrare troppo nel dettaglio, le teorie supersimmetriche prevedono l'esistenza di processi del tipo (1) a livelli accessibili per una misura, compresi in un intervallo di rapporto di decadimento che va da  $10^{-12}$  a  $10^{-14}$ . Un possibile diagramma di Feynman che rappresenta il modo in cui il processo (1) si può realizzare nel contesto di una teoria supersimmetrica è presentato nella figura 1.3. Le particelle indicate con una tilde ( $\sim$ ) sono superparticelle

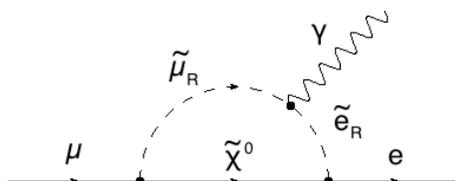


Figura 1.3: Diagramma del processo  $\mu \rightarrow e + \gamma$  nel contesto delle teorie supersimmetriche

le (o, più semplicemente, *sparticelle*). Gli *sleptoni*  $\tilde{e}$  e  $\tilde{\mu}$  sono i partner supersimmetrici dell'elettrone e del muone, mentre il  $\tilde{\chi}^0$  è il cosiddetto *neutralino*, e rappresenta il partner supersimmetrico del bosone di Higgs. Si noti che, a causa della variazione di  $1/2$  dello spin, gli sleptoni sono bosoni ed il neutralino è un fermione.

Il mescolamento fra gli sleptoni del diagramma in figura 1.3 è originato da termini fuori diagonale nella loro matrice di massa. Un secondo contributo potrebbe essere fornito da un mescolamento anche fra i neutrini destrorsi pesanti, introdotti per giustificare la massa dei  $\nu$ , secondo il meccanismo cosiddetto "see saw".

### 1.3 Ricerca della violazione del sapore leptonic

La ricerca dei processi di LFV ha avuto inizio più di 70 anni fa, in seguito alla scoperta del muone nei raggi cosmici da parte di Anderson nel 1937 [21], ed ha fatto grandi progressi in seguito allo sviluppo di fasci di  $\mu$  sempre più intensi e di rivelatori di precisione sempre più spinti. Il primo tentativo risale a Pontecorvo [22] con muoni da raggi cosmici rilevati con un telescopio di scintillatori. Il limite sperimentale ottenuto fu  $\text{BR}(\mu \rightarrow e + \gamma) < 10^{-1}$  e da allora questo numero è stato migliorato di dodici ordini di grandezza: il limite attuale, ottenuto da MEG, è infatti  $\text{BR} < 5.7 \cdot 10^{-13}$  [1]. Finora, tuttavia, nessun esperimento ha

mai osservato un'evidenza di non conservazione del numero quantico di sapore leptonic per leptoni carichi e dunque, fino ad oggi, le previsioni del Modello Standard sono state sperimentalmente confermate. Nonostante ciò la LFV è prevista dalla maggior parte dei modelli teorici proposti come ampliamento del Modello Standard.

### 1.3.1 Conseguenze della misurazione di processi di LFV

Molti dei modelli supersimmetrici ipotizzati come estensioni dello SM, prevedono valori misurabili per il BR del processo (1). Modelli diversi prevedono risultati diversi al variare dei parametri nella teoria, come si può notare ad esempio nella figura 1.4, che mostra come

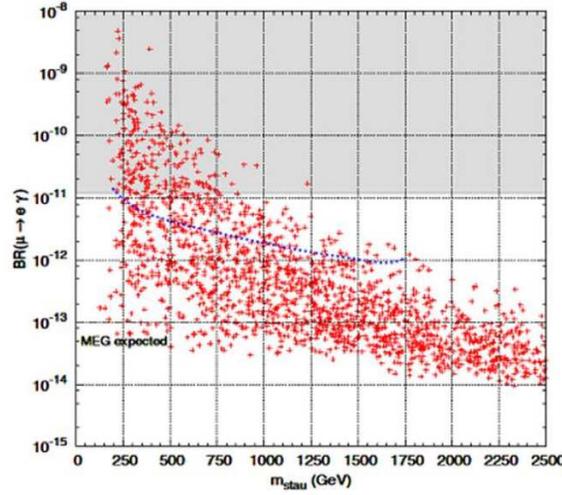


Figura 1.4:  $BR(\mu \rightarrow e + \gamma)$  al variare della massa dello sleptone stau

esso dipenda dalla massa dello sleptone stau per modelli GUT basati sul gruppo di simmetria  $SO(10)$ . Ogni punto del grafico è una diversa predizione, al variare dei parametri della teoria.

Fra i vari parametri della teoria che influenzano il rapporto di decadimento del processo (1) possiamo citare, ad esempio, la massa del gaugino  $M_2$ , le masse degli sleptoni, il rapporto  $\tan \beta$  fra i valori di aspettazione dei campi di Higgs  $H_1^0$  ed  $H_2^0$ , tale che  $\tan \beta = \frac{\langle H_2^0 \rangle}{\langle H_1^0 \rangle}$ . In generale, a parità di parametri le teorie basate sul gruppo  $SO(10)$  prevedono un più alto BR sul processo (1) di quelle basate su  $SU(5)$  grazie al maggior numero di diagrammi che contribuiscono ad esso. Dunque, un'eventuale osservazione della LFV per leptoni carichi darebbe un'indicazione importante sulla scelta della classe di modelli teorici e permetterebbe di restringere gli intervalli all'interno dei quali i parametri dei modelli stessi possono variare.

Bisogna comunque sottolineare che anche un'eventuale *non* osservazione del processo (1) nell'atteso intervallo di BR ( $10^{-12} \div 10^{-14}$ ) avrebbe in ogni caso delle importanti conseguenze teoriche. Infatti, se questo accadesse, costituirebbe un vincolo stringente di cui le teorie dovrebbero tenere conto e ciò restringerebbe comunque lo spazio dei parametri delle teorie stesse.

Per concludere, è importante osservare come la ricerca della LFV per leptoni carichi sia complementare agli esperimenti volti all'osservazione diretta delle superparticelle agli acceleratori ad alta energia, dal momento che processi come il (1) sono manifestazioni della teoria fino a scale di energia molto alte, dell'ordine di  $10^3$  TeV, molto maggiori dell'energia di produzione delle particelle supersimmetriche, dell'ordine del TeV, accessibili a LHC, e che quindi i due studi possono essere condotti parallelamente, pur avendo un obiettivo comune. Le ricerche di produzione diretta a LHC di particelle supersimmetriche non hanno dato fino a questo momento alcuna indicazione positiva [23], [24].

### 1.3.2 Connessione con le oscillazioni di neutrino

Nel caso delle teorie supersimmetriche non GUT, le previsioni sulla violazione del sapore leptonic per leptoni carichi risultano essere maggiormente dipendenti dalla scelta dei parametri d'ingresso. Uno di questi parametri è l'angolo di mescolamento  $\theta_{13}$  fra il primo ed il terzo autostato di massa dei neutrini, misurato recentemente da alcuni esperimenti che utilizzano neutrini da reattore [19], [18], [20]. Tale angolo rappresenta il mescolamento fra la prima e la terza generazione di leptoni neutri, che ha come effetto un equivalente mescolamento anche nel settore carico, attraverso una relazione che dipende dal modello. Questo significa che l'esistenza di un  $\theta_{13} \neq 0$  aggiunge un meccanismo di LFV tramite il meccanismo *see-saw* supersimmetrico, che assume l'esistenza di un neutrino right supermassivo (ordine dei  $10^{12}$  GeV o superiore). Il valore di  $\sin^2 \theta_{13}$  è stato per lungo tempo l'unico parametro mancante nella matrice di mescolamento dei neutrini, limitato superiormente dal risultato dell'esperimento *Chooz*:  $\sin^2 \theta_{13} < 0.1$  [17].

L'esperimento *Daya Bay* [20], ha recentemente misurato  $\sin^2(2\theta_{13}) = 0.089 \pm 0.015$  (valore vicino al limite superiore). Questo risultato è stato confermato dagli esperimenti *RENO* [19], *Double Chooz* [18] e *T2K* [13] ed è molto importante, poiché a grandi valori di  $\sin^2(2\theta_{13})$  corrispondono maggiori effetti di LFV in molti dei modelli oltre lo SM. La figura 1.5 mostra le predizioni per i processi  $\mu \rightarrow e + \gamma$  e  $\tau \rightarrow \mu + \gamma$  in funzione della massima massa introdotta per il neutrino right e di  $\theta_{13}$ .

### 1.3.3 Stato dell'esperimento MEG

Lo scopo dell'esperimento MEG è di misurare il BR del processo (1). Quello muonico è un canale particolarmente efficace ai fini della ricerca della LFV a causa del fatto che possono esser ottenuti fasci di muoni molto intensi ( $\approx 10^8 \mu/s$ ), che lo stato finale è relativamente semplice, che la segnatura del segnale è "pulita" e che la vita media del muone è relativa-

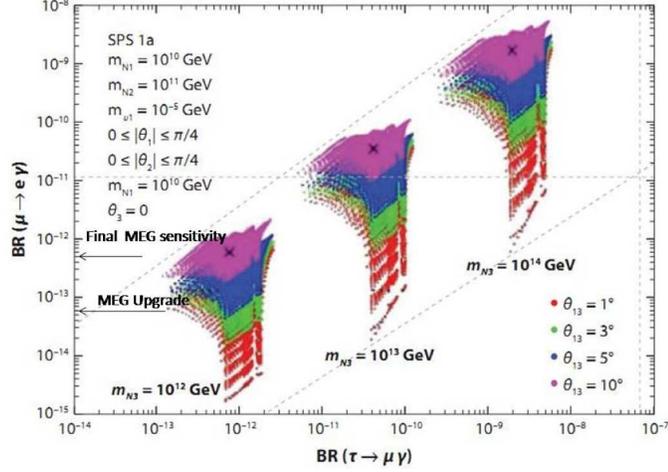


Figura 1.5: Correlazione fra  $BR(\mu \rightarrow e + \gamma)$  e  $BR(\tau \rightarrow \mu + \gamma)$  per vari valori di  $\theta_{13}$  e della massa del neutrino right.

mente lunga ( $2.2 \mu s$ ). Il decadimento (1), in particolare, ha poi il vantaggio che, essendo a due corpi, le energie ed il modulo degli impulsi delle particelle uscenti risultano fissate:  $E_e = E_\gamma = \frac{m_\mu}{2}$ .

MEG è stato progettato per esplorare l'intervallo di BR previsto da gran parte dei modelli supersimmetrici ed i suoi risultati sono già serviti per eliminare numerosi modelli o restringere lo spazio ammissibile dei parametri. Altri dati, raccolti fino al 2013, devono essere ancora analizzati e dovrebbero migliorare ulteriormente il limite superiore ottenuto sul processo (1). Tuttavia, al fine di poter sondare un più ampio intervallo di sensibilità al di sotto di  $10^{-13}$ , è indispensabile un miglioramento sostanziale dell'esperimento che sarà discusso nel prossimo capitolo.

### 1.3.4 Altri canali di ricerca di processi di LFV

Il canale di decadimento  $\mu \rightarrow e + \gamma$  è da sempre ritenuto il processo di riferimento per la ricerca di LFV, a causa della relativa semplicità (almeno in linea di principio) della misura. Tuttavia molti esperimenti sono stati progettati per esplorare anche altri possibili processi che dimostrerebbero una violazione di sapore leptonic. Nessuno di questi è ancora mai riuscito ad ottenere un risultato positivo, ma nel corso degli anni i vari limiti superiori per ogni canale di decadimento sono stati progressivamente migliorati. La figura 1.6 mostra i limiti raggiunti fino ad oggi (2013). Non è presente il risultato nel canale corrispondente al decadimento (1), ottenuto da MEG nella sua attuale configurazione [1].

Gli esperimenti *Mu2E* [25], *Mu3E* [26] e *Comet* [27] sono attualmente in fase di progettazione e verranno realizzati, rispettivamente, a FermiLab, al P.S.I. ed al J-PARC. Scopo di

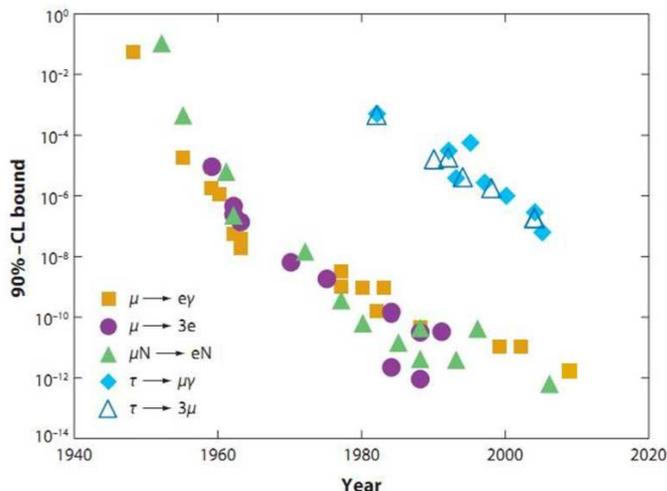


Figura 1.6: Risultati sperimentali nella ricerca della LFV per vari canali di decadimento (2011); in questa figura manca il risultato di MEG del 2013

questi esperimenti è l'esplorazione dei canali  $\mu \rightarrow e e$  e  $\mu \rightarrow e + e + e$ .

Rispetto al processo (1),  $\mu \rightarrow e + e + e$  ha dal punto di vista sperimentale un vantaggio e tre svantaggi. Il vantaggio è che, non essendoci fotoni ma solo particelle cariche, non occorrono calorimetri elettromagnetici, di limitata risoluzione, ma tutta la misura si può eseguire per via spettrometrica. Gli svantaggi sono invece:

1. lo spettro in energia degli elettroni/positroni emessi non è una  $\delta$  di Dirac, ma ha una distribuzione continua, per cui l'apparato deve avere una soglia relativamente bassa sulla misura dell'impulso,
2. l'accettanza angolare dell'esperimento deve essere ampia ( $\approx 4\pi$ ) poichè il processo avviene in un piano e non su una retta,
3. le tracce da ricostruire sono tre, il che aumenta l'affollamento dello spettrometro con conseguenti problemi di *pile up*, tempo morto, individuazione della traccia e fondi accidentali<sup>4</sup>, limitando la massima intensità di fascio utilizzabile.

A queste difficoltà sperimentali se ne aggiunge una di natura teorica: infatti in numerosi modelli il BR del processo  $\mu \rightarrow 3e$  è previsto essere  $\alpha$  volte quello di  $\mu \rightarrow e + \gamma$ ; perciò se si prevede un BR di  $10^{-13}$  per il processo (1),  $\mu \rightarrow 3e$  avrà a un BR dell'ordine di

<sup>4</sup>Per eventi di "fondo accidentale" si intendono quei casi nei quali si commette un'errata associazione di due processi distinti riguardanti due diversi muoni. L'effetto sarà discusso nella sezione 2.2.2, con particolare riferimento a MEG.

$10^{-15}$ . Attualmente, il limite superiore per il BR di  $\mu \rightarrow 3e$ , misurato sperimentalmente dall'esperimento *SINDRUM I* [28], è pari a  $10^{-12}$  al 90% del CL. Si noti che questo risultato risale al 1985.

Il processo di conversione  $\mu \rightarrow e$  in un campo nucleare ha caratteristiche differenti. Si tratta di un processo di LFV in cui un muone negativo arrestato in un bersaglio, dopo aver formato un atomo muonico converte in un elettrone monocromatico, la cui energia è  $E_e = m_\mu - B - R$  dove  $B$  ed  $R$  sono l'energia di legame ed ed il rinculo del nucleo che ha catturato il muone. Gli esperimenti che ricercano questa conversione non hanno il problema dei fondi accidentali che scalano con il quadrato dell'intensità del fascio (vedi paragrafo 2.2.2), poichè lo stato finale contiene una sola particella. L'intensità dei fasci da utilizzare non è quindi limitata da problemi di fondi. Il BR predetto per  $\mu \rightarrow e$  è fortemente dipendente dalla teoria; ad ogni modo la maggior parte di esse prevede un BR di  $2 \div 3$  ordini di grandezza più piccolo rispetto a quello previsto per il processo (1). I diagrammi che intervengono nella conversione  $\mu \rightarrow e$ , al variare della teoria, possono influenzare o non influenzare anche il decadimento (1), per cui la ricerca dei due processi fornisce informazioni tra loro complementari; stesse considerazioni valgono per  $\mu \rightarrow 3e$ . Il limite superiore attuale per il BR di  $\mu \rightarrow e$  è stato ottenuto dall'esperimento *SINDRUM II* [29] ed è pari a  $7 \times 10^{-13}$  al 90% del CL per cattura su Ti.

Una breve discussione merita anche il canale tauonico della ricerca. Il leptone  $\tau$  infatti, presenta alcuni vantaggi rispetto al  $\mu$  nella ricerca di LFV per due motivi: anzitutto a causa della sua massa ( $\approx 17 m_\mu$ ) esso possiede più canali di decadimento con violazione del sapore leptonic ( $\tau \rightarrow \mu + \gamma$ ,  $\tau \rightarrow e + \gamma$ ,  $\tau \rightarrow 3$  leptoni,  $\tau \rightarrow$  leptone + adroni ...); in secondo luogo molti modelli teorici prevedono per questi processi BR più elevati dai 3 ai 5 ordini di grandezza rispetto a (1).

Tuttavia sussistono diverse complicazioni sperimentali per questo tipo di ricerca. Anzitutto il fatto che la vita media del leptone  $\tau$  è estremamente breve ( $2.9 \times 10^{-13}$  s) impedisce di realizzare un fascio costituito da queste particelle che devono quindi essere ottenute da acceleratori di elettroni o protoni di energia sufficiente accoppiati a rivelatori di alta precisione, capaci di selezionare e ricostruire eventi rari. Gli esperimenti che hanno ottenuto i limiti più stringenti sulla LFV per il leptone  $\tau$  sono *BaBar* [30] e *Belle* [31], entrambi operanti su macchine  $e^+e^-$  per la produzione di mesoni  $B$  (*B-factories*). Il primo dei due ha misurato un  $\text{BR}(\tau \rightarrow \mu + \gamma) < 4.4 \times 10^{-8}$  e  $\text{BR}(\tau \rightarrow e + \gamma) < 3.3 \times 10^{-8}$ , entrambi al 90% di CL. I limiti superiori ai BR per i processi  $\tau \rightarrow 3$  leptoni variano a seconda di quali sono esattamente le particelle nello stato finale. In particolare,  $\text{BR}(\tau \rightarrow 3\mu) < 3.3 \times 10^{-8}$ . I risultati di *Belle* sono allo stesso livello di sensibilità.

## Capitolo 2

# L'esperimento MEG ed il suo miglioramento

Scopo dell'esperimento MEG è verificare l'esistenza ed eventualmente misurare la probabilità del processo (1), con una sensibilità sul rapporto di decadimento fino a  $10^{-13}$ . Allo stato attuale e con la presente configurazione sperimentale MEG ha escluso BR superiori a  $5.7 \cdot 10^{-13}$  con un livello di confidenza del 90%.

Negli esperimenti di ricerca del decadimento  $\mu \rightarrow e + \gamma$  vengono utilizzati solo  $\mu^+$  per evitare fenomeni di cattura nucleare di muoni negativi. Il decadimento dei  $\mu^+$  avviene a riposo; poiché il decadimento è a due corpi, lo spettro di energia dei prodotti di decadimento è una delta di Dirac in  $E = \frac{m_\mu}{2}$ , i loro impulsi sono uguali ed opposti (ovvero il loro angolo relativo è di  $180^\circ$ , "back-to-back" in inglese) e le due particelle sono emesse esattamente nello stesso istante.

La figura 2.1 presenta uno schema dell'apparato sperimentale. Un disegno tridimensionale

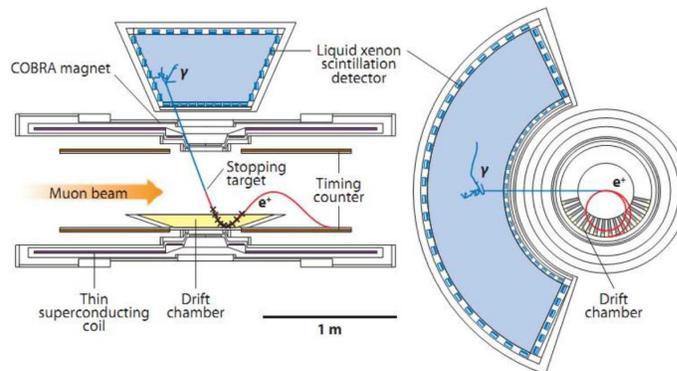


Figura 2.1: Schema dell'apparato sperimentale: vista laterale (sinistra) e frontale (destra)

dell'esperimento è mostrato in figura 2.2 lato sinistro, ed un esempio di evento candidato

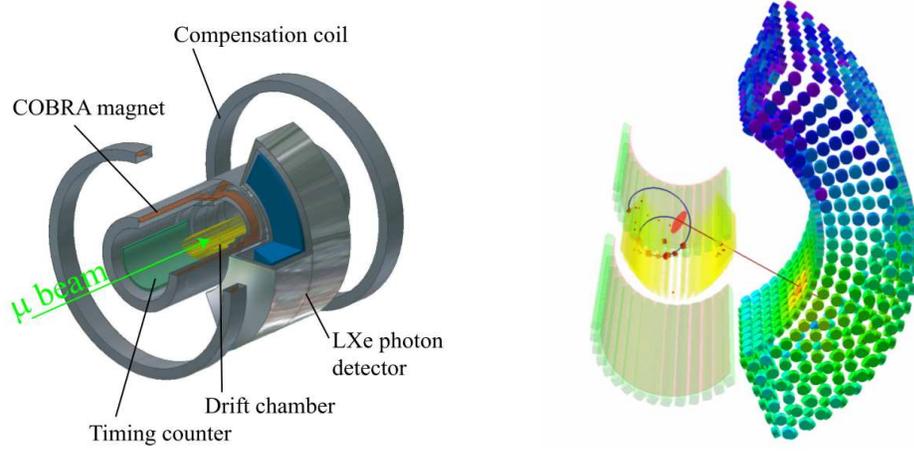


Figura 2.2: A sinistra: Vista tridimensionale schematica di MEG. A destra: Un evento candidato di segnale di  $\mu^+ \rightarrow e^+ + \gamma$  che potrebbe essere rivelato da MEG

di segnale che potrebbe essere rivelato da MEG in figura 2.2, lato destro.

Energia, tempo di arrivo e punto di conversione dei fotoni vengono misurati da un calorimetro a Xenon liquido (LXe), equipaggiato con una matrice di fotomoltiplicatori, mentre il quadrimpulso dei positroni è misurato da un sistema di camere a deriva ed il tempo dei positroni da una doppia matrice di barre scintillanti (TC) lette da fotomoltiplicatori ai 2 lati. Bersaglio, camere e barre scintillanti sono inserite all'interno di uno speciale magnete superconduttore, chiamato COBRA. I segnali nei vari rivelatori sono digitizzati utilizzando il *Domino Ring Sampler*, DRS [32], una speciale scheda elettronica sviluppata al P.S.I., in grado di fornire campionamenti del segnale con una frequenza di 2 GHz, a cui corrisponde una larghezza di campionamento di 0.5 ns. Il risultato di questa operazione sono le forme d'onda (*waveforms*) che possono poi essere analizzate.

La segnatura dell'evento di segnale è riassunta nella tabella 2.1, assieme al rivelatore (o ai

Tabella 2.1: Segnatura dell'evento di segnale

| Parametro            | Valore  | Rivelatore                       |
|----------------------|---|----------------------------------|
| $E_\gamma$           | $\frac{m_\mu}{2} \simeq 52,8 \text{ MeV}/c^2$ | Calorimetro a Xenon liquido      |
| $E_{e^+}$            | $\frac{m_\mu}{2} \simeq 52,8 \text{ MeV}/c^2$ | Camere a deriva                  |
| $\Delta t_{e\gamma}$ | 0 s   | Barre scintillanti e calorimetro |
| $\Theta_{e\gamma}$   | $\pi \text{ rad}$                             | Camere a deriva e calorimetro    |

rivelatori) sensibili alle singole variabili cinematiche.  $\Theta_{e\gamma}$  è l'angolo fra positrone e fotone, ovvero  $\Theta_{e\gamma} = \arccos(\hat{p}_\gamma \cdot \hat{p}_e)$ .

Il miglioramento sperimentale interesserà principalmente le camere a deriva le quali, rispetto agli altri rivelatori ed in confronto con la proposta sperimentale, hanno avuto le peggiori prestazioni nel corso dell'esperimento. Questo problema è dovuto principalmente agli effetti di diffusione coulombiana multipla sulle pareti delle camere e nel gas (costituito attualmente da una miscela 50% He - 50% C<sub>2</sub>H<sub>6</sub>) ed alla struttura geometrica del rivelatore. Infatti, nel sistema delle camere attuali sono presenti zone morte, senza rivelatore attivo; è inoltre necessaria un'estrapolazione della traccia di  $\approx 50$  cm per raggiungere il TC. Infine la lettura delle strisce catodiche necessarie per la misura della coordinata longitudinale risulta affetta da un elevato rumore.

Il calorimetro sarà anch'esso interessato dal miglioramento, seppure in misura minore, mentre il TC sarà sostituito da uno a maggiore segmentazione e di più alta risoluzione. Inoltre, grazie alla riduzione del fondo dovuta alle migliori prestazioni dei rivelatori, verrà incrementata di almeno un fattore 2 l'intensità del fascio. Infine un miglioramento potrebbe interessare anche il bersaglio del fascio di muoni: sono infatti in corso studi sulla possibilità di sostituire quello attuale con un *bersaglio attivo*, capace di fornire un segnale nel vertice di decadimento del muone.

D'ora in poi indicheremo l'asse del fascio con la coordinata  $z$ ; l'origine degli assi sarà inoltre convenzionalmente fissata nel centro del magnete COBRA (lo speciale magnete superconduttore dell'esperimento MEG), nel punto dove è collocato il bersaglio. Chiameremo settore *upstream* quello che si trova a  $z < 0$  (cioè prima del bersaglio) e settore *downstream* quello a  $z > 0$  (dopo il bersaglio). La terna cartesiana è completata dagli assi  $x$  ed  $y$  ortogonali al fascio, con  $y$  crescente dal basso verso l'alto e  $x$  crescente allontanandosi dal calorimetro. Si indicherà inoltre con  $\varphi$  l'angolo di rotazione azimutale attorno a  $z$  con origine lungo la direzione orizzontale, e con  $r$  la distanza di un punto dall'asse; indicheremo infine, secondo la notazione usuale, con  $\theta$  l'angolo zenitale rispetto all'asse  $z$ .

## 2.1 Sensibilità di singolo evento

È possibile definire la sensibilità sperimentale di singolo evento (in inglese *Single Event Sensitivity*, SES), corrispondente al minimo BR necessario a produrre un evento rivelabile. La SES è data da:

$$\text{SES} = \frac{1}{R_\mu \cdot T \times \frac{\Omega}{4\pi} \times \prod \varepsilon_i} \quad (2.1)$$

dove  $R_\mu$  rappresenta l'intensità del fascio di muoni,  $T$  il tempo totale di misura,  $\frac{\Omega}{4\pi}$  la frazione di angolo solido coperta dal rivelatore ed  $\varepsilon_i$  le efficienze di rivelazione. I contributi alla produttoria delle efficienze sono  $\varepsilon(\gamma)$  e  $\varepsilon(e^+)$ , che rappresentano rispettivamente le efficienze per la rivelazione del positrone e del fotone,  $\varepsilon(\text{trigger})$  che rappresenta l'efficienza del trigger per gli eventi (1) e  $\varepsilon(\text{sel})$ , l'efficienza di selezione, che può però essere trascurata

essendo  $\varepsilon(\text{sel}) \approx 1$ . I parametri per il calcolo della SES ed il suo valore sono riportati nella tabella 2.3.

## 2.2 Eventi di fondo

La sensibilità dell'esperimento è limitata dal fondo, il quale proviene principalmente da due contributi: uno correlato ed uno accidentale.

### 2.2.1 Fondo correlato

Il fondo correlato è costituito da processi di decadimento radiativo del  $\mu$  che possono venire erroneamente interpretati come eventi di segnale. Il decadimento radiativo del muone è un decadimento a quattro corpi, discusso nel paragrafo 1.1.1

$$\mu^+ \rightarrow e^+ + \nu_e + \bar{\nu}_\mu + \gamma$$

che avviene con un rapporto di decadimento di  $(1.4 \pm 0.4)\%$  per fotoni di energia  $E_\gamma > 10$  MeV [4].

I prodotti di decadimento, come sempre accade in processi a più di due corpi, hanno energie distribuite secondo uno spettro continuo di probabilità. Gli eventi presenti nelle code di tali spettri sono quelli in cui i due neutrini vengono emessi con un impulso  $\ll \frac{m_\mu}{2}$ , vale a dire quasi fermi. In questo caso positrone e fotone possiedono energie molto simili a quelle che avrebbero in un evento di tipo (1). È importante notare che per questo tipo di fondo l'informazione temporale non aiuta nella discriminazione dal segnale, dal momento che nel decadimento radiativo il fotone è prodotto contemporaneamente alle altre particelle.

Per valutare con quale probabilità le energie del positrone e del fotone del decadimento radiativo possano creare un falso segnale si introducono le variabili  $x, y$  e  $z$ :

$$x = \frac{2E_{e^+}}{m_\mu} \quad y = \frac{2E_\gamma}{m_\mu} \quad z = \pi - \Theta_{\gamma e} \quad (2.2)$$

Il fondo correlato simula esattamente il segnale quando  $x = 1$ ,  $y = 1$  e  $z = 0$ . Questa terna di valori ha in realtà probabilità nulla per motivi cinematici di conservazione del quadrimpulso; tuttavia a causa delle risoluzioni sperimentali gli  $x$  e  $y$  misurati si discostano dai valori esatti, con incertezze  $\delta x$  e  $\delta y$ . Sono quindi interpretati come eventi di segnale tutti quei casi in cui i prodotti di decadimento hanno  $x \in [1 - \delta x, 1]$  e  $y \in [1 - \delta y, 1]$ ; la probabilità di questi eventi è l'integrale dello spettro negli intervalli suddetti, ed è dunque  $\neq 0$ . Per quanto riguarda l'errore su  $z$ , nel caso di un apparato ad alta risoluzione angolare (per il quale l'integrazione di  $\delta z$  viene assorbita in quella sulle energie) si può ricavare la relazione  $\delta z \leq 2\sqrt{\delta x \delta y}$  [4].

La probabilità di confondere un evento di fondo correlato con uno di segnale dipende dalla

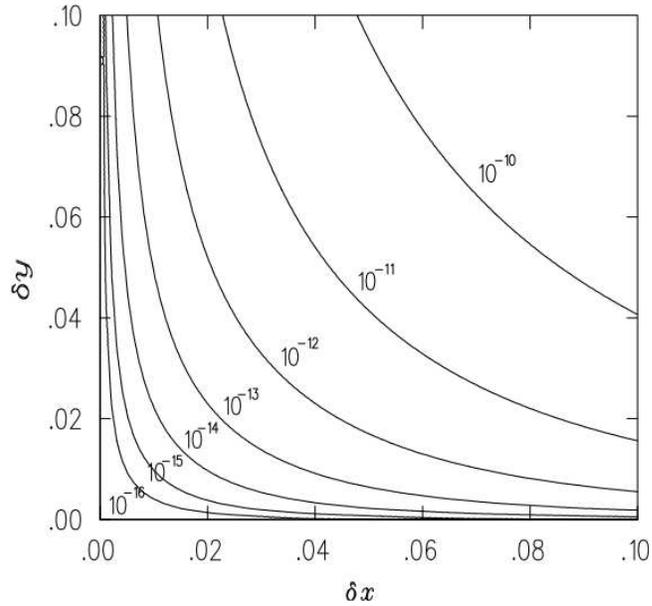


Figura 2.3: Probabilità di interpretare un evento di fondo fisico come segnale in funzione di  $\delta x$  e  $\delta y$ , al variare della risoluzione sperimentale, con l'assunzione  $\delta z \leq 2\sqrt{\delta x \delta y}$ .

risoluzione sperimentale che si ha a disposizione. La figura 2.3 illustra tale probabilità, al variare delle incertezze  $\delta x$  e  $\delta y$ , che sono determinate dalla risoluzione sperimentale. Il contributo del fondo correlato stimato per MEG è inferiore a  $10^{-14}$  e scala linearmente con l'intensità del fascio.

### 2.2.2 Fondo accidentale

Il contributo al fondo accidentale proviene dall'errata associazione di due processi distinti che coinvolgono due diversi muoni. Può infatti accadere che un positrone prodotto da un decadimento di Michel venga associato ad un fotone originato da un decadimento radiativo oppure dall'annichilazione di un altro positrone con un elettrone. Se i due eventi sono abbastanza ravvicinati in tempo, i due impulsi hanno direzioni circa uguali e versi opposti e le energie delle particelle sono prossime a  $\frac{m_\mu}{2}$ , questo tipo di processi può simulare il segnale.

La probabilità  $B_{acc}$  di un evento di fondo dovuto a sovrapposizioni accidentali di positroni e fotoni diventa sempre più significativa al crescere dell'intensità del fascio di muoni perchè aumentano le possibili combinazioni  $e^+ - \gamma$  che si possono verificare per unità di tempo. Per

MEG, che impiega un fascio dell'ordine di  $3 \cdot 10^7 \mu/s$ , il fondo accidentale risulta dominante<sup>1</sup>. In particolare si può dimostrare che

$$B_{acc} = R_{\mu} f_{e^+} f_{\gamma} (\delta t_{\gamma e}) \left( \frac{\delta \Omega_{\gamma e}}{4\pi} \right)^2 \quad (2.3)$$

dove  $R_{\mu}$  è la frequenza di decadimento dei muoni,  $f_{e^+}$  ed  $f_{\gamma}$  rappresentano la frazione di positroni e fotoni che hanno energia uguale a  $\frac{m_{\mu}}{2}$  entro la sensibilità sperimentale,  $\delta t$  è la larghezza della finestra temporale e  $\delta \Omega_{\gamma e}/4\pi$  quella della finestra angolare.

Si noti come, al fine di calcolare la frequenza degli eventi accidentali, si debba moltiplicare  $B_{acc}$  per  $R_{\mu}$ , ottenendo quindi una dipendenza quadratica del numero di eventi di fondo accidentale dall'intensità del fascio. Per calcolare  $f_{e^+}$  si integra lo spettro di Michel nell'intervallo  $[1 - \delta x, 1]$ , ottenendo come risultato  $f_{e^+} \approx 2\delta x$ . Similmente si può ottenere  $f_{\gamma}$  integrando gli spettri di tutti i processi che producono fotoni (principalmente decadimenti in volo dei positroni e decadimenti radiativi) nell'intervallo  $[1 - \delta y, 1]$ , ottenendo  $f_{\gamma} \approx (\delta y)^2$ . Valori ragionevoli per i parametri nella configurazione attuale sono:  $R_{\mu} = 3 \cdot 10^7 \mu/s$ ,  $\delta x \approx 2\%$ ,  $\delta y \approx 6\%$ ,  $\delta \Omega_{\gamma e} \approx 30$  mrad e  $\delta t_{\gamma e} \approx 300$  ps. Da questi si ricava un  $B_{acc}$  dell'ordine di  $(2 \div 3) \cdot 10^{-13}$ , che è confrontabile con la larghezza di decadimento che si vuole misurare.

## 2.3 Configurazione attuale

MEG ha acquisito statistica per 5 anni nella sua attuale configurazione, dal 2008 al 2013. Un'analisi completa è stata eseguita, per adesso, dei dati raccolti dal 2009 al 2011 [1]. I risultati dell'analisi costituiscono il miglior limite sperimentale al mondo sul BR del processo (1). Il campione del 2008 è di bassa qualità a causa di un elevato numero di camere mal funzionanti, per cui è stato analizzato separatamente e non è incluso nel limite globale di MEG.

### 2.3.1 Fascio e bersaglio

Il fascio dell'esperimento MEG è un fascio continuo di muoni, che può raggiungere un'intensità massima di  $10^8 \mu/s$ . Al fine di limitare il fondo accidentale (che come detto scala con il quadrato dell'intensità) è stata scelta un'intensità del fascio pari a circa  $\frac{1}{3}$  di questo limite. La linea di fascio, denominata  $\pi E5$ , è una delle linee secondarie che si diramano dalla primaria, proveniente dal *ring cyclotron* dell'area sperimentale del P.S.I., mostrato nella foto di sinistra in figura 2.4.

Il *ring cyclotron* del P.S.I., con una potenza di 1.3 MW, è la macchina acceleratrice a più alta intensità al mondo per fasci continui. Il fascio primario è costituito da una corrente di

<sup>1</sup>Si noti che, dal momento che in questo caso il fotone ed il positrone sono originati da decadimenti distinti, a priori non esiste fra di loro alcun vincolo cinematico che limita lo spazio delle fasi. Lo spazio delle fasi a disposizione per il decadimento radiativo è invece limitato.

2.2 mA di protoni con energia 590 MeV ed incide su un bersaglio di grafite, dando luogo principalmente alla produzione di pioni. A questo punto la linea di fascio si divide in diversi canali secondari. MEG, come detto, utilizza la linea  $\pi E5$ , che raccoglie i  $\mu^+$  prodotti dal decadimento di  $\pi^+$  con un angolo di  $175^\circ$  rispetto al fascio primario. Tale decadimento può avvenire in volo, ma la maggior parte dei pioni si arresta e decade direttamente all'interno del bersaglio di produzione, in particolare vicino alla superficie; i  $\mu^+$  così prodotti, chiamati appunto *muoni di superficie*, hanno un impulso di 29 MeV/c e sono completamente polarizzati in direzione opposta al fascio incidente. Uno schema della linea  $\pi E5$  è presentato nella parte destra della figura 2.4.

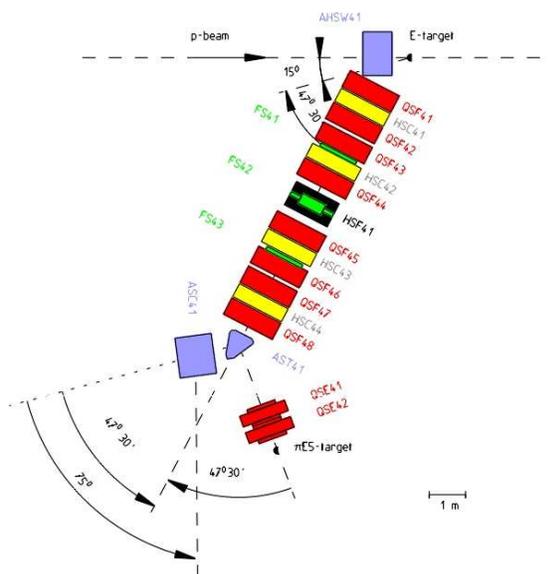
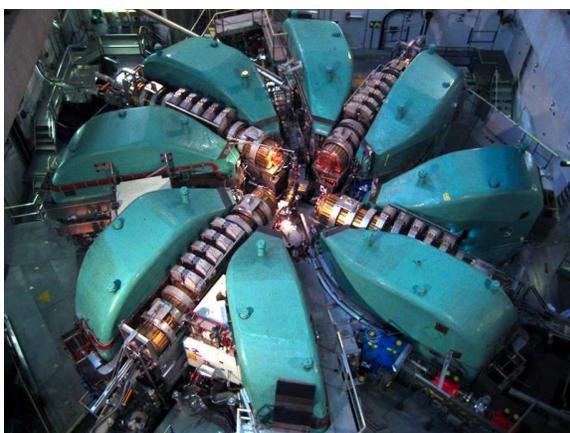


Figura 2.4: Il *ring cyclotron* (sinistra) e la vista schematica della linea  $\pi E5$  (destra)

I muoni di superficie sono preferibili in quanto la loro profondità di penetrazione  $R$  nel bersaglio in cui si arrestano ha una distribuzione stretta, o più correttamente lo scarto quadratico medio  $\Delta R$  di tale lunghezza è piccolo. In particolare la distanza effettiva percorsa da un  $\mu$  prima di arrestarsi è distribuita statisticamente secondo una distribuzione dipendente da  $p^{3.5}$ , dove  $p$  rappresenta l'impulso della particella. Tramite la propagazione degli errori, si può dimostrare che  $\Delta R \propto p^{2.5}$ . I muoni di superficie, dotati di basso impulso (29.8 MeV, corrispondenti ad un'energia cinetica di 4.1 MeV), hanno un valore di  $\Delta R$  piccolo ed è dunque possibile arrestarli in bersagli sottili. Questo consente di limitare gli effetti di multiplo scattering coulombiano nel bersaglio di MEG.

I  $\mu$  in arrivo dalla linea  $\pi E5$  attraversano in successione un quadrupolo magnetico, un separatore elettrostatico, un secondo quadrupolo, uno speciale solenoide chiamato *Beam*

*Transport Solenoid* (BTS) ed arrivano finalmente al centro del magnete COBRA, dove colpiscono il bersaglio. Il separatore è utilizzato per eliminare dal fascio i numerosi positroni che lo contaminano, prodotti dal decadimento in volo dei  $\mu$ . Il BTS, invece, serve a consentire l'accoppiamento fra il fascio ed il campo magnetico di COBRA ed a degradare i muoni, per mezzo di un foglio sottile di mylar, in modo da aumentare la probabilità che questi si arrestino e decadano nel bersaglio di MEG e consentire di utilizzare un bersaglio molto sottile (altrimenti l'arresto dei muoni sarebbe demandato interamente al bersaglio). Uno schema completo della linea di fascio di MEG è mostrato nella figura 2.5.

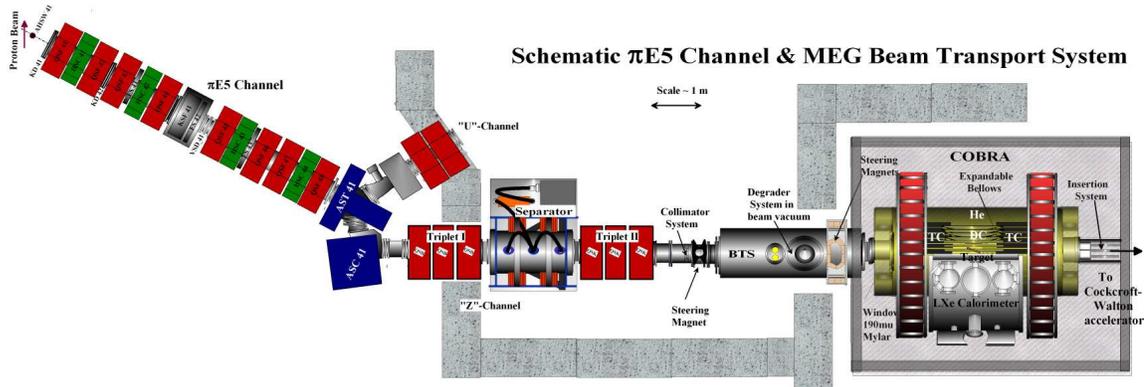


Figura 2.5: Schema completo della linea di fascio  $\pi E5$  e del suo accoppiamento con l'esperimento MEG

Il bersaglio di MEG è una piastrina molto sottile ( $\approx 205 \mu\text{m}$ ) di materiale plastico, inclinato di  $22^\circ$  rispetto all'asse  $z$  in modo che i positroni che escono perpendicolarmente a  $z$  incontrino la minor quantità di materiale possibile prima di raggiungere le camere, limitando così le perdite di energia e la diffusione coulombiana nel bersaglio. A causa di questa inclinazione, inoltre, lo spessore effettivo attraversato mediamente dal  $\mu$  risulta circa  $400 \mu\text{m}$  che, sommato a quello del degradatore ( $\approx 700 \mu\text{m}$  equivalenti), produce uno spessore totale di  $1.1 \text{ mm}$ , pari alla profondità media di penetrazione dei  $\mu$  da  $4.1 \text{ MeV}$  nel polietilene. Il bersaglio è sagomato in forma ellittica, in modo che la proiezione sul piano perpendicolare all'asse  $z$  sia circolare. Su di esso sono stati praticati alcuni fori, allo scopo di permettere un controllo sulla qualità della ricostruzione delle tracce dei positroni; infatti, la distribuzione dei vertici di interazione ricostruiti dagli algoritmi di analisi dei dati deve riprodurre la forma del bersaglio e trovare una bassa densità di vertici ricostruiti nei punti di posizione nominale dei fori. Il bersaglio è sostenuto da un supporto mobile a controllo pneumatico, che consente di spostarlo dalla posizione di lavoro ad una di parcheggio per poterlo sostituire con bersagli alternativi utilizzati nelle calibrazioni.

Nella regione centrale di COBRA, all'esterno delle camere, è presente un'atmosfera di He per bilanciare la pressione delle camere stesse e contemporaneamente limitare il più possibile le interazioni del positrone fuori dal tracciatore. La figura 2.6, parte sinistra, mostra

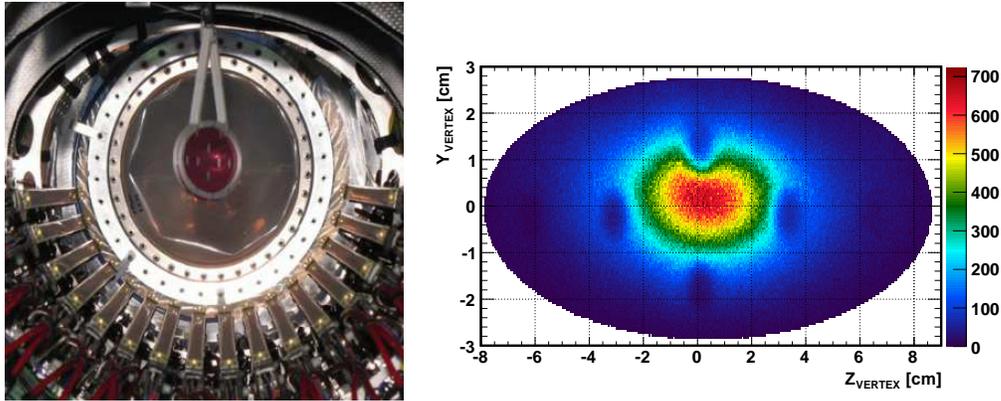


Figura 2.6: A sinistra: Fotografia del centro del magnete COBRA, con il bersaglio (al centro) e le camere a deriva (in basso). A destra: ricostruzione dei vertici di interazione sul bersaglio. La densità di vertici ricostruiti diminuisce in corrispondenza dei quattro fori del bersaglio.

una fotografia del centro del magnete COBRA: sono visibili le camere a deriva in basso ed il bersaglio al centro, con la sua inclinazione, i suoi fori ed il suo supporto mobile. La parte destra della figura mostra invece la ricostruzione dei vertici di interazione sul bersaglio; come si vede la densità dei punti ricostruiti in corrispondenza dei quattro fori è ridotta.

Descriveremo nel paragrafo 2.4.2 i possibili miglioramenti, in fase di studio, della linea di fascio e del bersaglio.

### 2.3.2 Sistema di tracciamento dei positroni

La misura della traccia dei positroni consente di determinarne l'energia e la direzione. I positroni prodotti dal decadimento dei  $\mu^+$  percorrono, a causa del campo magnetico di COBRA, traiettorie curve, che in prima approssimazione sono delle circonferenze nel piano perpendicolare a  $z$ . In MEG non esistono problemi di identificazione delle particelle, in quanto le uniche particelle cariche interessate dal sistema di tracciatura sono i positroni. L'energia dei positroni può dunque essere univocamente determinata a partire dalla traiettoria da essi compiuta. Tuttavia, a causa della particolare configurazione di campo che è stata scelta, questo calcolo non risulta banale come nel caso di un campo  $B$  costante. Come si vedrà dettagliatamente più avanti, infatti, COBRA è dotato di un gradiente di campo lungo  $z$ , che evita che positroni emessi quasi perpendicolarmente a  $z$  affollino le camere con ripetute spiralizzazioni e rende il raggio di curvatura dei positroni quasi indipendente

dall'angolo di emissione rispetto a  $z$ . L'impulso del positrone (e dunque la sua energia) vengono ricostruiti tramite un algoritmo chiamato *Kalman Filter*.

Il sistema di tracciamento dei positroni è costituito da tre parti: il magnete COBRA, il sistema di camere a deriva (DCH) e le barre scintillanti (TC).

### Magnete COBRA

COBRA è uno speciale magnete, sviluppato per l'esperimento MEG, il cui schema è mostrato in figura 2.7. Esso è costituito, in sequenza dal centro verso i bordi, da una bobina

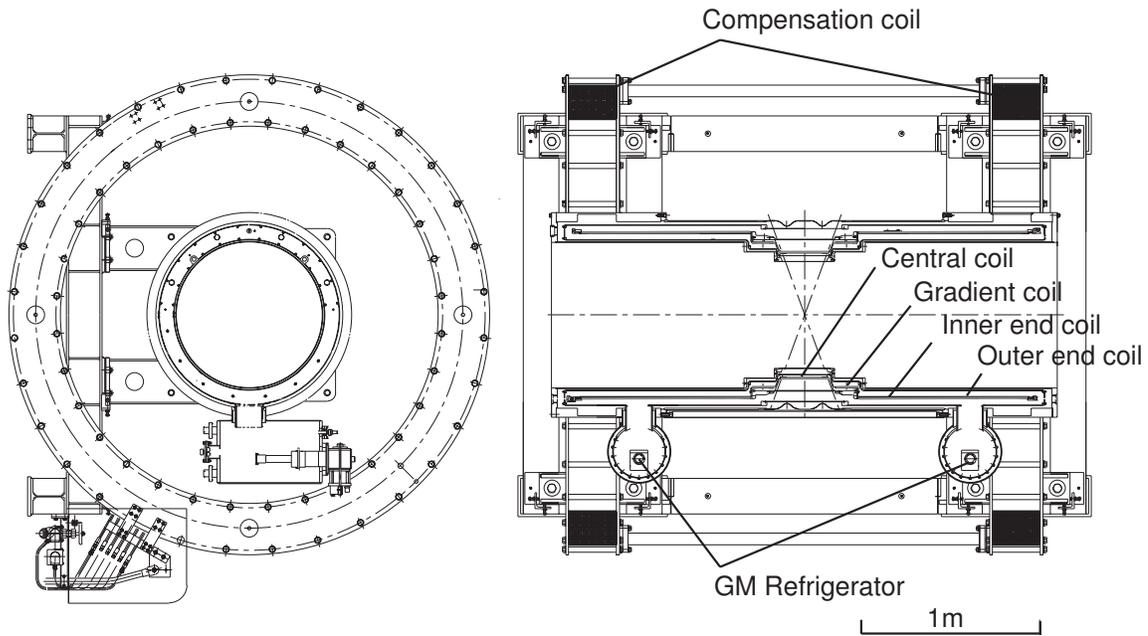


Figura 2.7: Uno schema del magnete COBRA

superconduttrice centrale, due coppie di bobine superconduttrici progressivamente più larghe (chiamate “bobine di gradiente” e “bobine di terminazione”) ed una coppia di bobine convenzionali, alle estremità, dette “di compensazione”. L'intera struttura è lunga 2,5 m; il diametro interno della bobina centrale misura 70 cm, quello esterno della bobina di terminazione 93 cm ed il diametro esterno delle bobine di compensazione 259 cm.

L'apparato ha una simmetria cilindrica attorno all'asse  $z$  ed è simmetrico per inversione spaziale  $z \rightarrow -z$ ; il magnete ha cioè la stessa configurazione in posizione  $\pm z$  rispetto al centro. La stessa simmetria è rispettata dal campo prodotto dal magnete<sup>2</sup>, ed è quindi

<sup>2</sup>Quest'affermazione è valida in teoria, ma il campo reale può presentare disomogeneità locali di varia origine, perdendo così la sua invarianza per rotazioni attorno a  $z$ . Per evitare di commettere errori in fase

completamente determinata una volta che sia stato fissato il suo andamento nel semipiano di riferimento  $r \geq 0$ ,  $\varphi = 0$ ,  $z \geq 0$ . L'andamento del modulo del campo magnetico, sia per  $z$  positivi che per  $z$  negativi, è mostrato nella figura 2.8. Come si può notare il campo

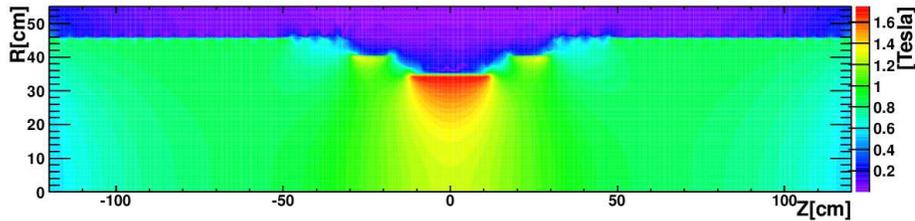


Figura 2.8: Andamento dell'intensità del campo magnetico di COBRA nel piano  $(z, r)$ .

magnetico non è uniforme lungo  $z$  e conseguentemente lungo  $r$ . In particolare, il campo longitudinale al centro di COBRA raggiunge  $\approx 1.26$  T nell'origine per poi decrescere (simmetricamente) allontanandosi dall'origine lungo  $z$ . Avvicinandosi alle bobine in direzione radiale, il campo totale diventa più intenso e può arrivare a superare anche 1.5 T. La figura 2.9 mostra l'andamento dell'intensità del campo sul semiasse  $z$ , per  $r = 0$ .

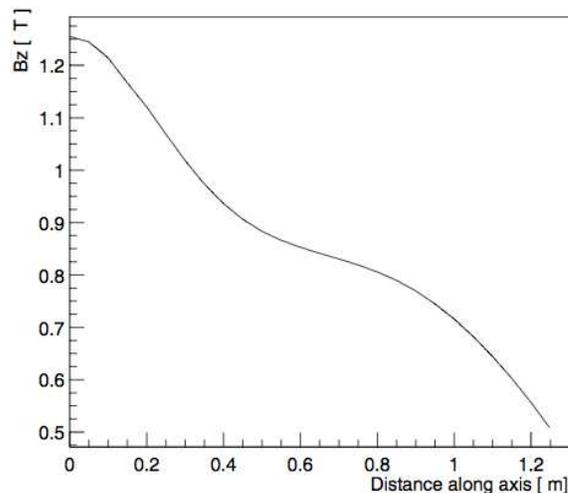


Figura 2.9: Andamento del campo magnetico di COBRA lungo il semiasse  $z$  per  $r = 0$ .

Ad  $r = 0$  il campo è completamente allineato con  $z$ ; spostandosi dall'asse, però, esso

---

di analisi dati il campo di COBRA è stato dettagliatamente misurato con una sonda di Hall, con precisione di  $1 \div 10$  Gauss, con una griglia di 0.2 mm in  $r$ , 0.7 mm in  $z$  e con archi lungo  $\varphi$  di lunghezza 0.35 mm.

acquisisce una componente  $B_r$  che, al primo ordine, può essere approssimata con la formula

$$B_r = -(r/2) \frac{\partial B_z}{\partial z} \quad (2.4)$$

I motivi per cui è stata scelta questa particolare configurazione di campo sono due:

1. evitare una prolungata permanenza nelle camere dei positroni emessi con basso impulso longitudinale, che potrebbero aumentare il tempo morto e rendere difficoltosa la ricostruzione dell'evento, a causa del gran numero di fili scattati;
2. cercare di rendere l'angolo di curvatura dei positroni il più possibile indipendente dall'inclinazione del loro impulso iniziale rispetto all'asse, ma dipendente solo dal suo modulo; questo espediente consente di operare una prima selezione in impulso e di limitare l'affollamento di positroni di bassa energia provenienti dal decadimento di Michel.

La figura 2.10 illustra la situazione che si verifica in assenza di questi accorgimenti, cioè

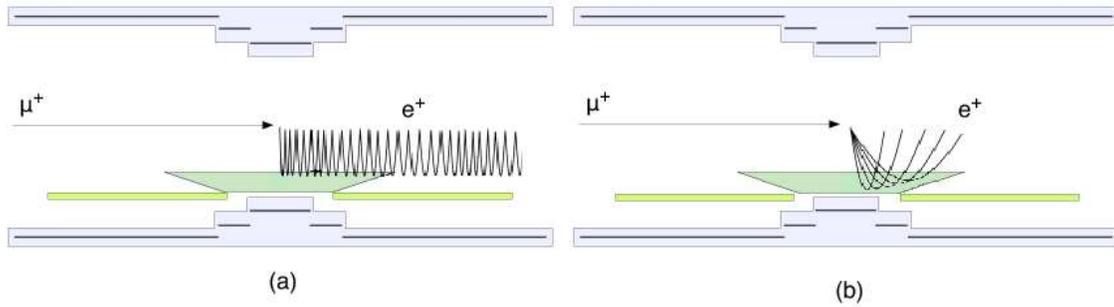


Figura 2.10: Traiettorie dei positroni in un campo magnetico uniforme. Figura (a): attraversamento multiplo di un positrone con basso impulso longitudinale. Figura (b): raggio di curvatura dipendente dall'angolo di emissione rispetto a  $z$ .

in presenza di un campo magnetico uniforme. In particolare, la fig. 2.10 (a) mostra come un positrone emesso quasi esattamente lungo  $r$  (cioè in una direzione perpendicolare a  $z$ ) attraversi molte volte la zona delle camere (il trapezio verde scuro in basso) prima di abbandonarla. La fig. 2.10 (b) mostra invece come il raggio di curvatura dipenda dall'angolo iniziale di emissione del positrone.

La situazione corrispondente alla configurazione di campo di COBRA è mostrata in figura 2.11. In fig. 2.11 (a) si può osservare che i positroni, anche se emessi quasi perpendicolarmente a  $z$ , non attraversano più di tre volte la zona delle camere, per poi allontanarsi rapidamente dal centro del magnete. La fig. 2.11 (b) mostra invece come il raggio di

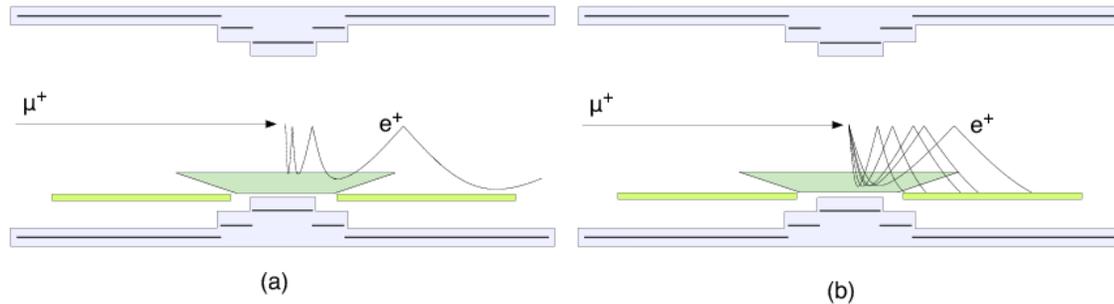


Figura 2.11: Traiettorie dei positroni nel campo magnetico di COBRA. Figura (a): riduzione del fenomeno di permanenza nelle camere del positrone. Figura (b): raggio di curvatura quasi indipendente dall'angolo di emissione.

curvatura dei positroni sia praticamente indipendente dal loro angolo di emissione rispetto all'asse  $z$ .

Il campo magnetico di COBRA è smorzato all'esterno della regione di tracciamento dalle bobine di compensazione. Il loro scopo principale è di sopprimere fortemente il campo nella zona dove è alloggiato il calorimetro a Xenon, cioè all'esterno delle bobine superconduttrici ma in posizione centrale rispetto all'asse  $z$ . Questo accorgimento è importante, dato che in presenza di campo magnetico esterno le prestazioni dei fotomoltiplicatori possono essere gravemente compromesse. L'andamento del campo residuo nel semipiano  $r \geq 0$ ,  $\varphi = 0$ ,  $z \geq 0$  è mostrato in figura 2.12, a sinistra. In particolare si noti come nella zona del calorimetro il campo sia  $< 50$  gauss.

Una fotografia del magnete COBRA nella sua installazione nell'area sperimentale del P.S.I. è presentata nella parte destra della figura 2.12. Nel progetto di miglioramento di MEG non è previsto alcun intervento sostanziale sul magnete, anche se è in fase di studio l'ipotesi di abbassare l'intensità del campo in modo da aumentare la frazione di positroni che raggiungono il nuovo TC già al loro primo giro.

### Camere a deriva

La misura della traccia del positrone viene effettuata nelle camere a deriva (DCH). Di seguito saranno descritte le attuali camere di MEG, anche se in questo lavoro di tesi vengono discussi algoritmi e tecniche per l'analisi dei dati che saranno raccolti con il tracciatore destinato a sostituirle (ancora in fase di progettazione), che sarà presentato nella sezione 2.4.1. Per questo motivo la presentazione delle camere sarà svolta in modo più approfondito rispetto a quella delle altre parti dell'esperimento.

L'attuale sistema di DCH presente in MEG è visibile nella fotografia di sinistra in figura

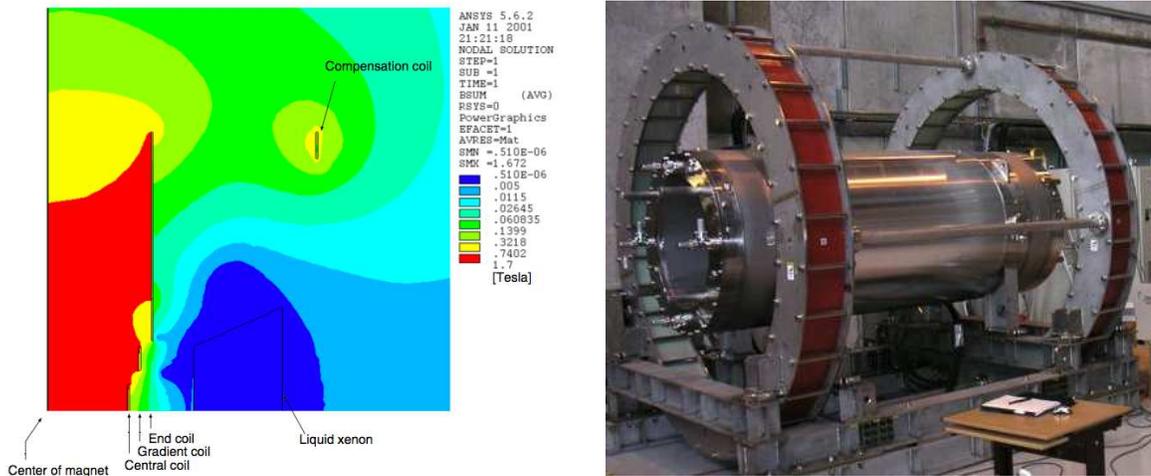


Figura 2.12: A sinistra: campo magnetico residuo del magnete COBRA. A destra: il magnete COBRA nell'area sperimentale al P.S.I.

2.6. Esso è costituito da 16 camere a deriva di forma trapezoidale, disposte in modo radiale e montate su un supporto semicircolare di fibra di carbonio che occupa la porzione ad  $y < 0$  del rivelatore ad intervalli di  $10.5^\circ$ . La struttura delle camere è posizionata in modo che i fotoni di segnale emessi nell'angolo solido sotteso dal calorimetro abbiano un corrispettivo positrone in grado di produrre un segnale nelle DCH, come si può osservare nella figura 2.1. La regione sensibile di queste camere si estende da 19.3 cm a 27.0 cm in raggio e fino a  $z = \pm 50$  cm sul raggio interno e  $z = \pm 21.9$  cm su quello esterno. L'accettanza coperta da questa configurazione consente di osservare positroni da 52.8 MeV emessi dal bersaglio con  $|\cos \theta| < 0.35$  ed un angolo azimutale compreso fra  $-60^\circ$  e  $+60^\circ$ .

Un positrone che attraversa le camere viaggia in una miscela di gas costituita al 50% da elio (He) ed al 50% da etano ( $C_2H_6$ ), a temperatura ambiente e pressione atmosferica<sup>3</sup>, dove ionizza. I punti dove il processo ha effettivamente luogo sono chiamati con il termine inglese *hit*, l'insieme di coppie elettrone-ione prodotte in ogni *hit* è detto "deposito di ionizzazione" (in inglese *cluster*) e gli elettroni di ogni deposito sono chiamati *elettroni primari*. In ogni camera, come sarà descritto tra breve, sono presenti dei fili mantenuti a potenziale positivo rispetto a terra detti "fili di senso" (in inglese *sense wires*), che generano un campo elettrico in grado di trasportare gli elettroni dal punto di ionizzazione verso i fili stessi, secondo un percorso detto "linea di deriva" (in inglese *drift line*). In prossimità

<sup>3</sup>La miscela è stata scelta per favorire la perdita di energia per ionizzazione ( $\approx 30 e^-/\text{cm}$  per positroni da 52 MeV) e ridurre la diffusione multipla ( $X_0 \approx 650 \text{ m}$ ). Gli effetti di diffusione coulombiana multipla risultano comunque importanti per questo tipo di gas, per cui nel progetto di miglioramento si è pensato di sostituirlo con una miscela diversa.

del filo gli elettroni primari acquistano un'energia tale da essere a propria volta in grado di ionizzare il gas, generando *elettroni secondari*. Questo processo prende il nome di “valanga elettronica” o, più semplicemente, moltiplicazione. Il numero medio di elettroni secondari prodotti da ogni primario si chiama “fattore di moltiplicazione” o *guadagno* e dipende principalmente dal campo elettrico generato dal filo e dalle proprietà termodinamiche e chimiche del gas. Nel caso delle attuali camere di MEG il fattore di guadagno è dell'ordine di  $10^4$ .

Ognuna delle 16 camere è divisa in due colonne di 9 *celle*, ciascuna di sezione quadrata, disposte radialmente e sfalsate di mezza cella. Ogni cella ha al centro il suo filo di senso, disposto lungo  $z$ , ed è separata dalle altre della stessa colonna, da una coppia di fili, detti “fili di potenziale” (*potential wires* in inglese), anch'essi collocati in direzione  $z$ . In questo modo la dimensione verticale di ogni cella risulta 10 mm. Inoltre le colonne sono separate dall'esterno e fra loro da piani catodici, composti da una sottile ( $12.5 \mu\text{m}$ ) lamina plastica ricoperta da un deposito di alluminio di 250 nm di spessore. Le due colonne sono identiche, escluso per il fatto che ad ogni filo di senso della colonna di sinistra corrisponde uno di potenziale nella colonna di destra e viceversa. Uno schema di una porzione delle camere proiettate sul piano  $r-\varphi$  è presentato nella parte sinistra della figura 2.13.

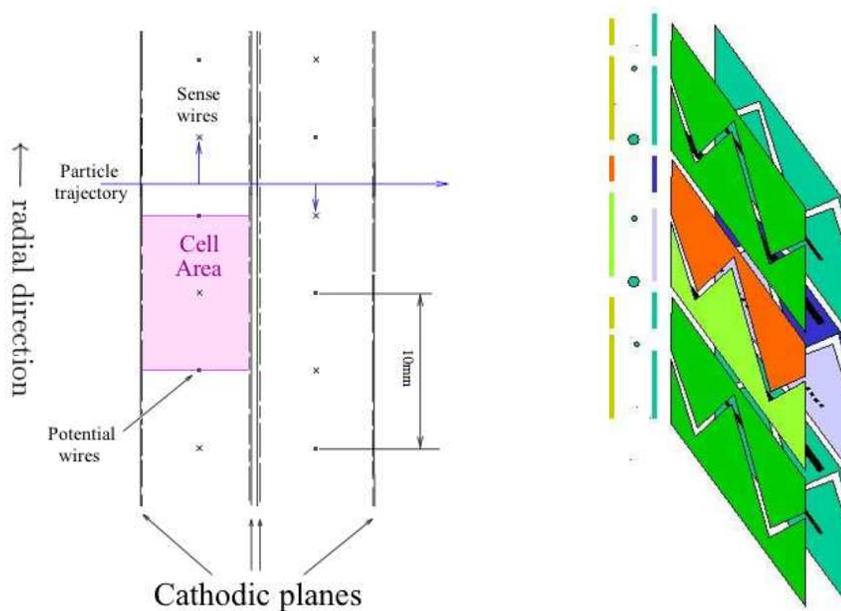


Figura 2.13: A sinistra: schema di una porzione di una camera di MEG. A destra: disegno di Vernier sui piani catodici.

La ricostruzione di una traccia avviene tramite un fit sugli *hit* ricostruiti. L'individuazione

di ciascun *hit* richiede, separatamente, una ricostruzione della  $z$  ed una del punto sul piano  $r$ - $\varphi$ .

La ricostruzione della  $z$  avviene a due livelli: il primo passaggio, più grossolano, è basato sulla tecnica della divisione resistiva di carica, cioè su una doppia lettura del filo di senso ad entrambe le estremità; il rapporto fra le due cariche lette sarà uguale al rapporto fra le distanze del punto di arrivo da tali estremità. Questo metodo consente una veloce ricostruzione della coordinata, seppure con un errore elevato, dell'ordine del cm. Il secondo passaggio sfrutta invece la tecnica della trama di Vernier, mostrata a destra nella figura 2.13. Si tratta di una particolare segmentazione del piano catodico tale per cui la carica raccolta su di esso si ripartisce fra due elettrodi per lato, uno superiore ed uno inferiore (in figura, verde ed arancione a sinistra, celeste e blu a destra). La trama è a zigzag e periodica, con periodo di 5 cm, e le due trame sono sfalsate di un quarto di periodo l'una rispetto all'altra, per cui in corrispondenza della  $z$  in cui una ha un massimo o un minimo, l'altra si trova a metà periodo, come il seno ed il coseno di uno stesso angolo. La divisione di carica consente di individuare in quale dei periodi si trova l'*hit*, mentre l'asimmetria di carica fra i quattro catodi permette di eseguire una ricostruzione più fine della  $z$ , con una precisione finale di  $300 \div 500 \mu\text{m}$ .

La ricostruzione della  $r$  e della  $\varphi$  è più complessa. Passiamo anzitutto a coordinate cartesiane  $(x_c, y_c)$ , tramite una trasformazione dal piano polare  $r$ - $\varphi$ . L'origine degli assi è posta sul filo di senso della cella considerata, l'asse  $y_c$  coincide con  $r$ .

La ricostruzione della  $x_c$  e della  $y_c$  può anch'essa essere divisa in due fasi: una prima informazione molto grossolana viene infatti dalla semplice osservazione di quali celle sono scattate. Naturalmente questo comporta incertezze dell'ordine di grandezza della dimensione della cella, cioè del centimetro, assolutamente insufficiente rispetto alla precisione richiesta dall'esperimento.

Tuttavia la misura viene sostanzialmente migliorata dall'informazione temporale che può essere estratta dai segnali della cella. In particolare si assume che tutti i depositi di carica formati nello stesso punto della camera arrivino nello stesso istante sul filo, cioè l'esistenza di una funzione  $t(\vec{P})$  con  $\vec{P} = (x_c, y_c)$ , dove  $t$  rappresenta la differenza temporale fra l'istante di passaggio della traccia e l'istante di arrivo del deposito (ricavabile dal fronte di salita della forma d'onda del segnale sul filo di senso). L'errore principale commesso in quest'assunzione consiste nel trascurare gli effetti di diffusione nel gas; questa approssimazione non è eludibile ma introduce errori controllabili e piccoli (dell'ordine dei  $\approx 20 \mu\text{m}$ ) se confrontati con la precisione globale.

Sarebbe quindi necessario invertire questa funzione, cioè scrivere la funzione inversa  $\vec{P}(t)$ , in modo da poter associare ad ogni tempo d'arrivo misurato un punto di partenza per il deposito, ricavando così l'informazione richiesta. Purtroppo, però, questa operazione non è possibile, perchè la funzione  $t(\vec{P})$  non è iniettiva. Per usare un linguaggio meno matematico, il tempo di arrivo è lo stesso per tutti i punti che giacciono su un particolare luogo,

detto *isocrona*<sup>4</sup>. L'esistenza delle isocrone si giustifica banalmente notando che, a causa della simmetria cilindrica del campo elettrico in una cella, il tempo di deriva risulta identico, in assenza di campo magnetico, per elettroni che giacciono su circonferenze ortogonali al filo. Tutti i depositi formati sulla stessa isocrona arrivano nello stesso istante sul filo di senso; non è quindi possibile né matematicamente né fisicamente associare univocamente ad ogni tempo misurato il singolo punto di passaggio della traccia.

La soluzione al problema viene però da una serie di constatazioni: anzitutto la forma delle isocrone (almeno in assenza di campo magnetico) corrisponde a quella delle linee equipotenziali della cella, e poichè il campo all'interno della cella è sostanzialmente quello di un filo (il filo di senso), se si escludono gli effetti di bordo queste linee sono molto simili a circonferenze. In secondo luogo, la traiettoria del positrone nella cella è con ottima approssimazione un segmento rettilineo, con minimi effetti di curvatura dati dal campo del magnete COBRA, praticamente trascurabili a causa delle piccole dimensioni trasverse della cella stessa. L'inclinazione della traccia può essere inizialmente valutata in base alla sequenza delle celle colpite; la direzione così ricavata è quindi tangente in un punto  $\vec{b}$  ad una sola isocrona, corrispondente al tempo più piccolo fra tutte le isocrone intercettate dalla traccia.  $\vec{b}$  rappresenta pertanto il punto di massimo avvicinamento della traccia al filo di senso; il suo modulo, indicato con  $b$ , è il parametro d'impatto della traccia. In terzo luogo, con una scelta opportuna del gas si può rendere il libero cammino medio del positrone abbastanza piccolo rispetto alla dimensione trasversa della cella, in modo che il numero di ionizzazioni per ogni cella è grande. Il deposito di carica dovuto all'*hit* più vicino a  $\vec{b}$  sarà il primo ad arrivare sul filo di senso, perchè corrisponde all'isocrona di valore più basso. Se si trascura del tutto l'informazione del tempo di arrivo dei depositi successivi e si usa solo il primo, assumendo che sia stato prodotto in  $\vec{b}$ , si commette un errore che dipende dalla distanza fra il punto in cui l'*hit* è stato effettivamente prodotto (che chiameremo  $\vec{d}$ ) e  $\vec{b}$ . Questa procedura non consente, quindi, di stimare la posizione di ogni *hit* nella cella, ma fornisce una buona approssimazione del parametro d'impatto  $b$ , vale a dire della distanza fra la traccia del positrone ed il filo di senso, con un'incertezza di  $150 \div 200 \mu\text{m}$ . Tuttavia il parametro d'impatto stimato con questa procedura è sempre maggiore o uguale di quello reale. Il metodo è illustrato nell'immagine di sinistra della figura 2.14.

Resta però un'ultima ambiguità da risolvere. Se infatti la traccia fosse passata nella cella in una situazione identica, ma simmetrica rispetto al centro, la procedura avrebbe fornito lo stesso risultato. Infatti, dato un fascio di rette parallele, ogni circonferenza ammette *due* punti di tangenza con le rette del fascio. Questo problema è però facilmente aggirato dalla configurazione delle camere, che hanno due colonne di celle sfalsate di un semilato. Se una traccia attraversa una camera con un'angolazione abbastanza orizzontale, si può distinguere se è passata sopra o sotto al filo di senso della cella della prima colonna verificando quale delle due celle adiacenti della seconda colonna ha registrato un segnale. Si noti che le celle in cui la traccia è quasi orizzontale sono quelle che si trovano alla massima

---

<sup>4</sup>Si tenga presente che si sta sempre assumendo di trascurare gli effetti di diffusione.

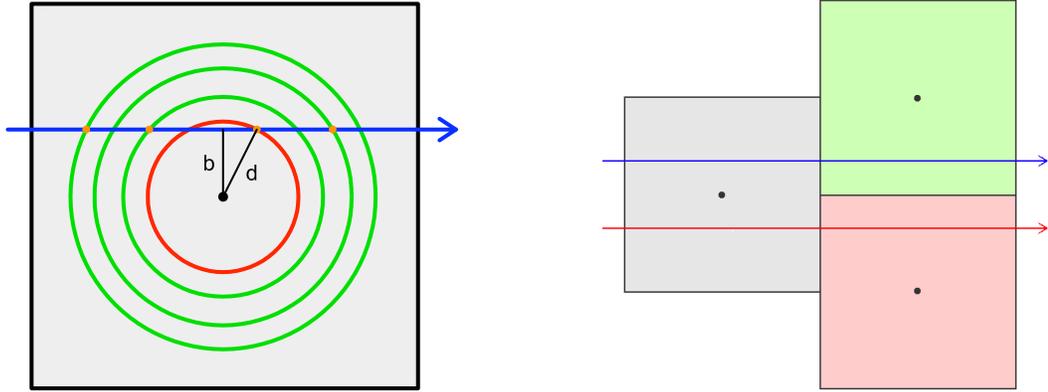


Figura 2.14: A sinistra: grafico per la ricostruzione del parametro d’impatto. In blu la traccia del positrone, in arancione i suoi depositi di ionizzazione, in verde alcune isocrone, in rosso l’isocrona del deposito più vicino. A destra: eliminazione dell’ambiguità sul passaggio della traccia tramite la configurazione sfalsata delle celle.

distanza trasversale dal bersaglio raggiunta dal positrone, e quindi contribuiscono in modo più sostanziale alla misurazione dell’energia del positrone. Il metodo è illustrato nell’immagine di destra della figura 2.14.

La presenza del campo magnetico ha l’effetto di “ruotare” le isocrone, curvando le linee di deriva dei positroni. Le isocrone più esterne, corrispondenti a tempi di deriva  $\approx 250$  ns, risultano notevolmente deformate da questo effetto, ma quelle più interne non subiscono particolari variazioni, per cui la procedura appena esposta risulta ancora valida entro le incertezze sperimentali. La figura 2.15 mostra le isocrone (a sinistra) e le linee di deriva (a destra) delle camere di MEG in presenza di un campo da 1.6 T orientato lungo  $z$ , simulate con il programma GARFIELD [33]. Questo tipo di problematiche saranno comunque affrontate più in dettaglio nel capitolo 4.

La distribuzione dell’impulso ricostruito tramite il filtro di Kalman viene interpolata con una tripla gaussiana per tenere correttamente conto delle code. Con questo procedimento la gaussiana centrale (detta di *core*) risulta avere una larghezza di 306 KeV, che fornisce una stima della precisione sulla misura del modulo dell’impulso del positrone. Si ottiene inoltre un’incertezza di 9.4 mrad sull’angolo di emissione del positrone rispetto a  $z$  ed una di 8.7 mrad sull’angolo nel piano  $r$ - $\varphi$ . Una fotografia di una cella di MEG smontata è presentata nella figura 2.16. Il miglioramento delle camere costituisce l’aspetto più significativo della proposta di miglioramento di MEG: il nuovo tracciatore di positroni proposto, DRAGO, sarà illustrato nella sezione 2.4.1.

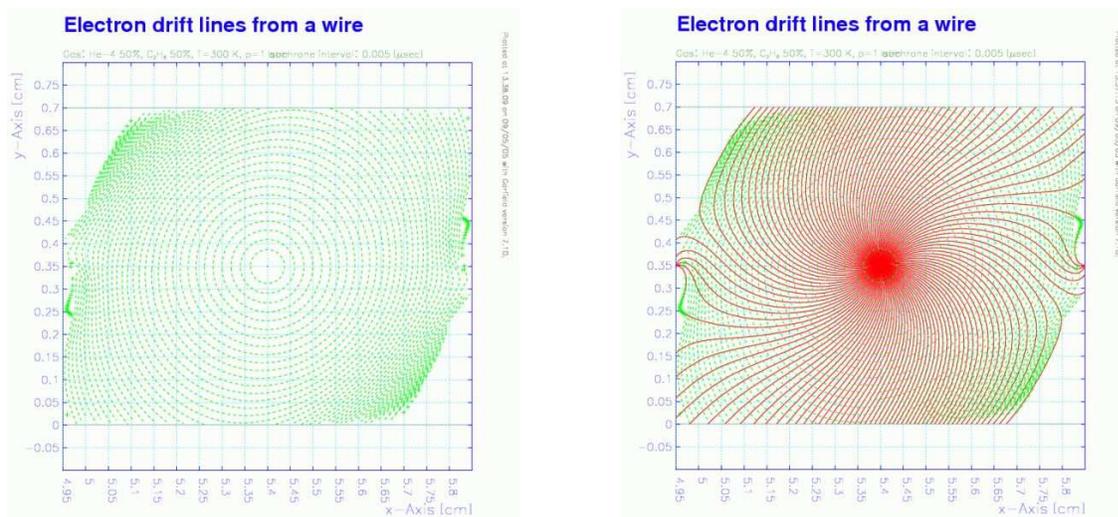


Figura 2.15: A sinistra: isocrone nelle attuali camere di MEG in presenza di campo magnetico. A destra: linee di deriva nelle attuali camere di MEG in presenza di campo magnetico.

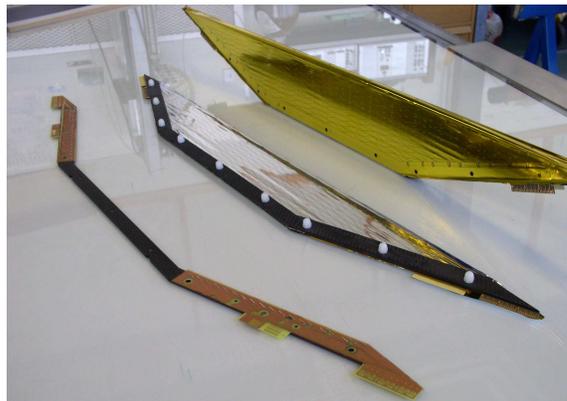


Figura 2.16: Una cella di MEG smontata. È visibile il piano catodico con la trama di Vernier.

### Barre scintillanti

Le camere a deriva non sono rivelatori veloci, dal momento che i depositi di ionizzazione impiegano tempi dell'ordine di  $100 \div 200$  ns (in dipendenza dal punto di rilascio dell'energia) a spostarsi dal punto di produzione al filo di senso, come descritto nel paragrafo precedente. È quindi chiaro che, sia ai fini del trigger sia al fine della misura temporale dei positroni (necessaria per stimare  $\Delta t_{\gamma e}$ ), le camere non possono esse utilizzate anche come rivelatore temporale<sup>5</sup>. La misura di tempo viene invece eseguita da un apposito sistema di barre scintillanti, sistemate in due settori, fra loro identici, posizionati oltre le camere uno nella parte *upstream* ed uno nella parte *downstream*.

Il TC ha forma semicilindrica; ogni settore contiene 15 barre di scintillatore BC404 a base quadrata ( $4 \text{ cm} \times 4 \text{ cm} \times 79.6 \text{ cm}$ ), disposte in direzione longitudinale. Il rivelatore è posizionato ad un raggio minimo di 29.5 cm e copre una regione di  $145^\circ$  in  $\varphi$  e  $|z| \in [25, 105]$  cm. A causa del campo magnetico di COBRA, i positroni con angolo di emissione tale che  $|\cos \theta| > 0.08$  rad e che sono rivelati dalle camere percorrono mediamente un giro e mezzo prima di incidere sul TC. Sopra agli scintillatori sono disposte delle fibre, anch'esse di materiale scintillante, posizionate perpendicolarmente a  $z$ . La figura 2.17 mostra la struttura

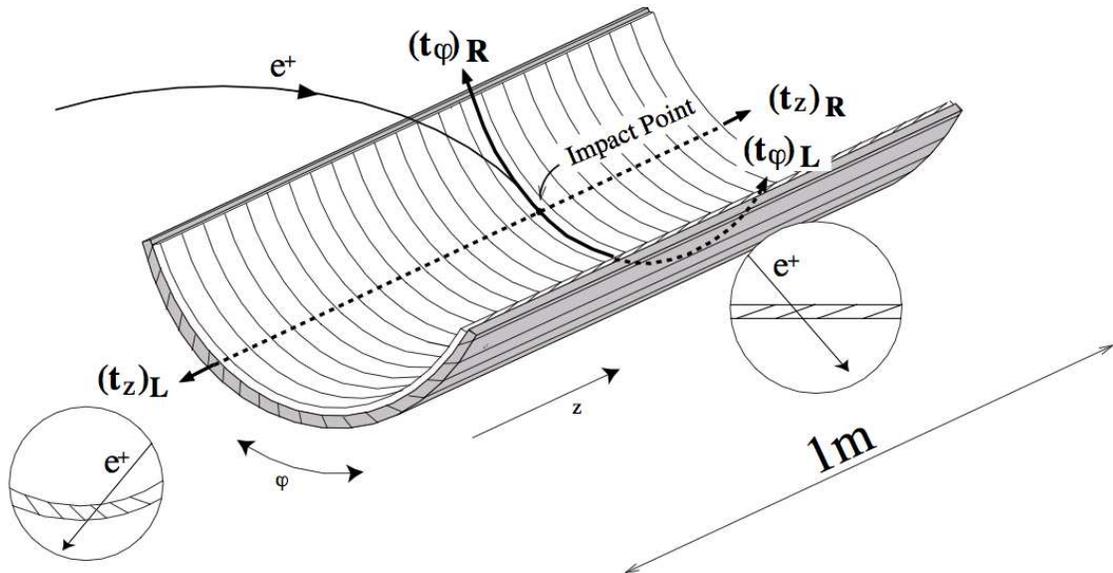


Figura 2.17: Schema del sistema di barre e fibre scintillanti

di uno dei due settori.

Le barre di scintillatore forniscono una misura del tempo del positrone con una risoluzione

<sup>5</sup>In realtà è possibile ricavare un tempo  $t_0$  da associare alla traccia, ma questa misura ha un'incertezza di almeno 5 ns, assolutamente insufficiente ai fini dell'esperimento MEG.

migliore di 100 ps. I segnali al loro interno vengono letti da due fotomoltiplicatori (PMT), posizionati alle due estremità di ogni barra, appositamente sviluppati per operare in presenza di campo magnetico. La media dei tempi di arrivo del segnale sui PMT alle estremità della stessa barra costituisce la misura del tempo di arrivo della particella, mentre una stima di  $z$  viene eseguita tramite il rapporto fra le cariche dei due segnali con un metodo di divisione di carica simile a quello presentato nel paragrafo precedente, anche se con una precisione peggiore ( $\approx 3$  cm). In questo caso, tuttavia, la differenza fra le distanze del punto di rilascio dell'energia dai due fototubi è proporzionale al logaritmo del rapporto fra le cariche raccolte, dal momento che l'attenuazione della luce all'interno della barra ha un andamento esponenziale. L'indicazione su quale sia la barra scattata fornisce inoltre una misura di  $\varphi$  con una precisione dell'ordine di  $\approx 100$  mrad.

Le  $128 \times 2$  fibre scintillanti posizionate sopra le barre sono invece lette da dei fotodiodi a valanga (APD) e forniscono una misura di  $z$  della traiettoria. Questa misura, tuttavia, non è utilizzata nell'analisi dei dati MEG a causa dell'incostante funzionamento degli APD e dell'alto livello di rumore.

Il miglioramento strumentale prevede una sostituzione del TC con uno di diversa concezione. Questo nuovo rivelatore sarà brevemente illustrato nel paragrafo relativo, nella sottosezione 2.4.2.

### 2.3.3 Misura dei fotoni

Il rivelatore per la misura dell'energia, del tempo di arrivo e della direzione dei fotoni è il calorimetro a Xenon liquido, un grande contenitore di 900 litri di capacità, posizionato esternamente a COBRA ed equipaggiato con 846 fotomoltiplicatori. Un'immagine schematica del calorimetro è mostrata in figura 2.18. Quando un fotone entra nel calorimetro produce uno sciame elettromagnetico, i cui leptoni carichi perdono energia nello Xe generando luce di scintillazione nell'ultravioletto ( $\langle \lambda \rangle \approx 178$  nm), che viene raccolta dai PMT e costituisce il segnale. La carica di ionizzazione non viene raccolta, sia per rendere la rivelazione più rapida, sia perché questo richiederebbe di raddoppiare l'elettronica di lettura dei segnali. Il calorimetro di MEG è il più grande calorimetro a Xenon liquido al mondo.

Lo Xenon è stato scelto in quanto le sue caratteristiche sono adatte alla misura che si vuole effettuare: un elevato numero di fotoni di scintillazione per unità di energia rilasciata, simile a quello di alcuni cristalli come lo ioduro di sodio ( $\approx 4 \cdot 10^4$  fotoni per MeV), unito ad un elevato numero atomico ( $Z = 54$ ) ed un'alta densità ( $2.95$  g/cm<sup>3</sup>), grazie a cui la sua lunghezza di radiazione risulta molto corta ( $X_0 = 2.77$  cm); è quindi possibile costruire un calorimetro di dimensioni relativamente contenute. Lo stato liquido consente di evitare problemi di non uniformità dentro il rivelatore e può essere ottenuto in modo relativamente facile dal momento che la temperatura di ebollizione dello Xe (165 K) non è troppo bassa. Lo Xenon ha anche la caratteristica di avere un breve tempo di emissione (compreso fra i 4.2 ed i 45 ns, a seconda dei processi), per cui la risoluzione temporale del calorimetro è adeguata per misurare  $t_\gamma$  con la precisione necessaria. L'informazione fornita dal calo-

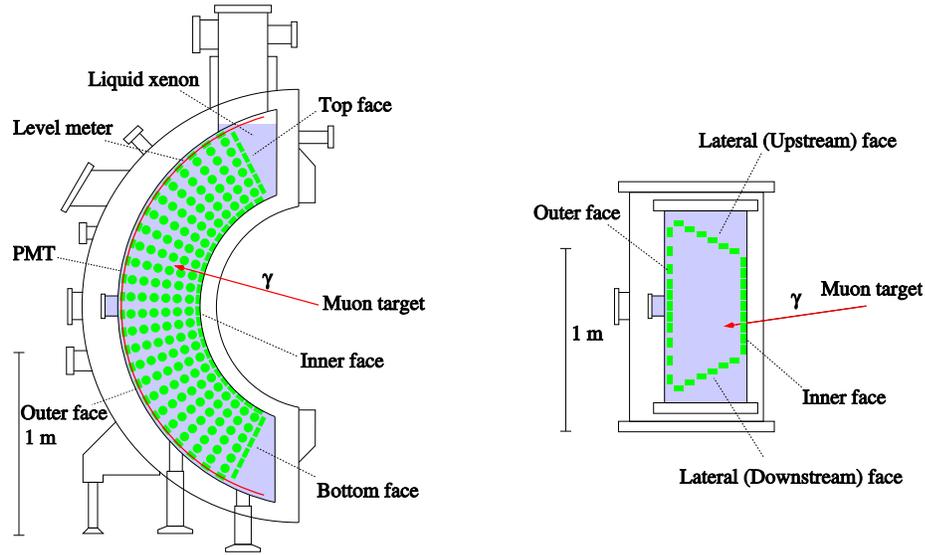


Figura 2.18: Uno schema del calorimetro a Xenon liquido di MEG.

rimetro è quindi utilizzabile anche per valutare la coincidenza temporale con il positrone. Un ulteriore vantaggio offerto dalla velocità di risposta dello Xenon è che essa consente di limitare gli effetti di sovrapposizione di più fotoni provenienti da processi diversi (il cosiddetto fenomeno di *pile up*).

Uno svantaggio dello Xenon è però rappresentato dalla forte dipendenza della lunghezza di attenuazione della luce dalla presenza di impurità, in particolare ossigeno o acqua. Il problema è originato dal fatto che queste molecole hanno uno spettro di assorbimento che si sovrappone ampiamente con lo spettro delle frequenze di emissione dello Xe. Se la presenza di  $O_2$  o  $H_2O$  supera le dieci parti per miliardo, le distorsioni introdotte cominciano a ridurre significativamente la lunghezza di attenuazione e ad inficiare la risoluzione del calorimetro. Per risolvere il problema è stato predisposto un sistema di purificazione dello Xenon che opera periodicamente sia in fase liquida che in fase gassosa.

La tabella 2.2 riassume le proprietà dello Xenon.  $E(e)_\gamma$  ed  $E(\alpha)_\gamma$  rappresentano la minima perdita di energia necessaria per avere un fotone di scintillazione, rispettivamente per positroni o particelle alfa incidenti.

La struttura geometrica del calorimetro è la seguente: il contenitore ha la forma di una “C” per accordarsi con la geometria cilindrica dell’esperimento; la superficie curva interna si trova a 65 cm dal centro dell’esperimento e la superficie curva esterna a 47 cm da quella interna. Il calorimetro copre circa il 12% dell’angolo solido, corrispondente a  $|\cos \theta| < 0.35$  e  $120^\circ < \varphi < 240^\circ$ . Nella zona dove è collocato il calorimetro il campo magnetico è mantenuto, come osservato, a livelli molto bassi grazie alla presenza delle bobine di compensazione

Tabella 2.2: Proprietà dello Xenon

|  |                         |
|--|-------------------------|
| Numero atomico, numero di massa            | 54, 131.293             |
| Densità (a 161.4 K)                        | 2.978 g/cm <sup>3</sup> |
| Temperatura di ebollizione                 | 165.1 K                 |
| Temperatura di liquefazione                | 161.4 K                 |
| Lunghezza di radiazione                    | 2.77 cm                 |
| Raggio di Moliere                          | 4.20 cm                 |
| Indice di rifrazione                       | 1.6 ÷ 1.72              |
| Lunghezza d'onda di massima scintillazione | 178 nm                  |
| $E(e)_\gamma$                              | 21.6 eV                 |
| $E(\alpha)_\gamma$                         | 17.9 eV                 |
| Tempi di decadimento                       | 4.2, 22 o 45 ns         |
| Lunghezza di assorbimento                  | > 400 cm                |
| Lunghezza di diffusione Rayleigh           | ≈ 40 cm                 |

di COBRA. La figura 2.19 mostra due foto del calorimetro, una scattata al suo interno ed una al suo esterno, durante la costruzione.

I fototubi per l'osservazione della scintillazione sono sensibili alla luce ultravioletta e sono collocati in maniera uniforme su tutte le facce del calorimetro, con un addensamento maggiore nella faccia interna in quanto la maggior parte delle interazioni dei fotoni avviene vicino al loro punto di ingresso.

L'uso del calorimetro richiede un'attenta calibrazione, per cui sono stati predisposti diversi sistemi indipendenti e ridondanti di calibrazione. Per valutare le efficienze quantiche dei PMT si utilizzano delle sorgenti  $\alpha$  (<sup>241</sup>Am) depositate su alcuni fili posizionati all'interno del contenitore [34], mentre per misurare i guadagni dei PMT si usano dei LED ad intensità variabile, anch'essi collocati stabilmente all'interno del liquido.

La calibrazione in energia viene eseguita in tre modi. Il primo [35] è basato su un acceleratore Cockroft-Walton che viene collegato all'esperimento tramite una linea di fascio addizionale; i protoni da esso accelerati vengono fatti incidere su un apposito bersaglio di fluoruro di litio, generando una reazione ( $p + \text{Li} \rightarrow \text{Be} + \gamma$ ) che produce fotoni da 17.6 MeV. Il secondo prevede l'uso di un generatore di neutroni, che vengono termalizzati da una schermatura in polietilene e subiscono un processo di cattura in alcune lastre di nickel, emettendo per diseccitazione fotoni da 9 MeV. Il terzo, infine, sfrutta i fotoni prodotti dal decadimento di pioni neutri, ottenuti a partire da  $\pi^-$  che possono essere ricavati dalla linea  $\pi E5$  cambiando le correnti dei magneti ed invertendo la polarità. I pioni negativi vengono inviati su un bersaglio di idrogeno liquido ed i  $\pi^0$  prodotti nella reazione  $\pi^- + p \rightarrow \pi^0 + n$  decadono in due fotoni, con uno spettro piatto in energia fra 54.9 e 82.9 MeV [36]. L'interca-

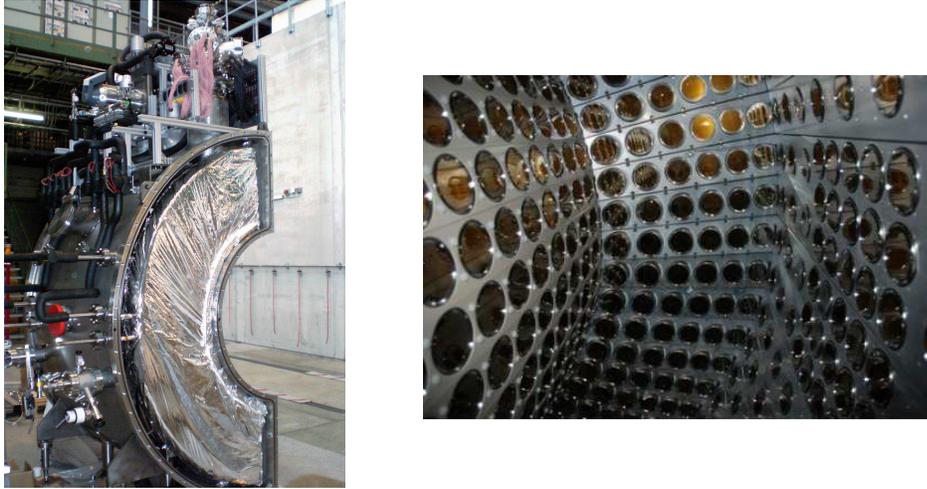


Figura 2.19: A sinistra: il calorimetro durante la sua costruzione. A destra: interno del calorimetro

librazione temporale fra calorimetro e TC sfrutta anch'essa l'acceleratore Cockroft-Walton, ed in particolare la reazione  $p + B \rightarrow C + \gamma + \gamma$  che produce due fotoni nello stesso istante, uno da 4.4 MeV e l'altro da 11.6 MeV.

Nel progetto di miglioramento di MEG sono previste anche alcune modifiche del calorimetro, che saranno brevemente esposte nel paragrafo 2.4.2.

## 2.4 Miglioramento dell'apparato sperimentale

Il 2013 è l'ultimo anno di presa dati con l'attuale configurazione sperimentale di MEG. Infatti, nell'estate di quest'anno, l'acquisizione avrà termine e molte parti dell'esperimento saranno sostituite. Questa scelta deriva dal fatto che, con la statistica raccolta, la sensibilità sperimentale è ormai limitata dal fondo, per cui proseguendo la presa dati con l'attuale apparato si otterrebbe un incremento assai poco significativo.

La sensibilità attesa, al termine dell'analisi di tutti i dati raccolti, è di  $\approx 5 \cdot 10^{-13}$  ed il progetto di miglioramento ha lo scopo di aumentare la sensibilità di MEG di un altro ordine di grandezza. Questo consentirebbe di esplorare le teorie "oltre il Modello Standard" ad un livello di sensibilità mai raggiunto finora. Il miglioramento, come si vedrà in questa sezione, interessa quasi tutti gli aspetti di MEG, ma l'innovazione decisamente più consistente riguarda il sistema di tracciamento dei positroni.

La tabella 2.3 riassume le precisioni previste nella proposta di MEG, quelle raggiunte da MEG nella configurazione attuale e quelle stimate per l'esperimento dopo il suo miglioramento, ottenute con metodi Montecarlo e misure di calibrazione su prototipi. Con il sim-

Tabella 2.3: Risoluzioni ed efficienze dalla proposta di MEG, MEG nello stato attuale ed il suo miglioramento

| Parametro                               | Proposta originale | MEG attuale                  | MEG migliorato               |
|---|--------------------|------------------------------|------------------------------|
| $\sigma(E_{e^+})$                       | 180 keV            | 306 keV al centro            | 130 keV                      |
| $\sigma(\theta_{e^+})$                  | 5 mrad             | 9.4 mrad                     | 5.3 mrad                     |
| $\sigma(\varphi_{e^+})$                 | 5 mrad             | 8.7 mrad                     | 3.7 mrad                     |
| $\sigma(V_z)$                           | 2.0 mm             | 2.4 mm                       | 1.6 mm                       |
| $\sigma(V_y)$                           | 1.0 mm             | 1.2 mm                       | 0.7 mm                       |
| $\sigma(E_\gamma)$                      | 1.2%               | 2.4% ÷ 1.7%                  | 1.1% ÷ 1.0%                  |
| $\sigma(G_{\parallel})$                 | 2.8 mm             | 6 mm                         | 5 mm                         |
| $\sigma(G_{\perp})$                     | 2.8 mm             | 5 mm                         | 2.6 mm ÷ 2.4 mm              |
| $\sigma(\Delta t_{\gamma e})$           | 65 ps              | 112 ps                       | 84 ps                        |
| $\varepsilon(\text{trigger})$           | 100%               | $\approx 99\%$               | $\approx 99\%$               |
| $\varepsilon(\gamma)$                   | 60%                | 63%                          | 63%                          |
| $\varepsilon(e^+)$                      | 90%                | 40%                          | 88%                          |
| $\frac{\Omega}{4\pi}$                   | 0.09               | 0.09                         | 0.09                         |
| $R_\mu$                                 | $3 \cdot 10^7$ Hz  | $3 \cdot 10^7$ Hz            | $5.5 \cdot 10^7$ Hz          |
| $T$                                     | $2.6 \cdot 10^7$ s | $2.3 \cdot 10^7$ s           | $4.6 \cdot 10^7$ s           |
| $\text{BR}(\mu \rightarrow e + \gamma)$ | $1 \cdot 10^{-13}$ | $5 \cdot 10^{-13}$ in 5 anni | $6 \cdot 10^{-14}$ in 3 anni |

bolo  $\sigma(a)$  si intende la deviazione standard della distribuzione della quantità  $a$ , considerata gaussiana (escluso il caso particolare di  $\sigma(E_{e^+})$  per la quale si utilizza una distribuzione multi-gaussiana, la cui  $\sigma$  equivalente è circa 380 keV) e con  $\varepsilon(a)$  le efficienze che compaiono nella (2.1). Inoltre con  $V_z$  e  $V_y$  sono indicate le coordinate del vertice dell'interazione (lungo  $z$  ed  $y$ ) e con  $G_{\parallel}$  e  $G_{\perp}$  le coordinate del punto di interazione del fotone all'interno del calorimetro. In particolare,  $G_{\parallel}$  è la profondità raggiunta dal  $\gamma$  misurata a partire dalla faccia d'ingresso e  $G_{\perp}$  la coordinata sul piano  $(\varphi, z)$ . La  $\sigma(E_\gamma)$ , misurata in percentuale rispetto alla media a 52.8 MeV, varia in un intervallo: la risoluzione è peggiore per fotoni che interagiscono vicino alla faccia di ingresso ( $G_{\parallel} < 2$  cm) e migliore per fotoni che interagiscono più in profondità ( $G_{\parallel} > 2$  cm). La quantità  $\frac{\Omega}{4\pi}$  è la frazione di angolo solido,  $R_\mu$  è l'intensità del fascio e  $T$  il tempo totale di misura come nella (2.1).

Come risulta chiaramente dalla tabella 2.3, i parametri  $\sigma(E_{e^+})$ ,  $\sigma(\varphi_{e^+})$  e  $\varepsilon(e^+)$  miglioreranno in maniera sostanziale grazie all'introduzione della nuova camera a deriva, che sarà discussa dettagliatamente nel prossimo paragrafo.

La figura 2.20 illustra graficamente l'andamento previsto della sensibilità nella misura del rapporto di decadimento del processo (1) in funzione del tempo.

La figura 2.21 riassume in maniera schematica le differenze fra l'apparato di MEG migliorato e l'attuale configurazione sperimentale. Ricapitolando, il nuovo MEG si propone

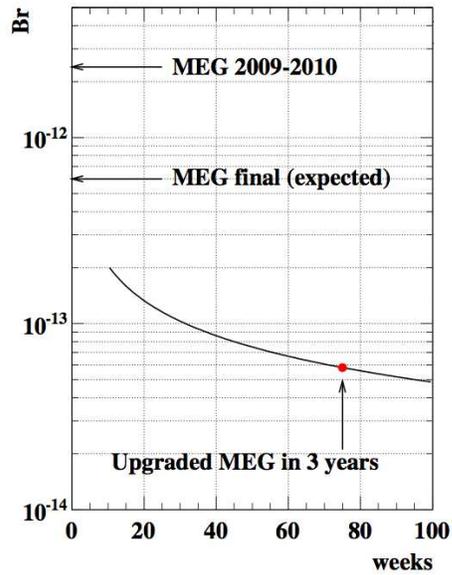


Figura 2.20: Sensibilità sperimentale del miglioramento di MEG in funzione del tempo di acquisizione, espresso in settimane.

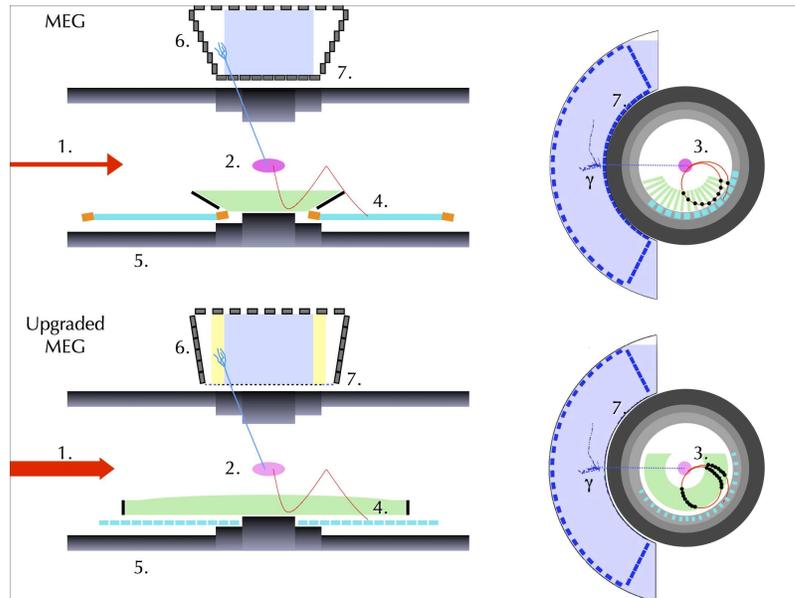


Figura 2.21: Figura riassuntiva di confronto fra MEG e MEG migliorato. I dettagli sono discussi nel testo.

di

1. incrementare l'intensità dei  $\mu$  arrestati nel bersaglio di almeno un fattore 2,
2. ridurre lo spessore del bersaglio per minimizzare la quantità di materiale attraversato dal fotone e dal positrone prima di raggiungere i rispettivi rivelatori,
3. rimpiazzare il rivelatore di positroni con uno maggiormente trasparente e dotato di un più elevato numero di punti di misura,
4. ridurre lo "spazio morto" fra TC e tracciatore, cercando di tracciare il positrone fino all'interfaccia col TC,
5. migliorare la granularità del TC,
6. estendere l'accettanza del calorimetro,
7. migliorare la risoluzione in energia, posizione e tempo per fotoni che interagiscono vicino alla faccia d'ingresso.

#### 2.4.1 Il nuovo tracciatore di MEG: DRAGO

Come è stato già discusso ripetutamente, il tracciamento dei positroni rappresenta l'aspetto sul quale è più necessario intervenire al fine di migliorare la sensibilità sperimentale. Per questo scopo è stato ideato ed è attualmente in fase di progettazione un nuovo tracciatore di positroni, ispirato a quello dell'esperimento *KLOE* [37], il quale prenderà il posto delle camere a deriva usate finora. Questo nuovo rivelatore verrà chiamato "camera a deriva per la ricerca di decadimenti rari con lettura a frequenza del gigahertz", in inglese *Drift chamber for RAre decays search with Gigahertz read-Out*, l'acronimo è DRAGO.

Si tratta di una camera a deriva a volume unico, costituita da un cilindro di raggio esterno 30 cm, raggio interno<sup>6</sup> 17 cm e lunghezza 1.8 m, delimitata esternamente da fogli di 20  $\mu\text{m}$  di Kapton ed internamente da una parete ugualmente sottile di mylar, riempita con una miscela di gas al 90% He ed al 10%  $\text{iC}_4\text{H}_{10}$  (isobutano)<sup>7</sup>. La scelta del gas è stata finalizzata a ridurre più possibile la diffusione coulombiana multipla; in particolare la lunghezza di radiazione dei positroni nella nuova camera risulta incrementata del 27% circa rispetto alla sua versione attuale. Una volta posizionata la camera, il suo centro coinciderà con quello di COBRA ed il suo raggio esterno con quello interno del nuovo TC. L'asse della camera sarà naturalmente orientato lungo l'asse del fascio  $z$ . Uno schema della nuova camera è mostrato nella figura 2.22, insieme al nuovo TC. Come si può notare, il volume complessivo

<sup>6</sup>La scelta del raggio interno è ottimizzata in modo che solo una piccola frazione di positroni di Michel, con energia  $> 45$  MeV, possa entrare nel volume sensibile della camera, limitando così gli effetti di *pile up*, di eccessivo volume di dati acquisiti e di invecchiamento del gas.

<sup>7</sup>Secondo alcuni studi recenti, potrebbe essere opportuno scegliere una miscela leggermente diversa, costituita per l'85% da He e per il 15 di %  $\text{iC}_4\text{H}_{10}$ .

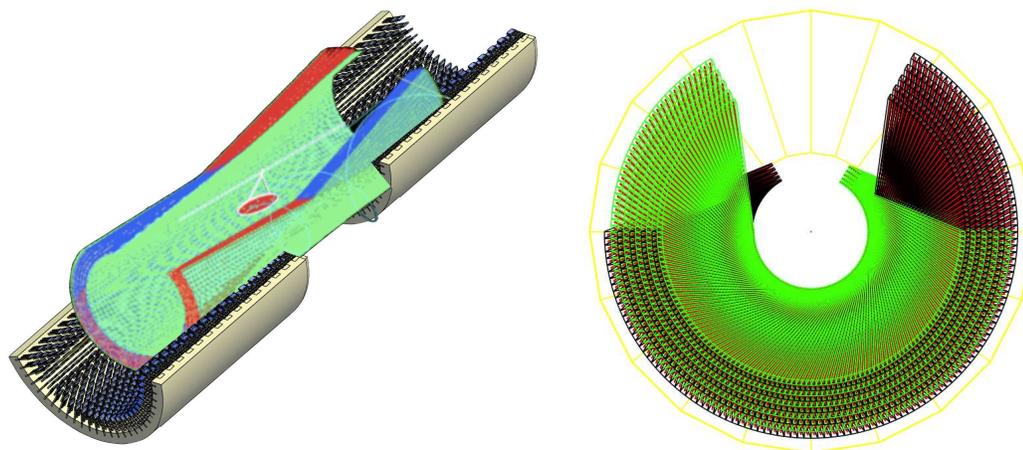


Figura 2.22: A sinistra: uno schema della nuova camera e del nuovo TC per MEG: in verde i fili di guardia, in rosso e blu gli altri fili, di senso e di campo, con angolo stereo positivo o negativo. A destra: vista frontale della nuova camera. In nero celle con angolo stereo positivo; in verde celle con angolo positivo; in rosso i fili di senso.

della camera risulta esteso sia in  $r$  che, soprattutto, in  $z$ ; la maggiore copertura, unita allo sviluppo del nuovo TC, consentirà di tracciare i positroni fino all'interfaccia fra i due rivelatori, semplificando così notevolmente l'operazione di accoppiamento (in inglese *matching*) fra i loro segnali.

Nella camera saranno posizionate alcune migliaia di fili, organizzati in 23 piani semicircolari concentrici. Questi fili saranno divisi in tre gruppi, in base al loro scopo: *fili di senso*, *fili di campo* e *fili di guardia*. I primi hanno lo stesso ruolo degli omonimi nelle attuali camere, ovvero generare un campo per raccogliere i depositi di ionizzazione e fornire il segnale in ingresso all'elettronica di lettura delle forme d'onda; i secondi servono a delimitare le celle della camera in modo affine ai piani catodici ed ai fili di potenziale delle attuali camere (dove il termine "cella" ha lo stesso significato che nelle DCH, anche se non esistono pareti di separazione); i terzi sono posizionati solo sul piano più interno e su quello più esterno, e servono principalmente a confinare le linee di forza del campo elettrico. I fili non sono disposti in direzione longitudinale, ma sono tutti leggermente inclinati, sia in  $\theta$  sia in  $\varphi$ , di un angolo compreso fra  $7^\circ$  ed  $8^\circ$ , in modo da formare un intreccio in configurazione stereo, il cui scopo sarà illustrato fra poco. La figura 2.23, lato sinistro, schematizza la disposizione di un singolo piano di fili, che si presenterebbe se questi fossero ancorati su tutta la base della camera. In realtà, come si può osservare nella figura 2.23 lato destro, è previsto che la parte in alto della camera resti "scoperta", in modo da essere sensibile solo ai positroni che, se fossero di segnale, avrebbero un fotone corrispondente emesso entro l'accettanza

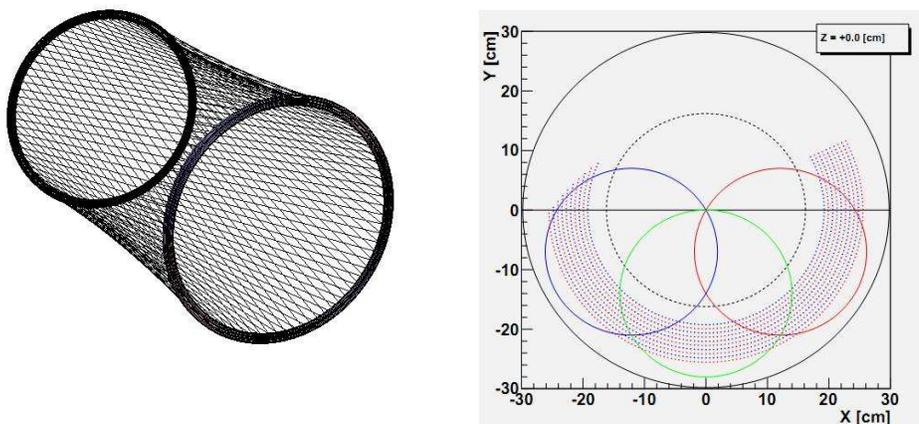


Figura 2.23: A sinistra, schema della disposizione stereo dei fili. A destra, disposizione schematica dei fili in  $z = 0$ , con tre esempi di possibile traccia di segnale.

geometrica del calorimetro; il massimo ed il minimo  $\varphi$  ammessi corrispondono al cerchio blu ed a quello rosso. Una copertura completa lungo  $\varphi$  sarebbe dunque inutile per la rivelazione dell'evento (1), oltre che meccanicamente più complessa e più dispendiosa.

Come già notato i fili di guardia sono localizzati solo sui piani estremi ed il loro scopo è principalmente quello di contenere le linee di forza del campo elettrico interno della camera. Nei 21 piani intermedi si alternano invece uno composto dai soli di fili di campo (di cui una metà è orientata secondo l'angolo stereo positivo e l'altra metà secondo quello negativo) ed uno composto da coppie formate da un filo di senso ed uno di campo. Chiameremo "strato" (in inglese *layer*) l'insieme di tre piani, due con soli fili di campo ed uno con fili di campo e fili di senso. Lo stesso piano di fili di campo include sia quelli che formano la parte superiore dello strato  $n$ -esimo, sia quelli che formano la parte inferiore dello strato  $n + 1$ -esimo, numerati a partire dall'estremo verso l'interno. In base a quanto osservato si possono costruire 10 strati, uno per ogni piano contenente fili di senso e di campo.

Questa disposizione dei fili consente di definire la struttura base delle celle di DRAGO: un filo di senso circondato da 8 fili di campo. In particolare, effettuando una sezione con un piano trasversale (a  $z$  costante) risulta che una cella ha una forma approssimativamente quadrata (perfettamente quadrata solo per  $z = 0$ ), di lato leggermente variabile al variare di  $z$ ; la dimensione media di un lato della cella è 7 mm, ma agli estremi raggiunge gli 8 mm. Il filo di senso è al centro di questo quadrato, mentre i fili di campo sono ai vertici ed a metà di ogni lato. Si noti che queste celle sono delimitate solo da fili e non da piani catodici come accade per le camere dell'attuale MEG; questo implica che un positrone attraversa solo il gas, le sottilissime pareti di Kapton e la pellicola di mylar della camera (a meno che

non impatti direttamente contro un filo, ma questo accade molto raramente), per cui la sua diffusione coulombiana risulta notevolmente ridotta. Questo è uno dei principali vantaggi derivanti dall'aver optato per una camera a volume unico.

Il volume della cella si estende lungo la camera seguendo la disposizione dei fili, per cui la coordinata  $\varphi$  dei suoi punti varia linearmente al variare di  $z$ , per effetto della disposizione stereo. Anche la distanza  $r$  del filo di senso della cella dall'asse varia (non linearmente) al variare di  $z$ , a causa del fatto che i fili non sono allineati con l'asse della camera. Pertanto il volume sensibile del rivelatore è più vicino all'asse del fascio nelle vicinanze del bersaglio e più lontano alle estremità, il che semplifica l'accoppiamento con il TC quando le tracce sono più lontane dal bersaglio e quindi hanno più alta probabilità di colpirlo.

La disposizione definitiva dei fili non è ancora fissata. Secondo lo schema attualmente favorito ogni strato contiene 128 celle, pari al numero di fili di senso, allineate lungo un arco in  $\varphi$  per  $z = 0$ . La stessa struttura si ripete per ognuno dei 10 strati esistenti, per un totale di 1280 celle. La disposizione dei fili a  $z = 0$  è mostrata in figura 2.23, lato destro. Si noti come questa nuova camera abbia un numero di celle assai superiore rispetto a quelle del tracciatore attuale e, dunque, come sia in grado di campionare in modo molto dettagliato la traccia dei positroni; il numero di celle colpite per traccia risulta infatti incrementato di circa un fattore 5 rispetto alle camere attuali.

Secondo la geometria proposta le celle del nuovo tracciatore di MEG risultano essere simmetriche nei quattro quadranti<sup>8</sup>, come si può verificare osservando le figure seguenti. In particolare, la figura 2.24 mostra l'andamento dell'intensità del campo elettrico e del potenziale per la cella interna media della nuova camera di MEG, per una differenza di potenziale fra il filo di senso e quelli di campo (collegati a terra) di 1.25 kV, in assenza di campo magnetico. La figura 2.25, lato sinistro, mostra invece le linee di deriva e le isocrone per questo tipo di cella, in presenza di un campo magnetico da 1.26 T allineato lungo  $z$  (il campo al centro di COBRA), nelle condizioni chimiche e termodinamiche della camera stessa, che sono riassunte nella tabella 2.4. Il lato destro della figura 2.25 mostra 14 isocrone, corrispondenti a tempi che variano da 1.47 ns a 217.4 ns, con una differenza di tempo che cresce logisticamente dall'una all'altra. I grafici in figura 2.24 e 2.25 sono stati ottenuti con l'ausilio del programma GARFIELD++ [38], che è in grado di simulare il comportamento dei *cluster* di ionizzazione in una camera a deriva. Il capitolo 4 sarà dedicato agli studi, eseguiti con GARFIELD++, delle proprietà delle celle di MEG nel nuovo tracciatore, al variare della loro posizione trasversale e longitudinale, con conseguente variazione dell'intensità e della direzione del campo magnetico.

La disposizione stereo dei fili di senso ha lo scopo di migliorare la ricostruzione della coordinata longitudinale dell'*hit*. Infatti, le varie tecniche basate sul tempo di deriva del primo *cluster* o eventualmente sul *cluster timing* [39] (vedi paragrafo 4.3) possono contribuire a

---

<sup>8</sup>Questa simmetria è rispettata solo approssimativamente per le celle che si trovano vicino ai bordi del volume sensibile. In particolare è stato calcolato che il campo elettrico in una cella presenta una differenza apprezzabile da quella "ideale" (cioè inserita in una trama infinita) solo se si trova esattamente sul bordo o se è adiacente ad una che si trova sul bordo.

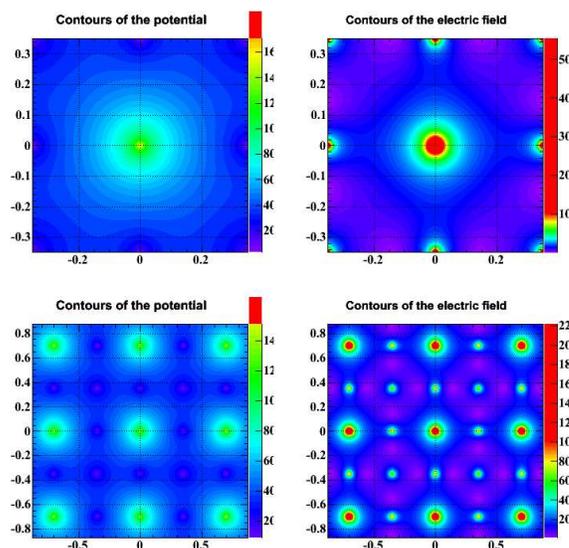


Figura 2.24: Intensità del campo elettrico (a sinistra) e del potenziale (a destra) per una cella di lato 7 mm, con una differenza di potenziale fra i fili di 1.25 kV. Nella parte superiore è mostrato lo zoom su una cella, in quello inferiore sull'area attorno ad una cella.

migliorare la conoscenza della posizione degli *hit* solo sul piano perpendicolare alla direzione del filo, ma non danno informazioni riguardo al punto di formazione dell'*hit* lungo il filo. Per ottenere quest'informazione sono stati proposti vari metodi:

1. divisione di carica,
2. misura del tempo di arrivo del segnale alle due estremità,
3. utilizzo dell'incrocio stereo dei fili.

L'uso di uno di questi metodi non esclude gli altri ed i primi due presuppongono una lettura del filo di senso ad entrambe le estremità ("doppia lettura"). L'uso del primo metodo non è tuttavia sicuro, a causa del fatto che per renderlo possibile sarebbe necessario utilizzare fili resistivi; il secondo metodo sembrerebbe molto promettente e la sua potenzialità sarà studiata con l'uso di un apposito prototipo della stessa lunghezza della camera che è in costruzione all'INFN di Pisa; il terzo metodo sarà sicuramente utilizzato, con la procedura che sarà adesso descritta. Anzitutto, la posizione dell'*hit* viene stimata con una delle due tecniche citate, basate sulla doppia lettura del filo di senso. A questo livello l'errore sul singolo punto può essere dell'ordine di alcuni cm, insufficiente per raggiungere le precisioni richieste, ma sufficiente per un primo approssimativo tracciamento del positrone. Una volta comunque che la coordinata  $z$  del singolo *hit* è stata (grossolanamente) individuata,

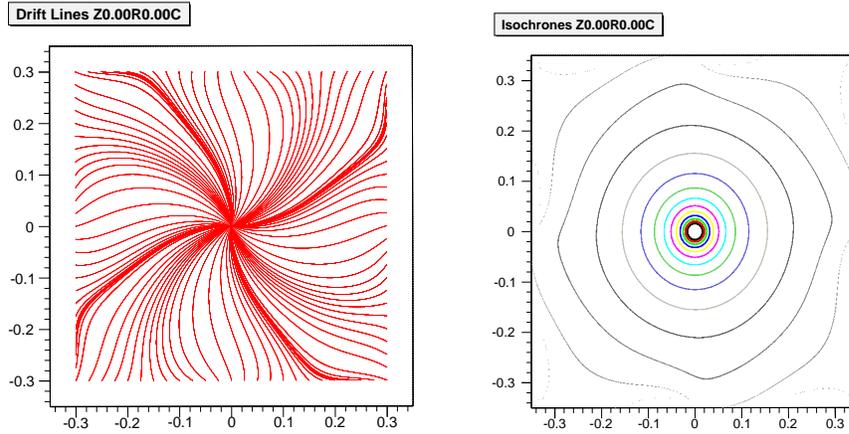


Figura 2.25: A sinistra: linee di deriva per una cella del nuovo tracciatore di MEG. A destra: isocrone per una cella del nuovo tracciatore di MEG. Entrambe le figure si riferiscono al caso  $B = 1.26$  T allineato lungo  $z$ .

può essere confrontata con i segnali ricevuti dalle celle dello strato superiore ed inferiore a quello a cui appartiene la cella che ha prodotto l'*hit* suddetto. Grazie alla disposizione stereo, infatti, ogni cella di uno strato pari incrocia molte celle degli strati dispari (e viceversa) e l'area di sovrapposizione delle celle formata da ognuno di questi incroci e costituita da un rombo con diagonale maggiore allineata con  $z$  e lunga 51.17 mm, è nota a priori, per costruzione. Dunque, ammesso che si riescano ad associare correttamente segnali su fili diversi provenienti dalla stessa traccia a partire dagli indici dei fili colpiti in ogni piano, da una tabella geometrica e da una ricostruzione della traccia a bassa precisione, si può imporre che il positrone sia passato nell'intervallo di  $z$  in cui le due celle risultano sovrapposte, riducendo significativamente gli errori sulla misura di tale coordinata (si tratta, sostanzialmente, di un'interpolazione). La procedura è riassunta nella figura 2.26.

Il punto critico di questa strategia è proprio la corretta associazione degli *hit* sui vari strati corrispondenti alla stessa traccia: se infatti più celle diverse dello stesso strato vengono colpite da molti positroni che attraversano la camera in corrispondenza di uno stesso trigger, il numero dei possibili incroci cresce molto velocemente. Questa situazione rischia di essere assai frequente, in quanto i fili di senso più interni sono molto esposti, nonostante si trovino ad una certa distanza dal bersaglio che esclude un'importante frazione dei positroni di Michel (dell'ordine del 50%). La divisione di carica (o la differenza temporale) dovrebbe proprio servire a limitare questo problema, permettendo di confrontare gli strati solo a "zone": per quanto le misure basate sulla doppia lettura siano affette da incertezza di alcuni cm attorno alla  $z$  ricostruita con questo metodo, la cella considerata incrocerà solo un numero limitato di celle negli strati superiore ed inferiore, limitando fortemente il

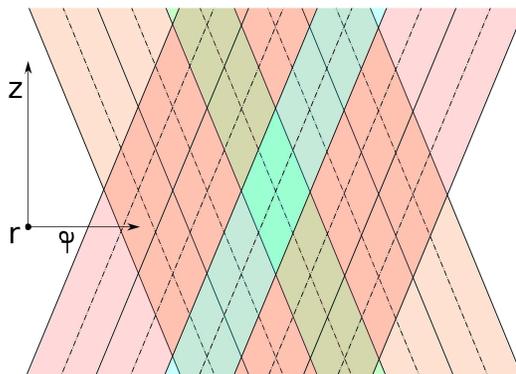


Figura 2.26: Disegno schematico, non in scala, dell'uso dell'informazione stereo: due strati di celle sovrapposti (linee tratteggiate: fili di senso, linee continue: fili di campo ai lati del filo di senso). Nello strato superiore (rosso) è stata colpita la cella celeste; nello strato inferiore (arancio) è stata colpita la cella verde. La sovrapposizione stereo è un rombo che limita l'incertezza sulla coordinata longitudinale; la sua diagonale maggiore è infatti lunga 51.17 mm. La conoscenza della posizione di questo rombo dipende solo dall'indice dei fili colpiti.

numero di combinazioni da considerare e conseguentemente rendendo meno problematica l'interpolazione. Comunque il problema è in fase di studio con prototipi, simulazioni ed algoritmi ed è una questione attualmente aperta.

La tabella 2.4 riassume le informazioni sulle caratteristiche costruttive della camera.

Numerosi altri aspetti della camera sono stati presi in considerazione e sono ancora oggetto di studio. Ad esempio è stata studiata accuratamente l'usura (in inglese *aging*) della camera, derivante dal deposito di polimeri organici sui fili che riducono il campo in prossimità del filo, provocando una riduzione del guadagno. Tramite studi compiuti su prototipi dedicati, si è potuto concludere che nel periodo di presa dati previsto le prestazioni della camera non saranno significativamente alterate dall'invecchiamento. I risultati sono mostrati in figura 2.27 (a). È stata inoltre misurata la risoluzione nel piano trasverso attraverso un particolare prototipo (detto "tritubo") ottenendo  $\sigma_x \approx 100 \mu\text{m}$ . I risultati sono mostrati in figura 2.27 (b). È stato infine allestito uno speciale telescopio per raggi cosmici che servirà a testare i prototipi più grandi, equipaggiati con molte celle, su tracce chiaramente identificabili. Una fotografia del telescopio ed un esempio di traccia ricostruita con esso è mostrato in figura 2.28.

Tabella 2.4: Caratteristiche della nuova camera a deriva di MEG

| Parametro                         | Valore                                       |
|-----------------------------------|--|
| Composizione del gas              | 90% He - 10% iC <sub>4</sub> H <sub>10</sub> |
| Temperatura del gas               | 293.15 k                                     |
| Pressione del gas                 | 1 atmosfera                                  |
| Raggio interno della camera       | 17 cm  |
| Raggio esterno della camera       | 30 cm  |
| Lunghezza della camera            | 1.8 m  |
| Semilato della cella media        | 3.5 mm                                       |
| Diametro dei fili di senso        | 25 $\mu$ m                                   |
| Diametro dei fili di campo        | 80 $\mu$ m                                   |
| Potenziale dei fili di senso      | 1.25 kV                                      |
| Potenziale dei fili di campo      | 0 V  |
| Campo magnetico massimo (lungo z) | 1.26 T                                       |
| Campo magnetico minimo (lungo z)  | 0.5 T  |

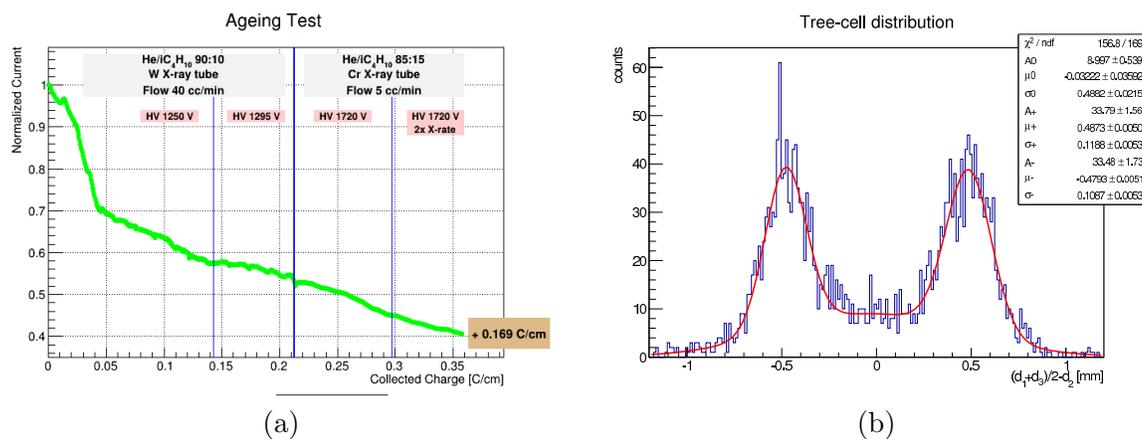


Figura 2.27: Studi su prototipi della nuova camera. (a): variazione della corrente misurata sul filo di senso al variare della carica totale raccolta sui fili. Si prevede che, per l'intera durata dell'esperimento, la carica totale raccolta nel punto di massimo invecchiamento sarà di 0.5 Coulomb. (b): distribuzione del numero di conteggi individuati dal "tritubo" al variare del punto di attraversamento del raggio cosmico (espresso tramite una funzione delle distanze dai tre fili di senso), per la stima della  $\sigma_x$ .

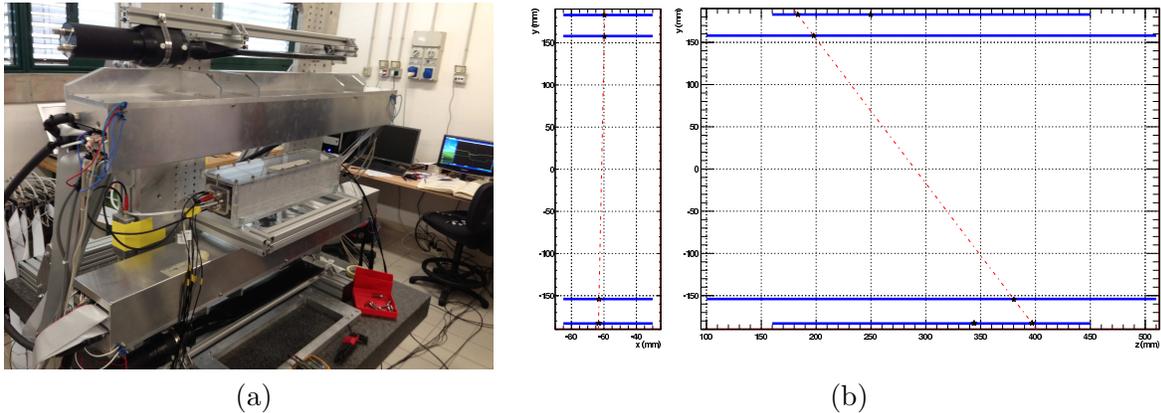


Figura 2.28: Telescopio per raggi cosmici. (a): fotografia dell'apparato. (b): esempio di traccia di un muone cosmico ricostruita con il telescopio

### 2.4.2 Altri miglioramenti

Oltre al miglioramento del sistema di tracciamento, che costituisce il principale elemento di innovazione per MEG, anche le restanti parti dell'esperimento saranno modificate, anche se in maniera meno sostanziale. I miglioramenti del calorimetro, delle barre scintillanti e degli altri elementi sperimentali saranno descritti in questo paragrafo.

#### Miglioramento del TC

Il progetto di miglioramento del TC prevede la sostituzione delle attuali barre scintillanti con un sistema di piastrelle (in inglese *tiles*), posizionate perpendicolarmente ad  $r$  su due supporti semicilindrici, uno in posizione *upstream* ed uno in posizione *downstream*. Le piastrelle saranno costituite da sottili barrette di scintillatore ultraveloce ( $0.3 \div 0.7$  ns), letto da fotomoltiplicatori al silicio (SiPM).

I vantaggi derivanti da questa nuova configurazione sono molti:

- una migliore risoluzione temporale, dovuta sia alla riduzione del cammino percorso dal positrone nell'attraversare la piastrella, sia alla riduzione del percorso che la luce di scintillazione percorre nella piastrella rispetto a quello necessario per raggiungere gli estremi di una barra,
- il fatto che un positrone colpisce più piastrelle, il che consente di eseguire una media su misure temporali ripetute,

- una più facile gestione del *pile up*, che permette di separare più facilmente gli *hit* provenienti da positroni diversi, derivante da una più bassa frequenza di *hit* (circa 1 kHz per fasci d'intensità  $10^8 \mu/\text{sec}$ ),
- la miglior risoluzione spaziale derivante dalla sua maggiore granularità, che permette di ottenere informazioni addizionali sulla traccia,
- la ridotta sensibilità al campo magnetico dei SiPM,
- la maggiore versatilità del rivelatore, che deriva dalla possibilità di spostare o sostituire ogni singola piastrina a seconda delle esigenze.

Nella figura 2.29 è mostrata la struttura complessiva di una delle due metà del nuovo TC

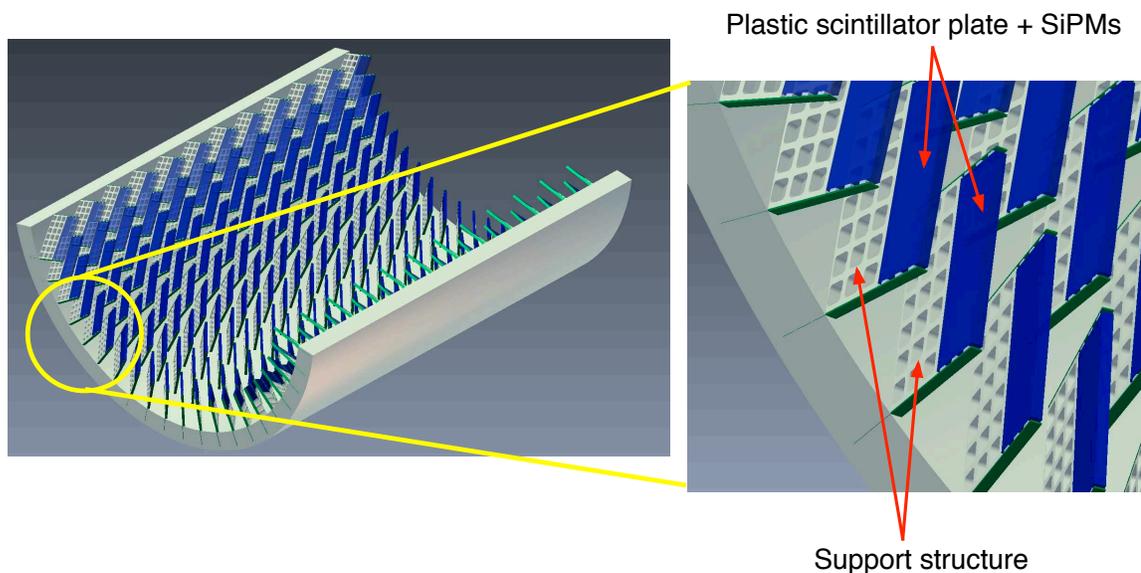


Figura 2.29: Schema di una delle due metà del nuovo TC di MEG. Sono visibili le singole piastrine con le rispettive barrette scintillanti (in azzurro).

ed il particolare della disposizione di un gruppo di piastrine. Una singola piastrina è invece raffigurata nella figura 2.30.

L'esatta forma della piastrina del nuovo TC non è ancora stata completamente ottimizzata. Attualmente si pensa ad una struttura a parallelepipedo di  $30 \text{ mm} \times 90 \text{ mm} \times 5 \text{ mm}$  (spessore). La luce di scintillazione è raccolta da tre SiPM per lato, disposti sui lati più piccoli e collegati in serie, e la misura di tempo è ottenuta tramite una media pesata dei tempi misurati alle due estremità.

Anche la scelta del materiale scintillante è attualmente oggetto di studio. È necessario

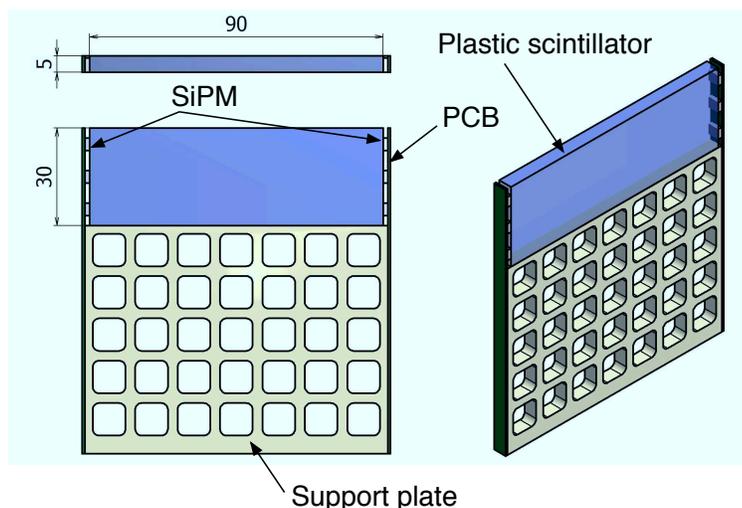


Figura 2.30: Schema di una singola piastrina del nuovo TC.

infatti tener conto della resa di luce, del tempo di salita del segnale, di quello di discesa e dello spettro di emissione. Sono stati considerati il BC-422, BC-418 e BC-420; la scelta dipenderà anche dalla configurazione geometrica finale della singola piastrina.

L'uso dei SiPM è stato deciso in quanto questi particolari fotomoltiplicatori hanno una dimensione ridotta, un elevato guadagno con una bassa fluttuazione, un'elevata efficienza di rivelazione per singolo fotone, un'eccellente risoluzione temporale, un basso rumore interno, una ridotta potenza d'alimentazione e sono praticamente insensibili al campo magnetico.

### Miglioramento del calorimetro

Uno dei fattori che ha contribuito principalmente a limitare le prestazioni dell'attuale calorimetro di MEG è il fatto che la sua faccia interna risulta coperta in modo non completamente uniforme dai fotomoltiplicatori. Infatti i PMT attualmente utilizzati hanno un fotocatodo rotondo di 46 mm di diametro e risultano distanziati di 62 mm l'uno dall'altro, per cui la copertura fotocatodica è circa il 35%. Sia la forma che la disposizione dei fotomoltiplicatori contribuiscono alla disuniformità della copertura, introducendo la fluttuazione sull'efficienza nella raccolta della luce mostrata nella figura 2.31. Come si può osservare, l'efficienza dipende fortemente dalla posizione del vertice d'interazione.

L'aspetto-chiave del miglioramento del calorimetro costituisce nel ridurre questa disuniformità rimpiazzando i PMT della faccia d'ingresso con dei rivelatori più piccoli e di forma quadrata, come mostrato nella figura 2.32. Oltre a risolvere il problema della disuniformità della risoluzione in energia al variare della posizione del vertice, questo miglioramento

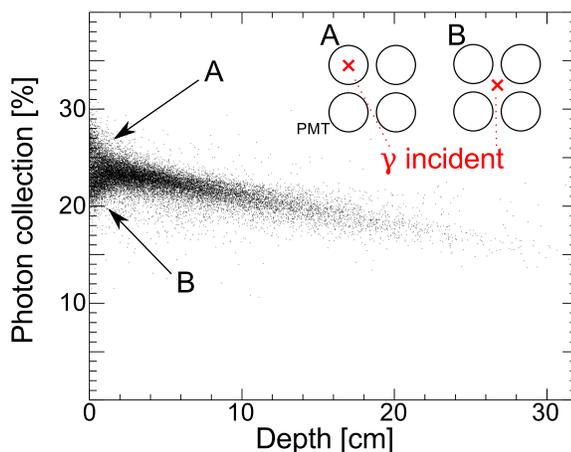


Figura 2.31: Efficienza della raccolta di luce in funzione della profondità del punto d'interazione per l'attuale calorimetro, ottenuta da simulazioni MC. Si noti la forte disuniformità della raccolta di luce vicino al bordo del calorimetro (profondità  $< 2$  cm). Il caso A corrisponde ad un fotone che ha interagito esattamente di fronte ad un fototubo, il caso B ad uno che ha interagito al centro dello spazio fra i quattro fototubi. L'efficienza decresce con la profondità a causa dell'attenuazione della luce.

umenterebbe significativamente la risoluzione nella misura della distribuzione di luce nel calorimetro stesso, che determina la risoluzione nella ricostruzione del punto d'interazione. La figura 2.33 mostra chiaramente quest'effetto. I migliori candidati per il ruolo di piccoli fotomoltiplicatori quadrati sono i già citati SiPM, che sono più sottili dei PMT normali per cui avrebbero l'ulteriore vantaggio di ridurre il volume che il fotone deve attraversare prima di raggiungere lo Xenon, aumentando la trasparenza del calorimetro ai fotoni. A tale scopo è in corso una ricerca che mira a sviluppare SiPM con buona sensibilità per la luce ultravioletta.

Anche le altre facce del calorimetro saranno interessate da un miglioramento, senza tuttavia sostituire i PMT con altri rivelatori, ma semplicemente riposizionando quelli delle facce laterali in modo che risultino paralleli alla superficie della faccia stessa, per evitare le ombre che i PMT più vicini alla faccia d'ingresso proiettano su quelli retrostanti. La figura 2.34 mostra schematicamente questo riallineamento. La stessa figura mostra un ulteriore miglioramento che verrà introdotto, cioè l'aumento dell'accettazione lungo  $z$  della faccia d'ingresso del calorimetro, che sarà di  $\approx 10\%$  su entrambi i lati.

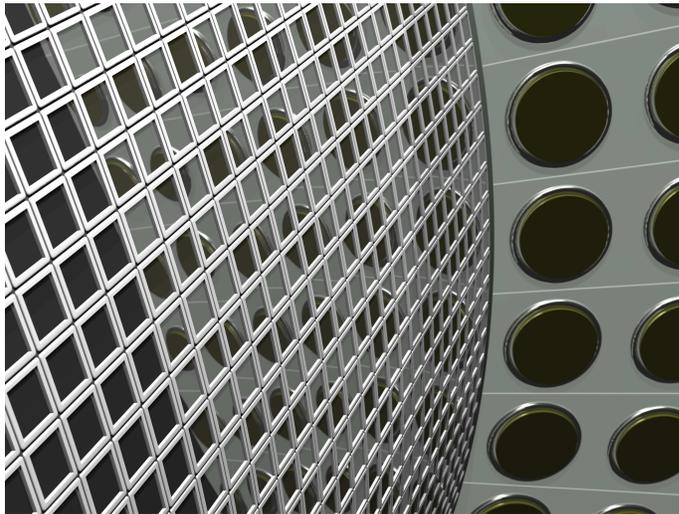


Figura 2.32: Un disegno della nuova faccia interna del calorimetro, coperta da piccoli fotomoltiplicatori quadrati di 12 mm di lato.

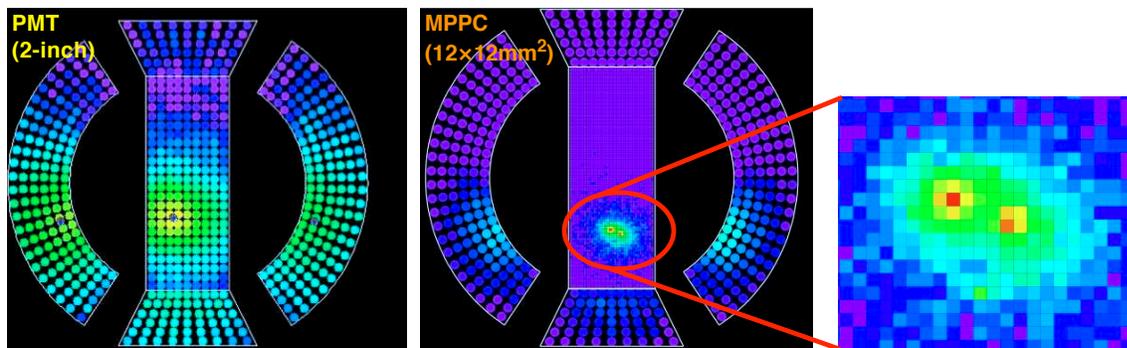


Figura 2.33: Confronto fra la risoluzione nella misura della distribuzione di luce nel calorimetro (e di conseguenza del punto di interazione) per un sistema con PMT rotondi da due pollici e per sensori quadrati da 12 mm di lato. L'evento mostrato è lo stesso. Si noti come nel secondo caso sia possibile distinguere due picchi separati, distinzione che risulta impossibile nel primo caso.

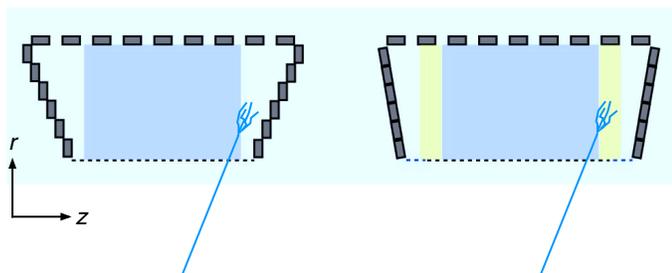


Figura 2.34: A sinistra, l'attuale configurazione dei PMT sulle facce laterali. A destra, la disposizione prevista dopo il miglioramento.

### Altri miglioramenti

Uno degli effetti del miglioramento dei rivelatori sarà la riduzione di  $\delta x$ ,  $\delta y$ ,  $\delta t$  e  $\delta\theta$  che compaiono nella (2.2) e seguenti. Come si deduce quindi dalla (2.3), ricordando che  $f_{e^+} \approx 2\delta x$  e  $f_\gamma \approx (\delta y)^2$ , il risultato complessivo è una riduzione del fondo accidentale. Questo consentirà di incrementare la corrente del fascio, aumentando così il campione e diminuendo il tempo di misura e l'errore statistico sul risultato finale.

È stata anche considerata l'idea di migliorare il bersaglio dell'esperimento passando ad un bersaglio attivo, chiamato *ATAR*, per migliorare la ricostruzione della traccia del positrone tramite la misurazione diretta del vertice del decadimento (almeno in una coordinata). *ATAR* sarebbe costituito da fibre scintillanti, con un'attenta scelta dei parametri costruttivi finalizzata a limitare la diffusione coulombiana multipla del positrone ed evitare la sua annichilazione nel bersaglio. In particolare esso dev'essere molto sottile, costruito con materiale di numero atomico basso ed avere una risposta molto veloce, a causa dell'elevata intensità del fascio di muoni oltre ovviamente ad un'uscita in luce sufficiente a separare il segnale del positrone dal rumore. Studi su prototipi e simulazioni Montecarlo sono in corso per definire la fattibilità, l'utilità, l'efficacia ed il costo di questo eventuale ulteriore miglioramento.

## Capitolo 3

# Identificazione delle tracce

La misurazione del quadrimpulso  $p$  (e quindi dell'energia) del positrone in MEG-2 verrà eseguita, come spiegato nella sezione 2.4.1, tramite una camera a deriva cilindrica e la misura temporale tramite il nuovo TC.

La procedura mediante la quale, a partire dal processo fisico, si ottengono i dati misurati necessari per l'analisi e la ricerca di  $\mu \rightarrow e + \gamma$  può essere divisa in tre fasi distinte:

1. Il passaggio del positrone nella camera provoca una ionizzazione del gas in essa contenuto. I punti in cui la particella ionizza sono chiamati *hit* ed il loro insieme viene comunemente indicato con “traccia”. Gli elettroni liberati durante la ionizzazione vengono trasportati da un campo elettrico verso i fili di senso, dove subiscono un processo di moltiplicazione e generano un segnale in tensione.

Una prima informazione immediatamente disponibile a questo livello è, dunque, quella che indica quali fili sono stati “colpiti” e quindi quali celle sono state attraversate dal positrone; ciò consente di stimare la posizione dell'*hit* nel piano trasverso all'asse della camera.

Una valutazione preliminare della coordinata longitudinale lungo il filo potrebbe essere invece ottenuta con il metodo della divisione di carica, che si basa sul rapporto fra la carica totale raccolta alle due estremità. Infatti, conoscendo le caratteristiche resistive del filo stesso, il rapporto fra il segnale misurato ad un estremo e la somma dei segnali misurati ad entrambi gli estremi è proporzionale alla distanza del punto di rilascio dell'energia dall'estremo opposto. La figura 3.1 riassume la tecnica appena descritta. Tuttavia è attualmente in corso una discussione all'interno della collaborazione se questa strategia possa essere applicata alla nuova DCH e su quale precisione si possa effettivamente raggiungere nel valutare la posizione longitudinale dell'*hit*. È stato condotto uno studio che ha confrontato i risultati ottenuti con questa tecnica sui fili delle vecchie camere di MEG con quelli proposti per la nuova DCH; i risultati sembrerebbero dimostrare che per fili di lunghezza maggiore si ottiene una fluttuazione più piccola nella misura della coordinata longitudinale. L'utilizzo

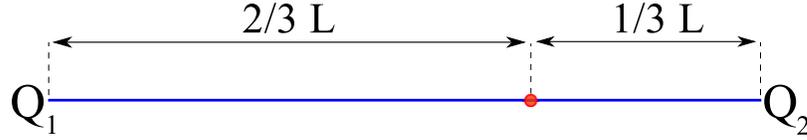


Figura 3.1: Tecnica della divisione di carica. Il punto rosso rappresenta il deposito di carica sul filo (linea blu).  $L$  è la lunghezza totale del filo,  $Q_1$  e  $Q_2$  sono le cariche totali lette alle due estremità, ottenute integrando le forme d’onda misurate, rispettivamente, a sinistra ed a destra. Nel caso in figura risulterà  $Q_1 = \frac{1}{3}(Q_1 + Q_2)$  e  $Q_2 = \frac{2}{3}(Q_1 + Q_2)$ .

di un’elettronica più veloce, come quella prevista per MEG-2, dovrebbe consentire di migliorare ulteriormente il risultato, riducendo l’incertezza a meno di 10 cm. È stato inoltre proposto di sfruttare la differenza del tempo di arrivo del segnale alle due estremità al posto della divisione di carica; alcuni studi basati sulle camere di MEG hanno dato risultati promettenti.

È inoltre in fase di studio un metodo alternativo, che si basa unicamente sulla particolare disposizione “incrociata” (configurazione stereo) dei vari piani di fili senso presenti nella camera. Si noti che, anche nell’ottica di utilizzare comunque la divisione di carica o il tempo di arrivo, questa tecnica sarebbe comunque utile per migliorare la conoscenza della coordinata longitudinale, con un ruolo equivalente alla trama di Vernier delle vecchie camere.

Il passaggio del positrone nelle piastrelle del nuovo TC provoca invece una scintillazione, che viene misurata dai SiPM ad esse collegati. Anche in questo caso l’informazione su quali piastrelle sono state attraversate dal positrone fornisce una valutazione approssimativa della traiettoria della particella.

2. I segnali raccolti vengono digitizzati producendo le forme d’onda (*waveforms*), di cui un esempio è mostrato nella figura 3.2. Le schede elettroniche usate nel processo di digitizzazione (il DRS [32] citato nell’introduzione del capitolo 2) hanno una frequenza di campionamento di 2 GHz. L’elevata sensibilità temporale potrebbe consentire di separare fra loro gli istanti di arrivo dei diversi depositi di ionizzazione prodotti dal positrone nella stessa cella, corrispondenti ai vari picchi della forma d’onda, rendendo eventualmente possibile un’analisi che sfrutti il tempo di deriva non solo del primo deposito, ma anche di tutti i successivi.
3. Ogni forma d’onda individuata sui fili colpiti nella camera viene decodificata in modo da ottenere una migliore conoscenza della posizione di ogni *hit* nel piano trasverso all’asse della cella. La decodifica avviene tramite l’uso di algoritmi e tecniche di calcolo (ad esempio sfruttando la tecnica del *cluster timing* [39] descritto nel paragrafo

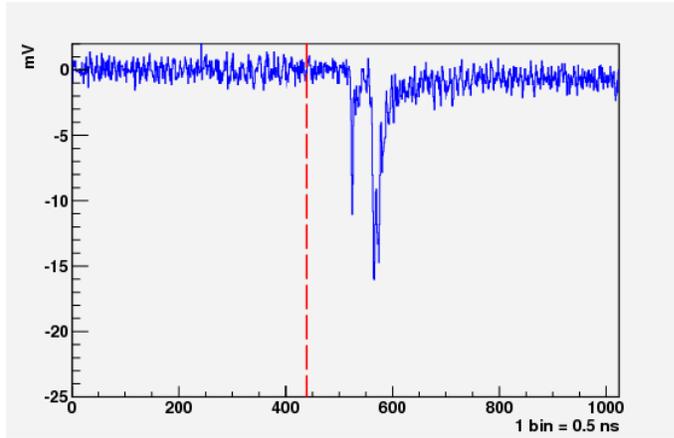


Figura 3.2: Un esempio di forma d'onda, misurata utilizzando il DRS sul primo prototipo di camera a deriva realizzato a Pisa. La linea rossa è l'istante di trigger.

4.3) che forniscono una stima sempre più precisa sulla posizione degli *hit*. Analoghe analisi delle forme d'onda vengono eseguite anche per i segnali del TC.

Come si può notare, la conoscenza della posizione degli *hit* migliora mano a mano che si procede attraverso questi passaggi. In un certo senso, dai dati in uscita al punto 1 si può ottenere una stima grezza della traccia del positrone, che viene migliorata tramite il successivo processo di raffinamento. Questa procedura, tuttavia, richiede un'analisi dettagliata che necessita di un lungo tempo di esecuzione; per questo motivo è interessante cercare di sfruttare il più possibile l'informazione *prompt*, già disponibile al primo livello, in modo da ridurre la quantità e la complessità delle operazioni da svolgere nei livelli successivi.

L'analisi finale dei dati ottenuti attraverso i tre punti ora descritti verrà eseguita da un algoritmo di tracciamento, basato sul *Kalman filter* [40], il quale fornirà tutte le componenti dell'impulso del positrone, servendosi delle informazioni sulla posizione degli *hit*. Tuttavia per una migliore efficacia del *Kalman filter* è utile che gli *hit* vengano preliminarmente raccolti in gruppi, ognuno dei quali dovrebbe contenere tutti quelli prodotti da ogni singolo positrone, tenendoli separati da quelli prodotti dagli altri positroni che hanno attraversato la camera nella stessa finestra di trigger, dando luogo al *pile up*.

Data l'alta intensità del fascio, sia in MEG che in MEG-2 molte particelle possono attraversare la camera entro l'intervallo di tempo in cui i dati sono acquisiti ad ogni trigger. In particolare, considerando una finestra temporale  $\Delta T$  pari a 400 ns, un tasso medio  $R$  di eventi (decadimenti di  $\mu$ ) sul bersaglio  $\approx 7 \times 10^7$  Hz e la frazione  $f$  di questi che ha energia ed angolo tali da dare un segnale nella camera ( $\approx 20\%$ ), il numero medio  $\langle n \rangle$  di tracce per ogni evento è dato da

$$\langle n \rangle = \Delta T \cdot R \cdot f \approx 6 \quad (3.1)$$

La finestra di trigger usata è più piccola di quella del DRS, pari a  $2 \mu\text{s}$ , in modo da ridurre il fondo. Questa può essere scelta poichè il tempo di drift massimo per la ionizzazione all'interno delle celle è di circa 200 ns, di conseguenza selezionando una finestra temporale attorno al tempo di trigger di 400 ns è possibile effettuare una prima scrematura rispetto al numero di hit nell'evento preservando l'efficienza unitaria per la traccia associata al trigger. Fra le  $n$  tracce dell'evento, le uniche che possono essere sfruttate nell'analisi finale per la ricerca di  $\mu^+ \rightarrow e + \gamma$  sono quelle che danno un segnale anche nel TC, pari a circa l'85÷90% delle tracce di segnale ed il 25÷30% delle tracce di Michel emesse nell'accettanza angolare dell'esperimento (vedi sezione 2.3.2) e che producono segnali nella camera<sup>1</sup>. Infatti poichè la camera a deriva è un rivelatore lento e non è in grado di misurare l'istante di passaggio del positrone con la precisione necessaria, il segnale nel TC è indispensabile per poter valutare la differenza temporale  $\Delta t_{e\gamma}$  che, come mostrato nella tabella 2.1, fa parte della segnatura dell'evento di segnale. Le simulazioni Montecarlo mostrano che la probabilità che un positrone di segnale produca qualche *hit* nel TC, nella sua vecchia configurazione a barre scintillanti, si riduce a  $\approx 70\%$  se l'angolo solido viene esteso di  $\pm 10^\circ$  in  $\varphi$  e  $\pm 0.1$  in  $\cos\theta$  per valutare la risposta dell'apparato ai bordi dell'accettanza, come sarà descritto nel paragrafo 3.1.1.

Alla luce di tutto ciò si rende necessario un algoritmo di primo livello che associ fra loro gli *hit* relativi alla stessa traccia, sia nella camera, sia nel TC, sia fra camera e TC, sfruttando dati che possano essere ottenuti rapidamente, senza bisogno di un'analisi approfondita delle forme d'onda (vale a dire che sfrutti soltanto i dati di basso livello che possono essere ricavati direttamente al punto 1, più eventualmente il valore di carica totale raccolta alle estremità del filo e/o l'informazione aggiuntiva che si può dedurre sfruttando la configurazione stereo). D'ora in poi ci si riferirà all'insieme delle operazioni relative a questo algoritmo con l'espressione "identificazione delle tracce" o anche "identificazione del cammino", in inglese *pattern recognition*.

Per costruire, calibrare e valutare l'efficienza dell'algoritmo è necessario generare, tramite una simulazione Montecarlo, dei dati che abbiano una risoluzione il più possibile simile a quella che ci si aspetta nel vero esperimento. Del resto, non avendo fisicamente a disposizione la nuova camera a deriva, che è in fase di realizzazione, questi sono anche gli unici dati disponibili. L'uso di dati simulati richiede di predisporre alcuni passaggi preliminari all'analisi che si occupino sia della generazione vera e propria, sia della trasformazione da informazione "esatta" a dati il più possibile simili a quelli sperimentali in uscita al punto 1 dell'elenco descritto inizialmente. L'uso di eventi simulati presenta un significativo vantaggio: infatti agendo su dati generati al computer si può accedere all'informazione "vera", che può quindi essere usata per calibrare i parametri di analisi e misurare l'efficienza dell'algoritmo.

Uno schema riassuntivo della struttura del software necessario per la generazione dei da-

---

<sup>1</sup>Questi numeri sono stati valutati per le vecchie barre scintillanti e potrebbero variare leggermente per il nuovo TC; inoltre è in corso una discussione riguardo alla possibilità di abbassare il campo magnetico di COBRA, in modo incrementare la frazione di positroni che colpisce il TC.

ti descritti e per la loro successiva analisi è mostrato nella figura 3.3. In particolare si

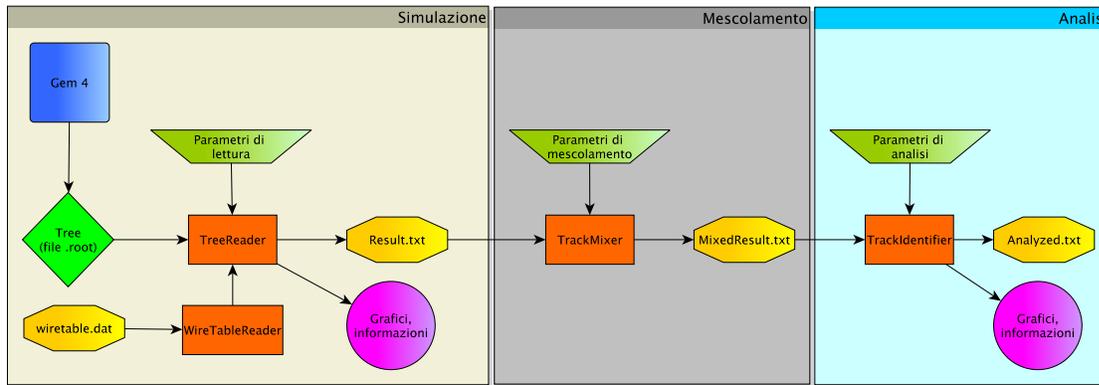


Figura 3.3: Schema riassuntivo del software

può notare come sia possibile dividere il processo in tre sezioni distinte: la simulazione, il mescolamento e l'analisi. La prima sezione è necessaria per generare dei dati Montecarlo, selezionarli, interpretarli e produrre un file che servirà da punto di partenza al passo successivo. La seconda sezione è necessaria per rielaborare e trascrivere questo file, passando da una serie ordinata di tracce Montecarlo fra loro distinte e con *hit* perfettamente conosciuti ad un insieme caotico di dati mischiati, oltre che a cancellare o deteriorare una parte dell'informazione, al fine di ottenere sequenze di misure con incertezze simili a quelli che si otterrebbero nell'esperienza reale. La terza sezione, molto più complessa delle altre due, contiene il vero e proprio algoritmo di identificazione delle tracce, in cui gli *hit* vengono separati e riordinati in gruppi, ognuno dei quali dovrebbe idealmente corrispondere ad una delle tracce inizialmente generate. Quest'ultima è la parte cruciale del codice che, una volta testata e calibrata su dati simulati, dovrebbe essere implementata nel software di analisi di MEG, ulteriormente testata ed utilizzata sui dati reali. Ognuna delle tre sezioni sarà dettagliatamente descritta nei paragrafi seguenti in cui si farà uso dei nomi dei codici mostrati in figura 3.3: *TreeReader*, *TrackMixer* e *TrackIdentifier*.

La struttura in tre blocchi mostrata in figura 3.3 riproduce quella generale del software di MEG [41], dove la parte di simulazione è effettuata da un programma chiamato GEM4, scritto in C++ in ambiente Geant4 [42], quella di mescolamento da un codice chiamato BARTENDER e quella di analisi dal programma ANALYZER. Come sarà mostrato in seguito, il codice è stato sviluppato per lavorare in combinazione con questi programmi.

Nella figura 3.3 i rettangoli arancioni rappresentano i codici da me realizzati (macro C++ destinate all'uso in ROOT [43]), gli ottagoni gialli sono i file di testo in ingresso/uscita da ogni passo, i trapezi verdi sono i parametri di configurazione (*steering parameters*) che, passo per passo, permettono all'utente di modificare alcuni aspetti dell'esecuzione ed i cer-

chi viola rappresentano le uscite secondarie (grafici, informazioni su terminale). Per finire, il quadrato blu ed il rombo verde sono rispettivamente la simulazione GEM4 e la sua uscita realizzati dal gruppo di MEG.

In tutto il capitolo verranno utilizzate queste convenzioni, simili a quelle già usate nel capitolo 2:

1. l'origine degli assi è posta al centro del bersaglio, che si trova a sua volta al centro del magnete COBRA;
2. le coordinate usate più spesso saranno cartesiane, una terna  $x, y, z$  destrorsa, in cui l'asse  $z$  è l'asse del fascio, orientato nella direzione del fascio stesso ed il piano  $(x, y)$ , perpendicolare a  $z$ , è tale che l'asse  $y$  è verticale e diretto dal basso verso l'alto. Conseguentemente l'asse  $x$  passa per il centro del calorimetro ed è orientato nella direzione che, partendo dall'origine, si allontana dal calorimetro stesso. Per distinguere le coordinate cartesiane degli *hit* della camera da quelle degli *hit* nel TC, si useranno le lettere minuscole  $x, y, z$  per le prime e le lettere maiuscole  $X, Y, Z$  per le seconde;
3. oltre alla terna cartesiana  $x, y, z$  talvolta si utilizzeranno anche coordinate cilindriche  $r, \varphi, z$ : l'angolo  $\varphi$  giace nel piano  $x, y$  e cresce ruotando in senso antiorario a partire dal semiasse positivo delle ascisse. Infine, occasionalmente, si farà anche uso di coordinate sferiche  $R, \theta, \varphi$ , dove  $\theta$  indica l'angolo zenitale fra il vettore  $\vec{R}$  e l'asse del fascio (asse  $z$  del sistema cartesiano).

Infine verrà utilizzata la seguente nomenclatura:

**Hit:** con questo termine si intende il rilascio di un deposito di ionizzazione da parte del positrone (nella camera) o una scintillazione (nel TC); talvolta il termine potrà anche essere usato, in modo leggermente improprio, per riferirsi al punto in cui avviene tale rilascio. A partire dal paragrafo 3.3 si intenderà invece il valore stimato della sua posizione, ottenuto dai dati raccolti prima dell'analisi approfondita delle forme d'onda: nel caso della camera la sua posizione nel piano trasverso sarà stimata solo in base alla cella colpita, nel caso del TC sfruttando la posizione media all'interno della piastrina, pesata con l'energia depositata. Tutte le ionizzazioni prodotte dall'attraversamento di un positrone in una singola cella della camera corrispondono quindi ad un singolo *hit* e lo stesso vale per tutte le scintillazioni prodotte dall'attraversamento di un positrone in una singola piastrina del TC. Con *G4hit* si intende un *hit* prodotto dalla simulazione in ambiente Geant4, avente alcune particolari caratteristiche che saranno discusse più avanti. Tutti gli *hit* considerati in questo capitolo sono, in realtà, *G4hit*.

**Traccia:** con questo termine si intende la traiettoria percorsa dal positrone, sia nella camera, sia nel TC. La traccia può essere considerata come un insieme di *hit*. Nel contesto di una simulazione ogni traccia corrisponde ad un singolo positrone simulato; per questo motivo, si userà talvolta il termine "positrone" come sinonimo di traccia.

**Giro:** si tratta del numero che indicizza le spiralizzazioni che ogni positrone compie (a causa del campo magnetico di COBRA) prima di abbandonare definitivamente il volume sensibile della camera o del TC. In media, grazie agli accorgimenti descritti nel paragrafo 2.3.2, un positrone di segnale compie due giri, il secondo dei quali incompleto, prima di uscire dalla zona di tracciatura. Si noti che accade frequentemente che positroni di segnale, uscenti con elevato impulso trasverso, escano radialmente dal volume della camera al primo giro, raggiungano talvolta il TC e rientrano nel volume sensibile. Questi due passaggi, detti anche “frammenti”, vengono considerati come appartenenti allo stesso giro. La figura 3.4 mostra uno di questi casi.

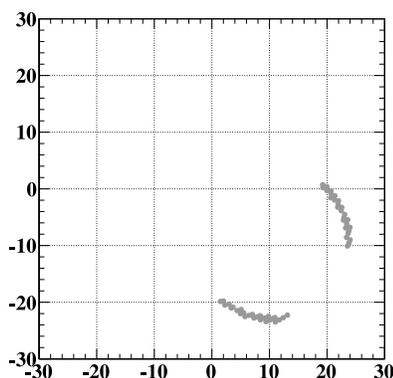


Figura 3.4: Un esempio di porzione di traccia di un positrone che esce radialmente dal volume sensibile della camera per poi rientrare, proiettata sul piano  $(x, y)$ . I punti grigi rappresentano la posizione degli *hit*. Seppure geometricamente sconnessa e separata in due frammenti, questa è considerata un’unica porzione di traccia, che il programma *TrackIdentifier* (vedi figura 3.3) dovrà essere in grado di unire.

**Porzione:** con questo termine si intende la parte di una traccia relativa allo stesso giro del positrone. Dunque la prima porzione di una traccia contiene tutti gli *hit* prodotti da quel positrone nel primo giro, la seconda porzione tutti gli *hit* prodotti nel secondo giro e così via. Naturalmente una traccia è l’unione di tutte le porzioni di cui è composta. Si noti che quella presentata nella figura 3.4 è un’unica porzione di traccia divisa in due frammenti, in quanto si tratta dello stesso positrone nell’ambito dello stesso giro. Come si vedrà molto dettagliatamente più avanti, il *TrackIdentifier* dovrà essere in grado di unire non solo tutti gli *hit* di ognuno dei due frammenti fra loro, ma anche i due frammenti in un’unica porzione.

**Evento:** con questo termine si intende l'insieme di tracce che vengono rivelate ad ogni trigger sperimentale, vale a dire che ricadono all'interno della finestra temporale di analisi. Questo numero varia secondo una distribuzione di probabilità poissoniana con media  $\approx 6$ , come indicato nella (3.1). Nel contesto di una simulazione i dati prodotti da tutti gli eventi sono salvati in un albero ROOT.

La figura 3.5 mostra un esempio di traccia e riassume questi concetti.

## 3.1 Simulazione

La prima sezione consiste nella produzione, lettura e preparazione nei formati appropriati dei dati Montecarlo. Il primo di questi compiti è svolto dalla simulazione Montecarlo sviluppata dalla collaborazione MEG (più l'eventuale uso del programma BARTENDER), i successivi dal codice *TreeReader*.

### 3.1.1 GEM4 e Tree

Nel software di MEG esiste una simulazione completa dell'esperimento chiamata GEM, scritta utilizzando l'ambiente Geant3 [44], nella quale è però implementata solo l'attuale configurazione sperimentale. Una versione aggiornata del Montecarlo di MEG consente di gestire la nuova camera a deriva cilindrica e gli altri miglioramenti previsti per l'apparato. Questa seconda simulazione, chiamata GEM4, è scritta in C++ in ambiente Geant4 ed è utilizzata per questo lavoro di tesi.

Un esempio della simulazione di una singola traccia realizzata con GEM4 è mostrata nella figura 3.5. La linea celeste è la traccia del positrone, le linee gialle rappresentano i fotoni (di segnale o di bremsstrahlung).

L'esecuzione della simulazione produce in uscita un *tree* ("albero") in ambiente ROOT, cioè un file in cui i dati sono organizzati in gruppi, chiamati *branch* ("rami"), ed ogni dato (o vettore di dati) appartenente al gruppo è una *leaf* ("foglia") di quel ramo. Ad esempio, tutte le informazioni che riguardano la camera costituiscono un ramo e la coordinata  $x$  di tutti gli *hit* in essa prodotti è una foglia (in questo caso particolare un vettore).

Dal momento che si tratta di un concetto basilare, è importante stabilire subito cosa si intende esattamente quando si parla di  $G4hit$ , vale a dire *hit* nel contesto specifico di GEM4. Geant4 simula una traccia che viene divisa in passi elementari molto brevi in base alla densità del materiale ed alla sezione d'urto dei processi di perdita di energia in quel materiale. Per ognuno di questi passi il programma calcola il rilascio di energia del positrone ed attiva il processo di ionizzazione del gas quando tale energia raggiunge il corrispondente valore di soglia. Per la definizione di un  $G4hit$  si richiedono altre condizioni, come ad esempio una distanza rispetto al  $G4hit$  precedente maggiore di una soglia minima (altrimenti, i due  $G4hit$  sono interpretati come uno solo). Se tutte le condizioni sono superate, il processo viene considerato avvenuto e la posizione del  $G4hit$  risultante viene

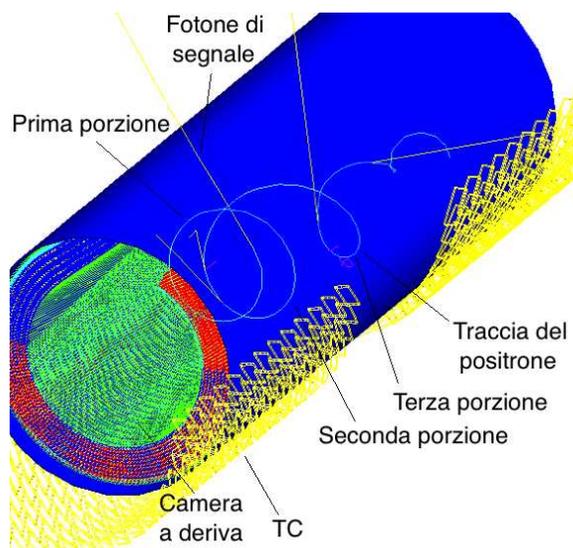


Figura 3.5: Un esempio di simulazione di un positrone nel nuovo MEG realizzata con GEM4

salvata nell'albero. Considerazioni simili valgono anche per i processi di scintillazione che avvengono nelle barre del TC.

In una simulazione con GEM4 l'utente può impostare, oltre alla configurazione geometrica, il numero ed il tipo di particelle da generare nel suo *run* di simulazione. In particolare si possono generare positroni provenienti da un processo di segnale, da un decadimento di Michel, da un decadimento radiativo... In ogni esecuzione può essere selezionato un solo tipo di traccia, ma queste potranno essere mescolate fra loro in un secondo momento utilizzando il programma BARTENDER. In presenza di più tracce (se si sta cioè simulando un *pile up*), tutte le informazioni vengono scritte nel medesimo albero, ma tramite il numero di traccia le informazioni relative a positroni diversi sono univocamente identificate.

Un'altra scelta lasciata all'utente è l'intervallo angolare ( $\theta, \varphi$ ) di emissione del positrone, cioè l'accettanza angolare dell'esperimento. Esistono tre possibili impostazioni:

1. l'"intervallo d'interesse" (in inglese *interest range*)
2. l'"intervallo esteso" (in inglese *extended range*)
3. l'angolo solido completo (in inglese *isotropic range*)

Il primo intervallo, definito da  $0.08 < |\cos(\theta)| < 0.35$  e  $-\frac{\pi}{3} < \varphi < \frac{\pi}{3}$ , produce tracce di positroni che se emesse in un decadimento  $\mu \rightarrow e + \gamma$  avrebbero un fotone corrispondente entro l'accettanza del calorimetro. Questi positroni risentono in misura minore degli

effetti di bordo sui rivelatori e producono almeno un *hit* sul TC nel 85÷90% dei casi se si tratta di tracce di segnale e nel 25÷30% dei casi se si tratta di positroni provenienti da un decadimento di Michel; questi valori sono stati misurati per la vecchia configurazione del TC e l'attuale campo magnetico di COBRA ma per il nuovo TC e per piccole variazioni del campo magnetico non ci si attende che cambino significativamente. Questo intervallo, avendo  $|\cos(\theta)| > 0.08$ , ignora tutti i casi di positroni emessi quasi perpendicolarmente all'asse  $z$  che compiono un maggior numero di spiralizzazioni all'interno della camera e spesso attraversano almeno due volte il bersaglio. Il secondo intervallo, definito da  $0.0 < |\cos(\theta)| < 0.45$  e  $-\frac{7}{18}\pi < \varphi < \frac{7}{18}\pi$ , produce tracce che risentono maggiormente degli effetti di bordo ed è utilizzato quindi prevalentemente per studi di efficienza. La probabilità che questo tipo di positroni dia *hit* nel TC scende a circa il 70% per le tracce di segnale (di nuovo, si tratta di un numero misurato per il vecchio TC). Generando positroni senza “angoli ciechi” in  $\theta$  non si introduce nessuna distorsione per cui, per sviluppare l'algoritmo di identificazione delle tracce, si è scelto di adoperare l'intervallo esteso nella generazione di positroni di segnale. Il terzo intervallo, infine, genera positroni distribuiti casualmente su tutto l'angolo solido e risulta particolarmente utile per la generazione del fondo introdotto dai positroni di Michel.

Conoscere da quale positrone sono stati prodotti gli *hit* è chiaramente cruciale per valutare la qualità dell'algoritmo di identificazione delle tracce, ed essenziale per calibrarne i parametri; sarà perciò fondamentale confrontare le associazioni proposte dal *TrackIdentifier* con la verità Montecarlo, cioè l'informazione “vera” prodotta dalla simulazione. In particolare, se tutti e soli gli *hit* prodotti dal positrone  $n$ -esimo saranno raggruppati dall'algoritmo di pattern recognition *TrackIdentifier* nello stesso insieme, e se questo avverrà per ogni positrone generato, sia per la camera che per il TC, l'efficienza dell'analisi sarà del 100%. Per ogni *hit* che sarà invece confuso con quelli generati da una traccia diversa o che non sarà associato a nessuna traccia quest'efficienza calerà. L'indice della traccia originale da cui proviene ogni singolo *hit* sarà quindi conservato ad ogni passaggio.

Esiste inoltre un'apposita foglia dove viene scritto l'indice di giro di ogni positrone, che consente di separare fra loro le varie porzioni di ogni traccia. Come sarà descritto più dettagliatamente in seguito, anche la separazione delle singole porzioni è un aspetto da tenere in considerazione per cui anche quest'indice sarà conservato.

Gli algoritmi che verranno descritti (*TreeReader*, *TrackMixer* e *TrackIdentifier*) sono stati verificati su numerosi alberi, alcuni dei quali prodotti direttamente da GEM4 ed altri processati successivamente con BARTENDER, il software di mescolamento di MEG, al fine di generare eventi misti di segnale e Michel. Sono stati generati alberi relativi sia ad eventi a traccia singola (di segnale), sia casi con *pile up*. Questo secondo tipo di alberi contiene una traccia di segnale (positroni da  $\approx 52.83$  MeV all'interno dell'intervallo esteso di accettazione geometrica dell'esperimento), unita ad alcune tracce di Michel generate isotropicamente in un numero che fluttua secondo la statistica di Poisson, come avviene nell'esperimento reale.

### 3.1.2 TreeReader

L'accesso alle informazioni salvate nell'albero avviene tramite un primo algoritmo chiamato *TreeReader*, che estrae i dati, li elabora come sarà descritto in seguito e li riscrive in un file di testo che sarà utilizzato dai programmi successivi. In particolare, il *TreeReader* accede ai rami della camera a deriva e del TC: dal primo estrae i dati contenuti nelle foglie relative all'indice della traccia che ha prodotto gli *hit*, alla loro posizione "vera"  $x, y, z$ , all'indice del filo che ha registrato il segnale ed all'indice di giro nell'ambito del quale sono stati prodotti; dal secondo, per ogni piastrina, i dati sulla posizione media  $\bar{X}, \bar{Y}, \bar{Z}$  dei processi di scintillazione in quella piastrina, pesata con l'energia rilasciata, e l'istante medio  $\bar{t}$  di tali processi.

Per i dati del TC non viene svolta nessuna particolare operazione, per cui vengono trascritti direttamente nel file in uscita. Per quelli della camera, invece, è necessaria una piccola elaborazione al fine di rendere l'informazione il più possibile simile a quella sperimentale di primo livello. In particolare, a partire dall'indice del filo colpito e dalla posizione dell'*hit* vengono determinate (con l'ausilio della libreria `WireTableReader.h`, che sarà descritta successivamente in un sottoparagrafo dedicato) le coordinate  $(x_w, y_w, z_w)$  del punto sul filo stesso più vicino all'*hit*, verso cui si sposteranno gli elettroni prodotti dalla ionizzazione del gas. Tale punto rappresenta la migliore approssimazione possibile della posizione dei vertici di ionizzazione avvenuti nella cella quando si ha a disposizione solo l'informazione sull'indice del filo colpito.

Tuttavia, affinché tale punto possa essere individuato e misurato, non è sufficiente sapere quale filo è stato "toccato" dalla traccia, ma anche in quale posizione lungo il filo stesso è stato prodotto il segnale. Ciò significa che per determinare il punto sul filo che rappresenta l'*hit* bisogna conoscerne la coordinata longitudinale. Tale coordinata sarà affetta da un'incertezza che dipenderà in generale dal metodo usato per determinarla (ad esempio con la divisione di carica). Per tenere conto di ciò, il punto  $(x_w, y_w, z_w)$  viene spostato avanti o indietro, lungo la direzione del filo, di una lunghezza estratta secondo una distribuzione gaussiana. Il risultato di questa proiezione sarà indicato con la tripletta  $(\tilde{x}, \tilde{y}, z_{exp})$  che rappresenta la stima della posizione dell'*hit* ottenibile prima della decodifica completa della forma d'onda. La figura 3.6 riassume questa procedura. La deviazione standard della gaussiana sarà indicata con  $\sigma_z$  anche se, propriamente, il filo non è allineato con tale asse; si tratta quindi di una notazione imprecisa, ma comoda. La quantità  $\sigma_z$  dev'essere stabilita dall'utente nel momento in cui lancia il *TreeReader* ed è uno dei parametri più importanti da considerare durante l'analisi. Si noti infatti come l'errata valutazione della coordinata longitudinale introduce non solo, com'è facile intuire, un errore lungo  $z$ , ma anche sulle coordinate trasverse in quanto, come già sottolineato, i fili della camera non sono allineati con gli assi cartesiani a causa della loro disposizione stereo, ma formano un angolo medio di  $\pm 8^\circ$  con l'asse della camera. Approssimativamente si ha  $\sigma_x^2 = \sigma_y^2 \approx (0.35)^2 + (\sigma_z \sin 8^\circ)^2$ , dove 0.35 è metà del lato di una cella e rappresenta l'incertezza dovuta all'aver approssimato la posizione dell'*hit* con quella del filo. Si noti come una  $\sigma_z$  di 10 cm possa provocarne

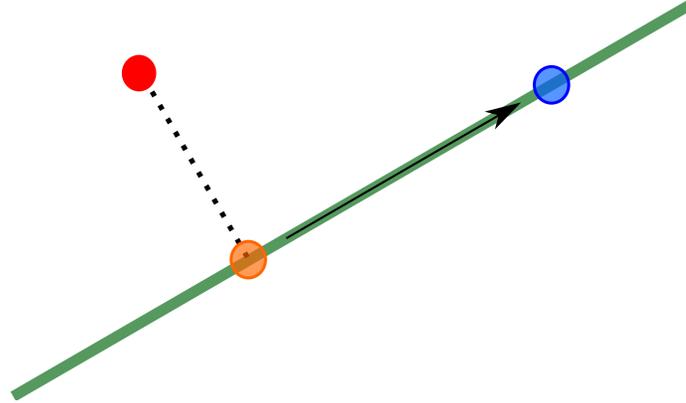


Figura 3.6: Procedura per trasformare un *hit* “vero” in uno “sperimentale” con un livello di informazione simile a quello dei dati grezzi. L’*hit* vero (punto rosso di coordinate  $(x, y, z)$ ) viene proiettato sul filo (linea verde) nel punto più vicino (punto arancione di coordinate  $(x_w, y_w, z_w)$ ). Si sposta poi il punto lungo il filo di una quantità aleatoria distribuita gaussianamente con deviazione standard  $\sigma_z$  (freccia nera); il punto “sperimentale” avrà coordinate  $(\tilde{x}, \tilde{y}, z_{exp})$  (punto blu).

una sulle coordinate trasverse  $> 1.4$  cm, pari alla dimensione di ben due celle. Sarà quindi cruciale, nell’esperimento, cercare di ottenere la migliore stima possibile della coordinata longitudinale, possibilmente sfruttando fin da subito sia il metodo della divisione di carica o della differenza temporale che quello dell’incrocio dei fili. Nel contesto di questa tesi ci si soffermerà principalmente sul variare delle prestazioni dell’algoritmo di ricostruzione delle tracce al variare di  $\sigma_z$ . A questo scopo sono infatti stati prodotti ed analizzati vari file, che prendono in considerazione tre possibili valori per  $\sigma_z$ : 1 cm, 5 cm e 10 cm.

Anche sulla misura di tempo nel TC viene simulato un errore in modo simile a quanto appena descritto per la  $z_{exp}$  nella camera, usando come deviazione standard il parametro `TsmearingTC` (fissato a 100 ps); il valore così ottenuto è chiamato  $t_{exp}$ . Non viene invece simulato alcun errore sulle coordinate cartesiane, in quanto le dimensioni della piastrina sono molto ridotte e le coordinate degli *hit* nel TC non saranno utilizzate per eseguire fit nella fase di analisi, ma solo per raggrupparli in base alla distanza, come sarà illustrato nel paragrafo 3.3.

Il programma *TreeReader* produce in uscita un file di testo, con nome specificato dall’utente, nel quale sono trascritte le informazioni reali: a questo livello si è ancora in fase di simulazione e non ancora di mescolamento, per cui l’informazione reale deve essere conservata. Riassumendo, il file di testo conterrà:

- Il numero totale di positroni (tracce) prodotti.

- Per ogni positrone (traccia):
  - l'indice della traccia
  - il numero totale di *hit* nel TC,
  - il numero totale di *hit* nella camera.
- Per ogni piastrina colpita nel TC:
  - le coordinate medie  $\bar{X}, \bar{Y}, \bar{Z}$  pesate con l'energia,
  - il tempo medio  $\bar{t}$ ,
  - il tempo  $t_{exp}$ .
- Per ogni *hit* nella camera:
  - le coordinate reali  $x, y, z$ ,
  - le coordinate lungo la direzione del filo, tenendo conto della risoluzione  $\tilde{x}, \tilde{y}, z_{exp}$ ,
  - l'indice del piano del filo colpito,
  - l'indice del filo colpito all'interno del piano,
  - l'indice di giro del positrone.

### La libreria `WireTableReader.h`

La libreria `WireTableReader.h` definisce la classe di supporto `WireTable`. Questa classe ha quattro metodi *public*: `ReadTheTable`, `FindPoint`, `GetWirePlane` e `GetWireNumber`.

Il primo metodo serve a leggere una tabella (il cui nome è specificato come parametro di configurazione) che contiene le informazioni sulla disposizione dei fili di senso; in particolare contiene, filo per filo, il suo indice, la sua posizione  $x, y$  a  $z = 0$ , i suoi angoli stereo ed alcune informazioni ausiliarie, utili per i controlli sul funzionamento del processo di lettura. `FindPoint` può essere richiamato, una volta che la tabella è stata caricata, tramite `ReadTheTable`. Fornendo in ingresso l'indice del filo colpito, le coordinate dell'*hit* ed una  $\sigma_z$ , la funzione restituisce in uscita le coordinate  $\tilde{x}, \tilde{y}, z_{exp}$ , trovando il punto appartenente al filo indicato più vicino all'*hit* e successivamente applicando la fluttuazione gaussiana con media 0 e deviazione standard  $\sigma_z$  precedentemente descritta.

I metodi `GetWirePlane` e `GetWireNumber` restituiscono, una volta fornito l'indice di filo, il suo indice di piano (da 0 a 9 nell'attuale geometria) ed il suo indice all'interno del piano (da 0 a 127 nell'attuale geometria). Queste informazioni addizionali saranno trascritte nel file di testo in uscita dal `TreeReader` e saranno utili in fase di analisi, in quanto si può osservare che *hit* successivi appartenenti alla stessa porzione di traccia non possono colpire fili con indici troppo diversi sia nello stesso piano che, in misura minore, su piani vicini dello stesso tipo (pari se il piano considerato è pari, dispari se il piano è dispari). Perciò, anche

per valori di  $\sigma_z$  relativamente alti (10 cm), sarà possibile utilizzare questa informazione per separare una traccia (o meglio una porzione di traccia) dalle altre.

L'uso della libreria *WireTableReader.h* si rende necessario in quanto, nel già citato processo di perdita di informazione operato in fase di mescolamento, le informazioni reali sugli *hit* andranno perdute e saranno conservate solo le posizioni (e gli indici) dei fili colpiti. Si tratta naturalmente di una stima estremamente grezza della posizione degli *hit*, molto peggiore di quella che si otterrebbe tenendo in considerazione il tempo di deriva ed una stima accurata della coordinata longitudinale, ma è anche un'informazione ottenibile con estrema rapidità e senza bisogno della decodifica completa delle forme d'onda, cioè esattamente il tipo di dato utile come ingresso al processo di identificazione delle tracce.

L'uso della libreria *WireTableReader.h* è preferibile, rispetto ad una brutale introduzione "a mano" nel codice delle coordinate dei fili, in quanto la geometria della camera per MEG migliorato non è ancora definitivamente fissata. Se, in fase di progettazione, la disposizione dei fili venisse modificata, nessuna parte del codice dovrebbe essere cambiata, ma sarebbe sufficiente fornire al metodo *ReadTheTable* una diversa tabella. Del resto, anche in fase di analisi, sono state testate due possibili geometrie senza riscontrare, peraltro, apprezzabili differenze in fase di identificazione delle tracce.

Infine l'uso di una libreria ha vantaggi, oltre che di versatilità, anche di eleganza strutturale e portabilità del codice.

### Outputs secondari

Oltre alla generazione del file di testo, il programma *TreeReader* può anche produrre diversi output secondari sotto forma di grafici, istogrammi etc, che possono aiutare l'utente a visualizzare i dati scritti nel file di testo.

L'esecuzione della macro fornisce immediatamente alcune informazioni di base, come il numero di *hit* nella camera e di piastelle colpite nel TC nell'evento letto. Possono inoltre essere visualizzate le tre proiezioni sui piani  $(x, y)$ ,  $(z, x)$  e  $(z, y)$  della camera che includono, oltre alle posizioni  $x, y, z$  degli *hit* nella camera, anche la posizione  $(\tilde{x}, \tilde{y}, z_{exp})$  dei fili colpiti e la posizione  $\bar{X}, \bar{Y}, \bar{Z}$  media (pesata con l'energia) su ogni piastrella colpita del TC. Viene anche generata una proiezione sul piano  $(z, r)$ . Questi grafici, nel caso di un positrone di segnale mescolato a sei di Michel con  $\sigma_z = 1$  cm e  $\sigma_z = 10$  cm, sono mostrati rispettivamente nelle figure 3.7 e 3.8.

I cerchi colorati in tutti i grafici rappresentano le posizioni reali degli *hit* nella camera ed il colore varia a seconda della porzione di traccia alla quale appartengono (dunque, colori diversi corrispondono a tracce diverse o a giri diversi della stessa traccia), le stelline nere sono le coordinate  $(\tilde{x}, \tilde{y}, z_{exp})$  sui fili, le crocette nere sono invece gli *hit* nel TC, posizionate nel punto  $\bar{X}, \bar{Y}, \bar{Z}$  medio di ogni piastrella.

Gli estremi dei grafici sui piani  $(z, x)$  e  $(z, y)$  sono le dimensioni della camera ( $x$  ed  $y$  compresi fra -30 cm e 30 cm,  $z$  fra -90 cm e 90 cm), per cui, talvolta, gli *hit* del TC sono fuori dai bordi; se, per effetto di una  $\sigma_z$  elevata, questo capita ad un *hit* nella camera, il programma

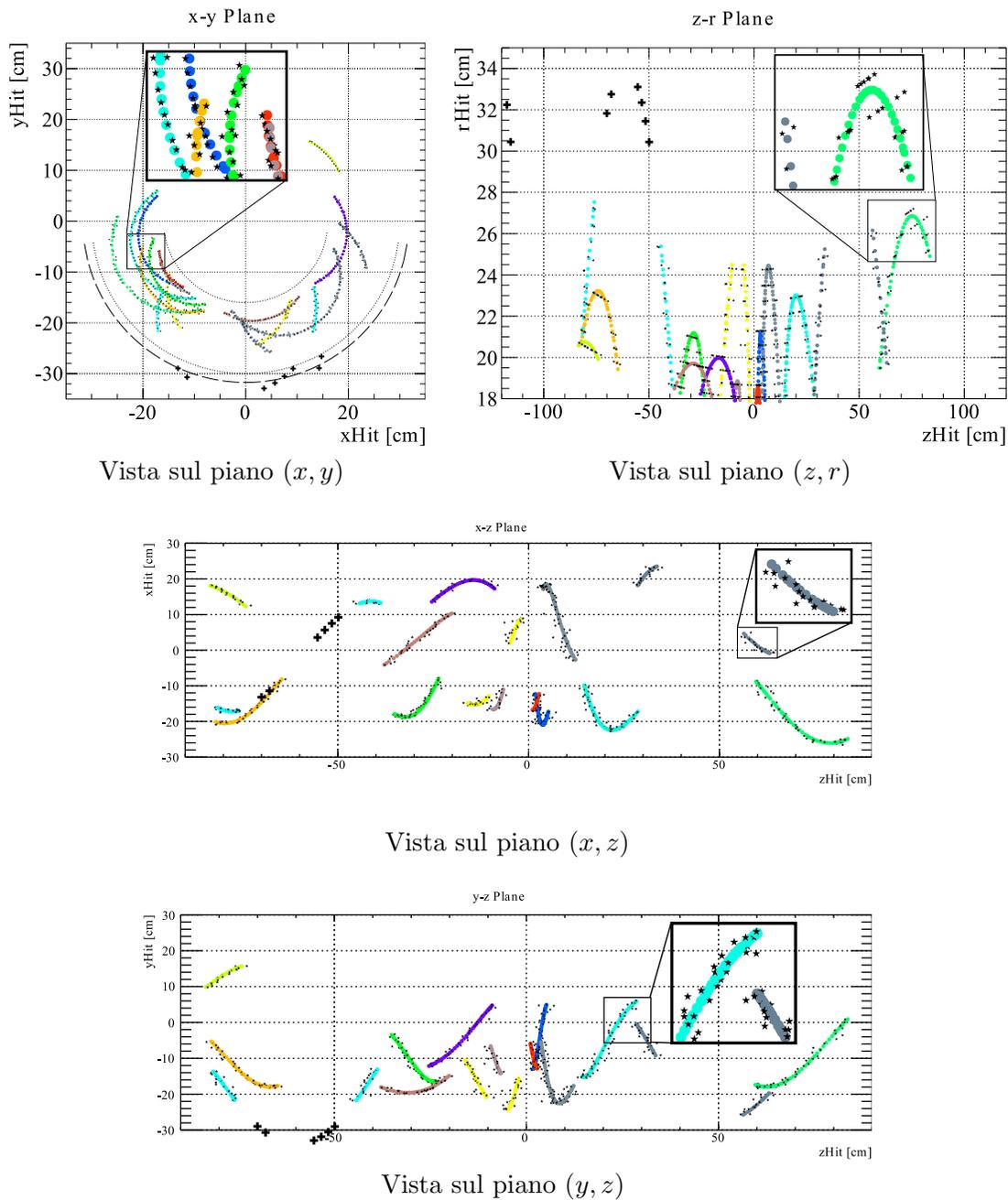


Figura 3.7: Proiezioni su vari piani di un evento con una traccia di segnale mescolata con 6 tracce di Michel, con  $\sigma_z = 1$  cm. Ogni colore rappresenta una diversa porzione di traccia mentre le stelline e le crocette nere rappresentano, rispettivamente, gli *hit* sui fili dopo la rielaborazione compiuta dal *TreeReader* e quelli medi per ogni piastrina nel TC. Nei riquadri, zoom di alcune parti della traccia.

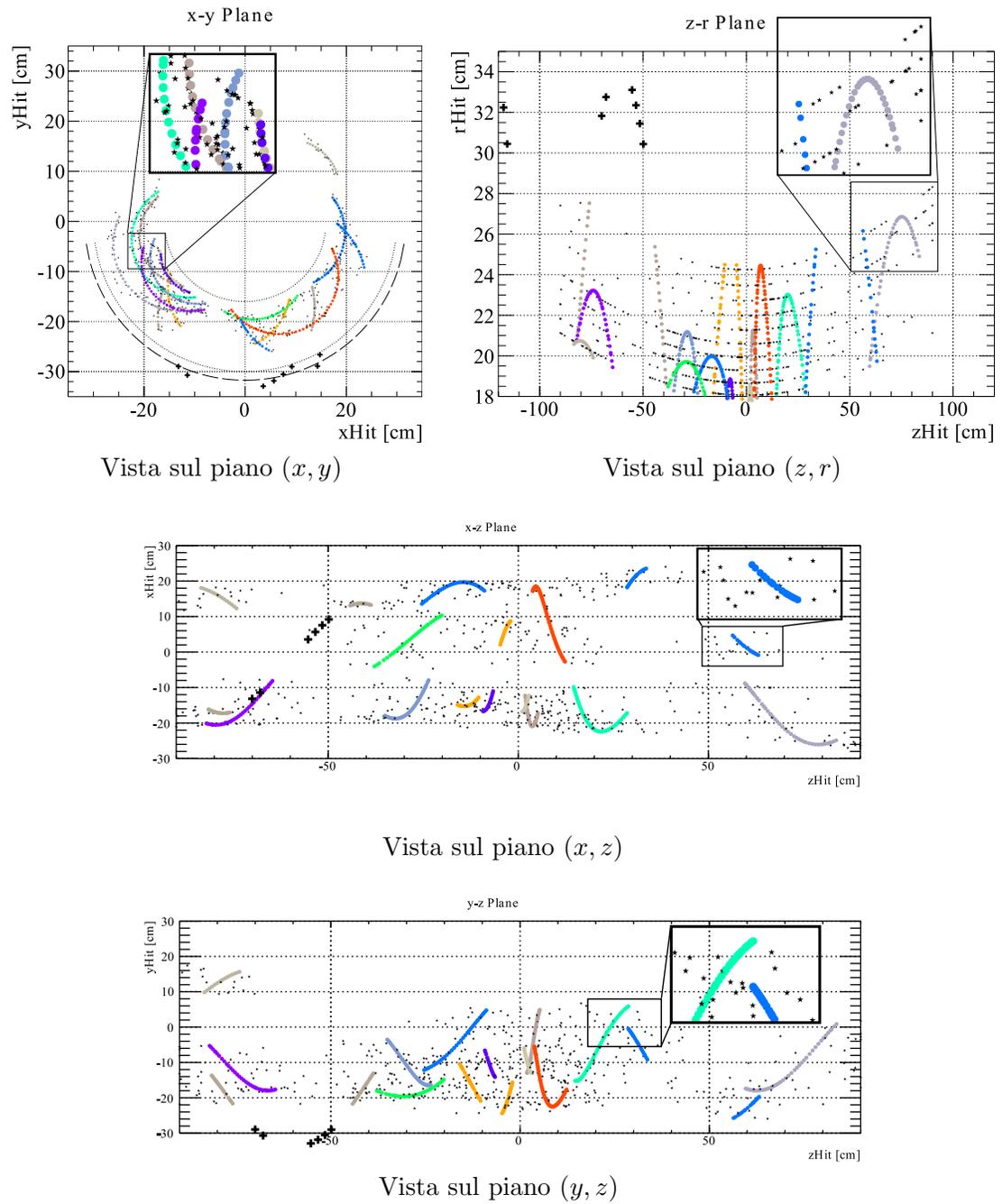


Figura 3.8: Lo stesso evento della figura 3.7, ma con  $\sigma_z = 10$  cm.

lo forza nella posizione estrema. Le pareti della camera sono invece rappresentate con linee tratteggiate nel piano  $(x, y)$  mentre la linea con tratteggio marcato in questo grafico mostra la posizione radiale media delle piastrelle TC.

Vengono anche prodotti alcuni istogrammi, visibili nella figura 3.9 per il caso mostrato in figura 3.7 ( $\sigma_z = 1$  cm) che forniscono alcune informazioni aggiuntive, sono utili come controllo e risultano particolarmente significativi nella fase di scelta ed ottimizzazione dei parametri di analisi. In particolare la figura 3.9 (a) mostra la differenza fra la  $r$  effettiva di ogni *hit* nella camera e quella valutata a partire dalla posizione del filo; come si può notare la distribuzione è sostanzialmente piatta con media nulla, con un profilo decrescente ai bordi, conseguenza dell'errore gaussiano introdotto in precedenza sulla  $z$ .

La figura 3.9 (b) presenta la distribuzione della distanza, sul piano, fra il punto  $(x, y)$  di ogni *hit* ed il relativo punto  $(\tilde{x}, \tilde{y})$  sul filo; la linea rossa è posta alla distanza 3.5 mm fra filo ed *hit* (il semilato della cella media), quella blu a  $(3.5 \times \sqrt{2})$  mm (il raggio della circonferenza circoscritta alla cella media). Gli eventi che cadono fra la linea rossa e quella blu sono prodotti nella zona della cella esterna alla circonferenza in essa inscritta, vale a dire negli angoli; gli eventi oltre la linea blu sono invece prodotti a una distanza superiore di quella dei vertici della cella, ma bisogna ricordare che i fili di campo sono disposti in modo da formare un quadrato di semilato 3.5 mm esclusivamente al centro ( $z = 0$ ), per cui questi *hit* possono essere prodotti negli angoli delle celle più lontane dal centro, che non sono nemmeno esattamente quadrate. Il grafico magenta ad esso sovrapposto rappresenta gli *hit* che hanno dato un segnale nella cella adiacente a quella colpita. Si può notare che esso rappresenta una frazione di circa un terzo degli *hit* compresi fra la linea rossa e la blu (i restanti sono quelli prodotti negli angoli della cella media), e più della metà di quelli oltre la linea blu (i restanti sono quelli prodotti negli angoli delle celle più lontane dal centro).

La figura 3.9 (c) presenta la differenza di indice del filo colpito per *hit* consecutivi prodotti sullo stesso strato (istogramma bianco marcato), o confrontando *hit* della stessa porzione prodotti su due strati pari o dispari. Si può osservare che quando due *hit* consecutivi appartengono allo stesso strato sono sempre univocamente prodotti su due fili adiacenti (almeno per il campione di 100 eventi considerato), e questo non è molto sorprendente. Più interessante è notare cosa accade per coppie di strati entrambi pari o entrambi dispari della stessa porzione. Infatti, nell'attuale geometria, tutti i piani pari hanno uno stesso angolo stereo positivo e tutti quelli dispari negativo, per cui su una coppia di piani pari due fili con lo stesso indice sono all'incirca sullo stesso asse radiale, mentre il filo che giace fra loro sul piano intermedio sarà diverso al variare di  $z$ . Come si può notare la distribuzione ha un picco ad una differenza pari a 2 ed ha una lunga coda per differenze maggiori di 6. Questo può essere spiegato pensando al fatto che in questo caso non si stanno prendendo solo *hit* consecutivi, ma si stanno considerando tutte le possibili coppie formate da *hit* su piani diversi: la distribuzione piatta compresa fra 7 e 25 si riferisce ai confronti che coinvolgono parti di traccia quasi parallele ai piani, e quindi coppie di *hit* che possono essere anche molto distanti nello spazio; il picco compreso fra 1 e 5, invece, rappresenta i casi di tracce quasi perpendicolari alla divisione in piani e quindi riguarda *hit* che sono sempre abbastan-

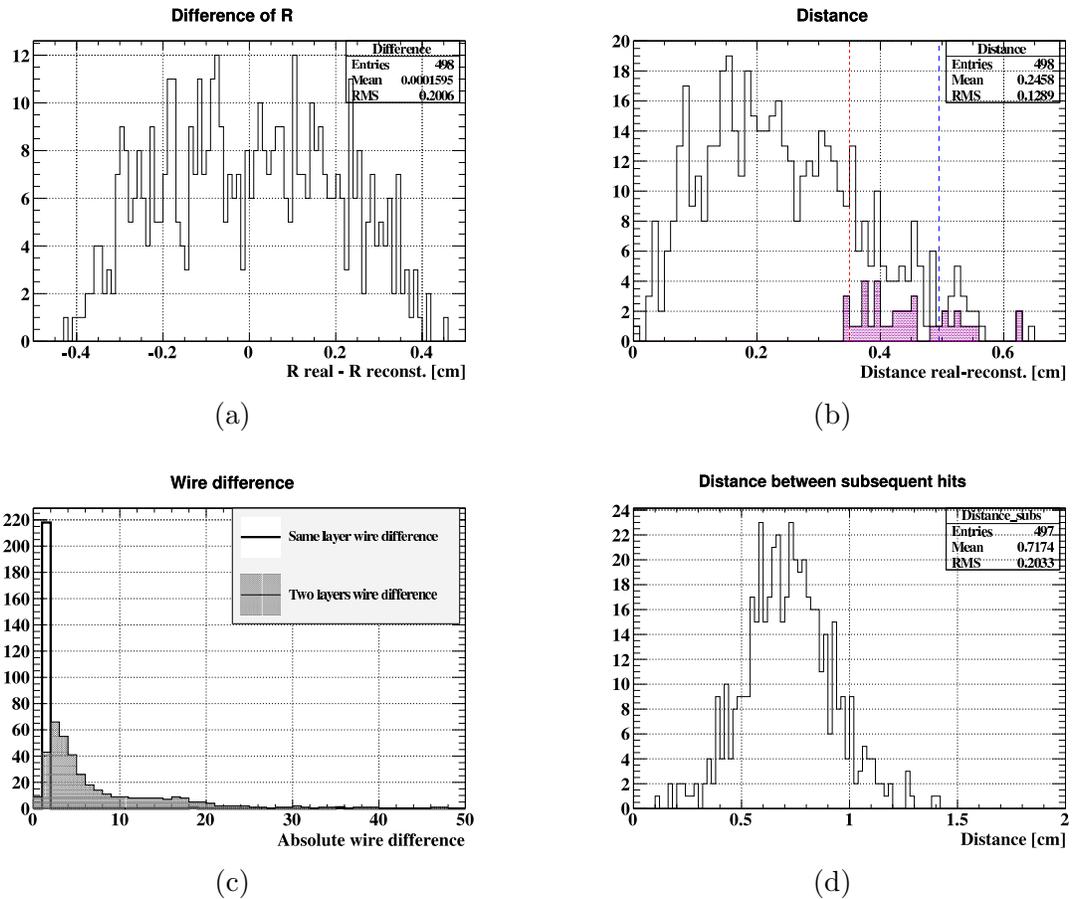


Figura 3.9: Istogrammi per l'evento mostrato in figura 3.7 con una traccia di segnale e sei di Michel, avente  $\sigma_z = 1$  cm.

- Differenza fra  $r$  reale ed  $r$  stimata dalla posizione del filo per ogni *hit* nella camera.
- Distanza sul piano  $(x, y)$  fra ogni *hit* della camera e la posizione del filo su cui ha prodotto il segnale.
- Differenza di indice di filo per fili dello stesso strato o su coppie di strati entrambi pari o dispari appartenenti alla stessa porzione di traccia.
- Distanza sul piano  $(x, y)$  fra un *hit* "sperimentale" ed il successivo nella stessa porzione di traccia.

za vicini fra loro. Per questo è legittimo affermare che per *hit* ragionevolmente ravvicinati nello spazio ed appartenenti a coppie di piani pari o dispari, la differenza nell'indice del filo colpito non dovrebbe usualmente essere superiore a 5, tranne che per parti di traccia vicine al punto d'inversione.

Infine, la figura 3.9 (d) mostra la distanza sul piano  $(x, y)$  fra il punto  $(\tilde{x}, \tilde{y})$  associato ad un *hit* nella camera e quello associato all'*hit* successivo per ogni ionizzazione appartenente alla stessa traccia.

## 3.2 Mescolamento

La fase di mescolamento, pur essendo la più semplice della catena, rappresenta un passaggio intermedio fondamentale fra la simulazione e l'analisi. Il suo ruolo è quello di trasformare l'informazione simulata, che costituisce la "verità Montecarlo", in un'informazione destrutturata e priva di ordine temporale, simile a quella ottenibile dai dati sperimentali senza decodifica delle forme d'onda.

L'algoritmo che opera il mescolamento è chiamato *TrackMixer*. Esso riceve dal *TreeReader* il file di testo, ma di quest'ultimo utilizza solo le informazioni che rappresentano i dati grezzi, in particolar modo nella camera. In dettaglio, il programma legge per ogni piastrina colpita nel TC la terna  $\bar{X}, \bar{Y}, \bar{Z}$  ed il tempo  $t_{exp}$  (oltre che l'indice della traccia che li aveva originariamente prodotti, che come detto servirà per valutare la bontà dell'analisi operata dalla fase successiva); per ogni *hit* nella camera legge invece la terna  $(\tilde{x}, \tilde{y}, z_{exp})$ , il piano del filo colpito ed il suo indice in tale piano, il giro all'interno del quale l'*hit* è stato prodotto e, di nuovo, l'indice della traccia generatrice per valutare la qualità dell'analisi successiva. Tutti gli altri dati sono completamente ignorati; in questo modo, passando attraverso questo codice, l'informazione "vera" non viene trascritta, ad eccezione dell'indice di traccia e di giro.

Queste ultime vengono trascritte nel file in uscita attraverso una particolare codifica. Ogni traccia viene infatti divisa nelle porzioni da cui è composta, ognuna delle quali è identificata dal numero  $1000 \times \text{giro} + \text{traccia}$  e l'indice così formato viene chiamato "indice di porzione" o "identificatore", ed indicato con *ID*. Il motivo di questa scelta sarà chiarito nel paragrafo 3.3.3. Si noti che nelle figure 3.7 e 3.8, i pallini rappresentanti gli *hit* veri avevano colore diverso a seconda della porzione di traccia, cioè dell'identificatore.

Per il TC non viene svolta alcuna operazione, se non il fatto di ignorare  $\bar{t}$  e leggere soltanto  $t_{exp}$ : in questo caso le ridotte dimensioni delle piastrelle giustificano l'uso delle coordinate medie. Inoltre, come già è stato specificato, l'uso delle coordinate di questi *hit* non servirà per eseguire fit o estrapolazioni, ma solo per confrontare fra loro i punti e raggrupparli in base alla loro distanza.

Prima di scrivere il file in uscita, il *TrackMixer* esegue un'ultima operazione, che è quella a cui deve il suo nome: genera una sequenza casuale di numeri che costituirà l'ordine con cui i dati saranno trascritti. In questo modo nel file in uscita sono salvate tutte le informazioni

superstiti, ma senza alcun ordine temporale prefissato.

In conclusione, il file di testo in uscita dal *TrackMixer* contiene:

- Il numero totale di piastrelle colpite nel TC, prodotte da tutte le tracce dell'evento.
- Per ognuna di queste, che sono trascritte in ordine casuale:
  - la terna cartesiana  $\bar{X}, \bar{Y}, \bar{Z}$ ,
  - il tempo  $t_{exp}$ ,
  - l'indice della traccia che aveva originariamente prodotto tale gruppo.
- Il numero totale di *hit* nella camera prodotti da tutte le tracce dell'evento.
- Per ognuno di questi, che sono trascritti in ordine casuale:
  - la terna cartesiana  $(\tilde{x}, \tilde{y}, z_{exp})$ ,
  - l'indice del piano del filo colpito ed il suo indice all'interno del piano,
  - l'indice *ID* della porzione di traccia che aveva originariamente prodotto tale *hit*.

I dati sono sempre, comunque, organizzati per evento.

Si noti che questo file non contiene più nessuna delle informazioni “vere” presenti nel file in uscita dal *TreeReader*, escluso, come già notato, l'indice della porzione di traccia, che servirà solo come strumento di controllo durante l'analisi.

L'unica correlazione diretta superstita fra la camera ed il TC è rappresentata dall'indice della porzione, che ovviamente non è usato come criterio per l'analisi, ma esclusivamente per la valutazione della sua qualità.

L'informazione mantenuta per operare l'analisi è la più simile ai dati sperimentali che si otterrebbero prima di procedere alla digitizzazione ed alla decodifica completa delle forme d'onda.

### 3.3 Analisi

L'identificazione delle tracce è eseguita nella fase di analisi, che è sostanzialmente indipendente dalle precedenti. Al termine della procedura di ottimizzazione dell'algoritmo, il codice che si occupa dell'analisi potrebbe quindi essere inserito nel software generale di MEG-2, destinato ad operare sia su dati sperimentali che su dati simulati.

L'analisi è svolta dal codice *TrackIdentifier*, il quale riceve dal *TrackMixer* il file di testo in

cui tutti gli *hit*<sup>2</sup> sono mescolati e delle loro informazioni sono rimaste soltanto quelle più grezze, oltre alla conoscenza originale della porzione di traccia che li ha generati. Lo scopo dell'analisi è riuscire a riordinare i dati raggruppandoli, o “associandoli”, in insiemi ciascuno dei quali dovrebbe contenere, se l'analisi fosse priva di errori, *tutti e soli* gli *hit* prodotti da una stessa traccia (o più correttamente da una stessa porzione di traccia). In questo caso ideale il numero di insiemi individuati equivarrebbe al numero di porzioni di traccia generate nell'evento analizzato ed ogni insieme costituirebbe la migliore approssimazione possibile della porzione, con i dati grezzi a disposizione. Lo scopo del *TrackIdentifier* può essere riassunto dalla seguente doppia implicazione:

$$\text{Gli } hit \text{ sono raggruppati} \Rightarrow \text{Gli } hit \text{ sono prodotti dalla stessa porzione} \quad (3.2)$$

$$\text{Gli } hit \text{ sono raggruppati} \Leftarrow \text{Gli } hit \text{ sono prodotti dalla stessa porzione} \quad (3.3)$$

Se la condizione (3.2) non è rispettata significa che sono stati inclusi, nell'insieme destinato agli *hit* generati nella porzione di traccia *i*-esima, anche alcuni corrispondenti a porzioni diverse (della stessa traccia o di altre tracce), per cui all'interno del gruppo sono presenti degli “estranei” che dovrebbero trovarsi in altri gruppi e che costituiscono una contaminazione. Un'associazione errata di questa natura sarà chiamata “errore di tipo 1”. Gli errori di tipo 1, se numerosi, possono provocare una sottostima del numero di porzioni presenti in un evento (se, ad esempio, in un evento con dieci porzioni tutti gli *hit* prodotti da quella identificata dall' $ID = 1042$  venissero inclusi erroneamente negli insiemi destinati alle altre porzioni, il numero finale di porzioni individuate sarebbe 9 e non 10).

Se la condizione (3.3) non è rispettata significa che il complesso degli *hit* generati dalla porzione *i*-esima è stato separato in più insiemi; in altre parole la porzione *i*-esima è stata spezzata in più parti, ognuna delle quali è stata interpretata come indipendente. Questa eventualità verrà chiamata “errore di tipo 2”. Gli errori di tipo 2 possono aumentare il numero di porzioni individuato dalla ricostruzione.

La condizione (3.3) può essere non rispettata anche per un'altra ragione, poiché alcuni *hit* possono non essere associati ad alcun insieme. Questa eventualità sarà chiamata “errore di tipo 3”.

La discussione ora svolta sui vari tipi di errore esistenti si applica all'associazione, nell'ambito dei singoli sottorivelatori, degli *hit* nel TC e di quelli nella camera, ma il *TrackIdentifier* ha anche il compito di associare l'un l'altro i due sottorivelatori, creando una relazione fra il cammino percorso dal positrone nella camera ed il punto in cui la traccia incrocia gli scintillatori. In questo contesto tipi diversi di errore sono possibili, qualora ad un insieme di *hit* individuato nel TC e corrispondente alla porzione *i*-esima, sia associato l'insieme individuato nella camera corrispondente alla porzione *j*-esima con  $i \neq j$ , oppure nessun

---

<sup>2</sup>A partire da questa sezione, il termine “*hit*” sarà usato per intendere sia le coordinate  $(\tilde{x}, \tilde{y}, z_{exp})$  dei punti sperimentali su ogni filo di senso colpito nella camera a deriva, che le coordinate  $(\bar{X}, \bar{Y}, \bar{Z})$  dei punti medi di ogni piastrella colpita nel TC. Tutte le ionizzazioni prodotte dall'attraversamento di un positrone in una singola cella della camera corrispondono quindi ad un singolo *hit*, e lo stesso vale per tutte le scintillazioni prodotte dall'attraversamento di un positrone in una singola piastrella del TC.

insieme. Nel paragrafo 3.3.4 verrà approfondita la discussione riguardo a questo altro tipo di errori.

Al termine dell'analisi viene prodotto un file, chiamato *Analyzed.txt*, che contiene le porzioni di traccia identificate, ovvero gli insiemi di *hit* ricavati nella camera, quelli individuati nel TC e la loro associazione. In questo modo il file risultante è simile, almeno nella forma, a quello in uscita dal *TreeReader*.

In questo capitolo per indicare i parametri di selezione che servono a calibrare l'analisi verrà utilizzata una apposita notazione. In particolare, i nomi dei parametri saranno indicati con lettere maiuscole in uno specifico tipo di carattere, in questo modo: PARAMETRO.

### 3.3.1 Lettura del file di testo

La prima operazione che il programma deve svolgere è la lettura del file di testo in uscita dal *TrackMixer*, che consiste nel salvataggio in memoria di due elenchi distinti, uno contenente gli *hit* nella camera e l'altro quelli del TC. Ogni informazione presente nel file viene letta, incluso l'*ID* della porzione che ha prodotto l'*hit*. Naturalmente tale indice non sarà usato in nessuna fase dell'analisi, ma esclusivamente per la valutazione delle efficienze.

Per non appesantire la notazione chiameremo d'ora in poi  $(x, y, z)$  le coordinate degli *hit* nella camera lette dal file, sebbene si tratti, in realtà, della terna  $(\tilde{x}, \tilde{y}, z_{exp})$  ed indicheremo con  $ID_{cyl}$  l'indice della porzione che ha prodotto l'*hit* nella camera appena letto. Analogamente, chiameremo  $(X, Y, Z)$  le coordinate degli *hit* nel TC, pur trattandosi della terna  $\bar{X}, \bar{Y}, \bar{Z}$  ed indicheremo inoltre con  $t$  il  $t_{exp}$  e con  $ID_{TC}$  l'indice della traccia vera che ha prodotto l'*hit* nel TC.

Indicheremo inoltre con  $\dot{n}$  il numero di porzioni di traccia della camera presenti nell'evento, corrispondente al numero dei possibili valori per  $ID_{cyl}$ , e con  $\dot{N}$  l'equivalente nel TC. Infine chiameremo  $n_{cyl}$  il numero totale di *hit* nella camera e  $n_{TC}$  quello nel TC. Questi due numeri sono la dimensione degli elenchi salvati in memoria.

### 3.3.2 Associazione degli *hit* del TC

Il processo di associazione nel TC consiste, come detto, nel raggruppare tutti gli *hit* in esso prodotti da tutte le tracce dell'evento in insiemi, ognuno dei quali dovrebbe, in linea di principio, contenere tutti e soli quelli prodotti dalla stessa traccia o porzione. Si tratta della parte più semplice dell'analisi, dato che il numero di *hit* da associare è basso, che le tracce di Michel colpiscono raramente il rivelatore, che la precisione con cui è nota la posizione degli *hit* è buona grazie alle ridotte dimensioni delle piastrelle e che in aggiunta all'informazione spaziale è presente anche quella temporale.

L'associazione viene svolta in due passaggi, chiamati "prima" e "seconda selezione".

### Prima selezione

Obiettivo della prima selezione è cercare di limitare il più possibile gli errori di tipo 1, cioè evitare di inserire nello stesso gruppo *hit* del TC prodotti da tracce diverse, anche a scapito di un aumento degli errori di tipo 2, per cui l'insieme degli *hit* prodotti dalla stessa traccia viene “spacchettato” in più gruppi distinti. In questa fase è quindi frequente che il numero di tracce ricostruite che hanno colpito il TC sia maggiore di quello delle tracce che hanno realmente raggiunto questo rivelatore.

La selezione avviene tramite un processo iterativo così strutturato:

- 1) **Generazione di un nuovo insieme:** anzitutto si scorre l'elenco degli *hit* nel TC fino a trovare il primo non ancora associato a nessun insieme, che chiameremo  $H_0$ . Poiché il *TrackMixer* ha trascritto i dati in ordine casuale,  $H_0$  può essere un *hit* qualsiasi. A questo punto  $H_0$  costituisce il primo elemento di un nuovo insieme di *hit* nel TC, a cui (eventualmente) potranno essere associati altri *hit*.
- 2) **Associazione degli *hit* successivi:** L'associazione degli *hit* successivi al gruppo iniziato da  $H_0$  avviene scorrendo l'elenco da capo. In particolare l'*hit*  $H_i$  viene associato all'insieme di  $H_0$  se rispetta tutti i seguenti criteri:
  - $H_i$  non dev'essere ancora stato associato a nessun insieme,
  - il modulo della differenza fra  $t_{H_i}$  e  $t_{H_0}$  deve essere minore del parametro di analisi TIMEPERMIT,
  - la distanza spaziale fra  $H_i$  ed  $H_0$  deve essere minore del parametro di analisi RADPERMIT.

Se  $H_i$  rispetta i criteri viene incluso nel gruppo, altrimenti si procede nell'elenco fino ad esaurirlo.

- 3) **Verifica di fine processo:** Terminato l'elenco, si verifica se ci siano *hit* che non risultano ancora associati a nessun insieme. In caso positivo, si ritorna al punto 1. Il processo viene ripetuto finchè tutti gli *hit* nel TC non sono stati associati ad almeno un gruppo, eventualmente formato da un unico *hit* (escludendo quindi la possibilità di commettere errori di tipo 3). Il numero totale  $\hat{N}_1$  di insiemi così prodotti sarà tale che  $1 \leq \hat{N}_1 \leq n_{TC}$ .

Un'obiezione che potrebbe sorgere rispetto al processo di associazione appena presentato è che tutti i confronti al punto 2 vengono eseguiti rispetto ad  $H_0$ , che è un *hit* scelto in modo casuale (come sarà mostrato più avanti, la strategia adottata per le selezioni nella camera a deriva è diversa). Tuttavia ciò non costituisce un vero problema, in quanto le prestazioni del programma non sono influenzate da questa scelta. I motivi sono due: il primo è che gli *hit* prodotti dalla stessa porzione di traccia tendono ad avere tempi molto vicini fra loro ( $\Delta t \approx 0.5$  ns per due *hit* consecutivi) e dunque qualunque *hit* si scelga per il confronto,

la probabilità che questo sia molto distante temporalmente da tutti quelli prodotti dalla stessa traccia è bassa, mentre che lo sia da quelli prodotti da tracce diverse è molto più alta. In secondo luogo bisogna tenere presente che lo scopo della prima associazione è quello di evitare che in un insieme siano inclusi *hit* “sbagliati” e non quello di raccogliere subito tutti quelli prodotti dalla stessa traccia. Dunque, se anche in un’iterazione venisse scelto come  $H_0$  un *hit* estremo o comunque particolarmente distante nel tempo e nello spazio da tutti gli altri (un cosiddetto *outlier*), l’unico danno sarebbe che  $H_0$  verrebbe interpretato come un insieme a sé stante ed in un’iterazione successiva gli *hit* restanti prodotti dalla stessa traccia sarebbero associati ad un insieme diverso, generato a partire da un  $H_0$  più “baricentrico”.

In base alle considerazioni ora svolte risulta importante una scelta oculata dei parametri di analisi che intervengono nella prima selezione. In particolare, la scelta ideale corrisponde ai massimi valori che non introducono errori di tipo 1, cioè i criteri “minimamente severi” che consentono di non associare fra loro *hit* generati da tracce diverse. In questo modo il numero di insiemi individuati nel TC in eccesso rispetto a quelli effettivamente prodotti (che introduce errori di tipo 2) è comunque abbastanza piccolo.

### Seconda selezione

Obiettivo della seconda selezione è cercare di riunire gli insiemi individuati dalla prima selezione limitando il più possibile gli errori di tipo 2 senza però reintrodurre, nel procedimento, gli errori di tipo 1 evitati in precedenza.

La seconda selezione prevede un passo preliminare, costituito dal calcolo del valor medio di  $t$  (che indichiamo con  $\hat{t}$ ) e delle coordinate estremali per ognuno degli insiemi individuati dalla prima selezione. Indichiamo con  $(\hat{X}, \hat{Y}, \hat{Z})_L$  l’*hit* con la minima  $z$  e con  $(\hat{X}, \hat{Y}, \hat{Z})_R$  quello con la massima  $z$ . Se la prima selezione è stata eseguita correttamente ed ogni insieme contiene solo *hit* generati da un’unica traccia, le fluttuazioni sulla media dei tempi è più piccola di quella sul tempo del singolo *hit*; pertanto, usando le medie, sarà meno probabile confondere un positrone con un altro. Se, poi, nella prima selezione dovesse essere stato commesso qualche errore di tipo 1, l’effetto sarebbe comunque “diluito” dall’operazione di media. Per quanto riguarda le coordinate si può notare che, selezionando solo due punti per ogni insieme (invece della lista completa degli *hit*) il numero di associazioni possibili diminuisce drasticamente; inoltre, la distanza minima fra una coppia di punti estremali appartenenti ad alcune porzioni consecutive della stessa traccia è in media minore della distanza di un punto arbitrario interno ad una porzione da uno o entrambi gli estremi della porzione stessa. In questo modo, anche se il parametro RADADMIT che gestisce il taglio sulla distanza fra i punti estremali risulta  $<$  di RADPERMIT, l’effetto complessivo equivale ad un taglio più lasco.

La seconda selezione, concettualmente, assomiglia molto alla prima, ed è anch’essa eseguita tramite un processo iterativo:

- 1) **Scelta dell'insieme di confronto:** si considera il primo insieme individuato dalla prima selezione, che chiameremo  $U_0$ .  $U_0$  dipende da qual era il primo  $H_0$  scelto nella procedura precedente, per cui è anch'esso un gruppo scelto in maniera casuale fra quelli prodotti.  $U_0$  servirà come termine di confronto con tutti gli altri insiemi.
- 2) **Unione di altri insiemi:**  $U_0$  viene confrontato con tutti gli altri insiemi. Se durante questa ricerca si individua un insieme  $U_i$  che rispetta alcuni criteri di contiguità, tutti gli *hit* che compongono  $U_i$  vengono riassociati ad  $U_0$  ed il gruppo  $U_i$  viene distrutto. I criteri sono:
- il modulo della differenza fra  $\hat{t}_{U_i}$  e  $\hat{t}_{U_0}$  deve essere minore del parametro d'analisi TIMEADMIT,
  - la distanza fra  $(\hat{X}_{U_i}, \hat{Y}_{U_i}, \hat{Z}_{U_i})_{L,R}$  e  $(\hat{X}_{U_0}, \hat{Y}_{U_0}, \hat{Z}_{U_0})_{R,L}$  deve essere minore del parametro d'analisi RADADMIT; la scelta fra  $R$  ed  $L$  è compiuta selezionando il caso corrispondente alla distanza minore.

A seguito di un'unione i valori di  $(\hat{X}_{U_0}, \hat{Y}_{U_0}, \hat{Z}_{U_0})_{R,L}$  vengono aggiornati considerando anche gli *hit* che erano appartenuti ad  $U_i$ .

- 3) **Iterazione:** Si considera l'insieme  $U_1$  successivo ad  $U_0$ . Se esiste ancora (cioè se non è stato distrutto in seguito ad un'unione con  $U_0$  che potrebbe essere avvenuta al passo 2) esso sarà il nuovo insieme di confronto e verrà utilizzato per i confronti descritti al passo 2 al posto di  $U_0$ ; in caso contrario si procede nella sequenza degli insiemi fino a trovarne uno ancora esistente. Una volta individuato l'insieme successivo, si ripete il passo 2.
- 4) **Verifica di fine processo:** I passi 2 e 3 vengono ripetuti finchè tutti gli insiemi non sono stati scelti come elementi di confronto al passo 3 o sono stati distrutti al passo 2. Il numero totale  $\hat{N}_2$  di insiemi superstiti sarà tale che  $1 \leq \hat{N}_2 \leq \hat{N}_1$ .  $\hat{N}_2$  rappresenta la stima, operata dal *TrackIdentifier*, del numero  $\hat{N}$  di positroni che hanno prodotto un segnale nel TC; perciò se l'associazione avesse un'efficienza del 100%,  $\hat{N}_2 = \hat{N}$ .

Al termine del processo di associazione nel TC, il *TrackIdentifier* avrà costruito una serie di insiemi  $U_i$  con  $i = 0, 1, 2, \dots, \hat{N}_2 - 1$  tali che

$$\sum_{i=0}^{\hat{N}_2-1} \eta_i = n_{TC}$$

dove  $\eta_i$  indica il numero di elementi dell'insieme  $i$ -esimo. Gli insiemi  $U_i$  indicano il modo in cui gli *hit* misurati nel TC dovrebbero essere raggruppati fra loro.

L'efficienza dell'associazione sarà discussa nella sezione 3.3.6. Si può comunque anticipare che per questo tipo di analisi la presenza di alcuni errori di tipo 2 è inevitabile per positroni con angoli di emissione  $\theta$  molto elevati, ma questo non danneggia la qualità dell'analisi.

La tabella 3.1 riassume i parametri usati nell'intero processo di associazione degli *hit* del TC, che minimizza il numero complessivo di errori di tipo 1 e 2.

Tabella 3.1: Parametri utilizzati per l'associazione degli *hit* del TC

| Parametro  | Valore                |
|------------|-----------------------|
| TIMEPERMIT | $1 \cdot 10^{-8}$ sec |
| RADPERMIT  | 17 cm                 |
| TIMEADMIT  | $5 \cdot 10^{-9}$ sec |
| RADADMIT   | 6 cm                  |

### 3.3.3 Associazione degli *hit* della camera a deriva

Proprio come nel caso del TC, anche il processo di associazione nella camera consiste nel raggruppare tutti gli *hit* in essa prodotti da tutte le tracce dell'evento in insiemi, ognuno dei quali dovrebbe idealmente contenere tutti e soli quelli prodotti nella stessa porzione dallo stesso positrone.

Rispetto al caso del TC, però, il problema appare immediatamente più complesso per tre ragioni: anzitutto gli *hit* nella camera sono molte ( $10 \div 70$ ) volte più numerosi dei gruppi di *hit* nel TC; in secondo luogo l'informazione temporale è assente, ed anche la conoscenza spaziale può essere meno precisa, specialmente per valori di  $\sigma_z$  elevati. Sarà dunque necessario utilizzare dei criteri di selezione assai più elaborati di quelli esposti nella sezione precedente per poter ottenere un risultato accettabile.

C'è poi un ulteriore problema, meno immediato ma comunque importante, che si può dedurre osservando la figura 3.7, e che ha costretto ad introdurre la distinzione fra traccia e porzione di traccia. Si deve infatti considerare che il volume sensibile della camera si trova ad una certa distanza dall'asse del fascio, a causa della sua forma a cilindro cavo: la zona interna, con  $r < 17$  cm è riempita con un'atmosfera di elio puro e non contiene fili di tracciatura. A causa di ciò se un positrone, per effetto del campo magnetico che rende spiraliforme la sua traiettoria, compie più di un giro completo prima di toccare il TC (cosa che avviene quasi sempre per positroni di segnale), esso produce più porzioni di traccia, fra loro separate, perchè esce e successivamente rientra nella zona attiva del rivelatore<sup>3</sup>. Oltre ad essere geometricamente sconnesse, due porzioni diverse della stessa traccia hanno altre importanti differenze: a causa del campo variabile di COBRA, infatti, il raggio della spirale,

<sup>3</sup>La stessa situazione si presenta anche per un positrone che esce e rientra nella camera dal raggio esterno senza toccare il TC, come in figura 3.4, ma in questo caso la frazione di traccia senza campionamento attivo è molto minore; pertanto la sconnessione è solo geometrica e gli *hit* delle due parti sono interpretati come appartenenti alla stessa porzione. In altre parole ci si attende che il *TrackIdentifier* unisca i due frammenti così generati.

il suo centro ed il suo passo variano con  $z$ . Dal punto di vista di questo tipo di analisi la loro “diversità” è confrontabile con quella esistente fra tracce prodotte da positroni differenti, per cui devono essere momentaneamente separate, in quanto il *TrackIdentifier* non è in grado di distinguere questo caso da quello di due positroni effettivamente diversi, non avendo altre informazioni a disposizione se non quelle puramente spaziali.

Nel *TrackIdentifier* non è stato deliberatamente inserito nessun accorgimento per tentare di riunire le varie porzioni individuate, perché in definitiva questo esula dalle mansioni del programma. Il compito del *TrackIdentifier* può infatti essere ritenuto ben svolto se esso riesce ad associare fra loro gli *hit* della stessa porzione basandosi esclusivamente sui dati grezzi a disposizione<sup>4</sup>. L’unione di porzioni diverse di traccia va al di là delle possibilità del *TrackIdentifier* perchè richiede un modello accurato di traccia e viene quindi demandato al passo finale della ricostruzione, da eseguirsi con un algoritmo basato sul filtro di Kalman. Proprio per questo motivo nel *TrackMixer* le informazioni dell’indice di traccia e di giro sono state riunite in una variabile unica; il successo nell’analisi sarà dunque raggiunto unendo fra loro tutti gli *hit* con lo stesso  $ID_{cyl}$ , e saranno trattati come equivalenti gli errori di tipo 1 derivanti dall’unire *hit* prodotti da positroni diversi o dallo stesso positrone in giri diversi.

L’associazione degli *hit* della camera a deriva viene svolta in numerosi passaggi ripetuti più volte, che possono essere comunque suddivisi in 5 categorie:

- Selezioni geometriche
- Fit dei frammenti
- Unione dei frammenti
- Estrapolazione dai frammenti
- Deassociazione dei piccoli frammenti

Ogni categoria contiene alcune sotto-azioni, alcune delle quali vengono ripetute più volte, con piccole variazioni a seconda della ripetizione. Il diagramma di flusso nella figura 3.10 illustra la sequenza delle operazioni eseguite dal *TrackIdentifier*.

Nel seguito descriveremo in dettaglio ogni passaggio e presenteremo i parametri di analisi scelti per tre possibili scenari:  $\sigma_z = 1$  cm,  $\sigma_z = 5$  cm e  $\sigma_z = 10$  cm. Al termine dell’esposizione dell’algoritmo illustreremo i risultati e le prestazioni dell’analisi corrispondenti a questi tre scenari.

---

<sup>4</sup>Sono stati individuati alcuni criteri in base ai quali si potrebbe scrivere un algoritmo che consenta quest’unione una volta che le porzioni siano ben identificate, ma, per il momento, tale algoritmo non è stato ancora inserito nel *TrackIdentifier*.

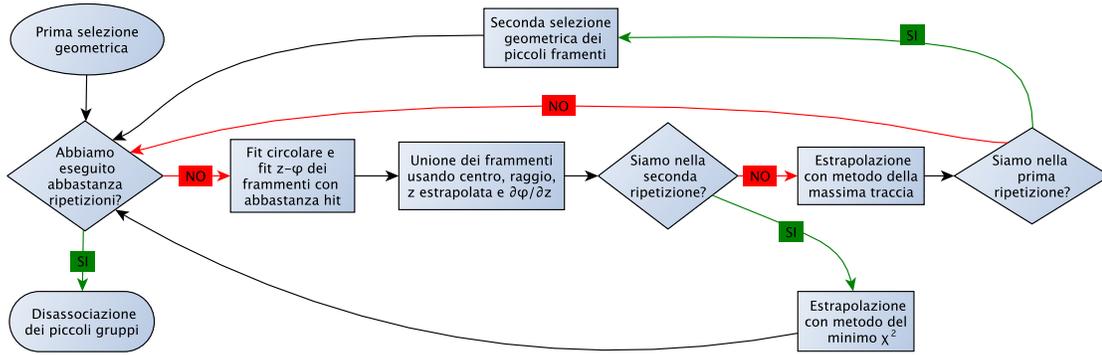


Figura 3.10: Sequenza dei passaggi eseguiti dal *TrackIdentifier*.

### Selezioni geometriche

La procedura di analisi inizia con una prima selezione effettuata con un criterio puramente geometrico, cioè basato esclusivamente sulla distanza fra gli *hit*. Lo scopo di questa operazione è raggruppare gli *hit* in insiemi iniziali relativamente piccoli, detti “frammenti”, cercando di limitare il più possibile gli errori di tipo 1, ma commettendone di conseguenza molti di tipo 2. Gli insiemi potranno poi essere riuniti nei passaggi successivi. Gli eventuali errori di tipo 1 commessi in questa fase potranno comunque essere corretti nei passi seguenti. Partire con questo tipo di selezione è necessario in quanto, all’inizio, si hanno a disposizione solo molti punti sparsi nello spazio e l’unico possibile criterio per associarli è basarsi sulla loro disposizione spaziale e sugli indici dei fili colpiti.

La procedura è iterativa, con una logica non troppo dissimile da quella usata nelle selezioni TC, ma con due importanti differenze: l’uso delle sole informazioni geometriche (che sono le uniche disponibili) ed un criterio più raffinato nella scelta dei parametri di confronto. Questo rende l’algoritmo decisamente più complesso.

Ogni passo dell’iterazione è così strutturato:

- 1) **Controllo di fine processo:** si verifica innanzitutto se ogni *hit* prodotto nella camera sia stato associato ad un insieme. Se il controllo dà un esito negativo si procede con i passi successivi; se invece l’esito è positivo si procede direttamente al passo 8. Quindi la prima selezione degli *hit* della camera non può introdurre errori di tipo 3.
- 2) **Calcolo dell’*hit* estrema:** fra gli *hit* che non sono ancora stati associati a nessun insieme si sceglie quello avente  $|z|$  maggiore di tutti, cioè quello che giace nel piano perpendicolare all’asse del fascio più lontano dal bersaglio. Chiamiamo  $h_0^i$  ( $i = 0, 1, \dots$ ) l’*hit* così selezionato.

- 3) Associazione dell'*hit* estrema:** si crea un nuovo insieme  $u_i$ . Il primo *hit* di questo insieme sarà  $h_0^i$ .
- 4) Controllo di chiusura del gruppo:** si costruisce attorno a  $h_0^i$  un “cilindro di accettazione” con asse lungo  $z$ , di raggio determinato dal parametro di analisi CYLACCEPT e semialtezza determinata dal parametro CYLACCEPTZ; quindi si verifica se, fra tutti gli *hit* non ancora associati, ne esiste almeno uno all’interno di tale cilindro. Per ogni *hit* individuato nel cilindro si considera su quale piano di fili esso giace. Se giace sullo stesso piano di  $h_0^i$ , si richiede che la differenza fra l’indice del filo di tale *hit* differisca da quello di  $h_0^i$  per meno di una quantità stabilita dal parametro WDSAMEPL; se giace su due piani sopra o sotto, si richiede che la differenza del numero dei fili sia minore o uguale al parametro WDTWOPL; se giace sul piano immediatamente sopra o sotto nessun ulteriore controllo viene effettuato. Se il controllo sull’indice del filo dà esito negativo, l’*hit* viene escluso a priori come se si trovasse fuori dal cilindro di accettazione.
- Se esiste almeno un *hit* nel cilindro che rispetta anche il criterio dei fili si procede al passo successivo; se non esiste, l’insieme  $u_i$  è considerato terminato e si passa al punto 7.
- 5) Associazione dell'*hit* successivo:** per tutti gli *hit* presenti nel cilindro di accettazione non ancora associati viene calcolata la quantità

$$\chi^2 = \frac{\Delta r^2}{\sigma_r^2} + \frac{\Delta z^2}{\sigma_z^2} \quad (3.4)$$

dove  $\Delta r$  è la distanza sul piano trasverso fra  $h_0^i$  e l’*hit* che si sta considerando e  $\Delta z$  la corrispondente distanza sul piano longitudinale, mentre  $\sigma_a^2$  rappresenta la varianza della quantità  $a$ .

Viene quindi selezionato l’*hit* che minimizza questa quantità, che chiamiamo  $h_1^i$ , e che viene associato all’insieme  $u_i$ , a patto che il minimo  $\chi^2(h_1^i)$  sia inferiore al parametro di analisi CYLACCEPTMAXCHISQ. Se il minimo  $\chi^2$  eccede questo limite, il gruppo viene considerato terminato e si passa al punto 7.

- 6) Variazione del riferimento:** si ritorna al passo 4, ma l’*hit*  $h_1^i$  diventa il nuovo *hit* di riferimento, cioè prende il posto di  $h_0^i$ . In particolare, al passo 4 il cilindro di accettazione viene costruito attorno ad  $h_1^i$  ed al passo 5 viene associato all’insieme  $u_i$  l’*hit*  $h_2^i$ , che minimizza la quantità (3.4), calcolata rispetto a  $h_1^i$  fra quelli contenuti nel nuovo cilindro di accettazione. I passi 4-6 vengono ripetuti fino a quando non si raggiunge la condizione di chiusura per  $u_i$ .
- 7) Chiusura di  $u_i$ :** il numero  $\vartheta_i$  di *hit* associati ad  $u_i$  ( $h_0^i, h_1^i, \dots, h_{\vartheta-1}^i$ ) è salvato in memoria, dopodichè si incrementa  $i$  e si torna al punto 1.

**8) Fine del processo:** il processo di prima selezione è considerato concluso perché tutti gli *hit* sono stati associati ad un gruppo ed il valore finale dell'indice  $i+1$  corrisponde al numero di porzioni di traccia individuate nell'evento.

Al termine del processo saranno state individuate  $\hat{n}_1$  porzioni di traccia nella camera, con  $1 \leq \hat{n}_1 \leq n_{cyl}$ , corrispondenti agli insiemi  $u_0, u_1 \dots u_{\hat{n}_1-1}$ , contenenti  $\vartheta_0, \vartheta_1 \dots \vartheta_{\hat{n}_1}$  *hits*. Si noti che

$$\sum_{i=0}^{\hat{n}_1-1} \vartheta_i = n_{cyl}$$

Tipicamente,  $\hat{n}_1 > \hat{n}$ , cioè le porzioni individuate da questa sola selezione sono più numerose di quelle realmente presenti nell'evento. La figura 3.11 mostra la situazione al termine

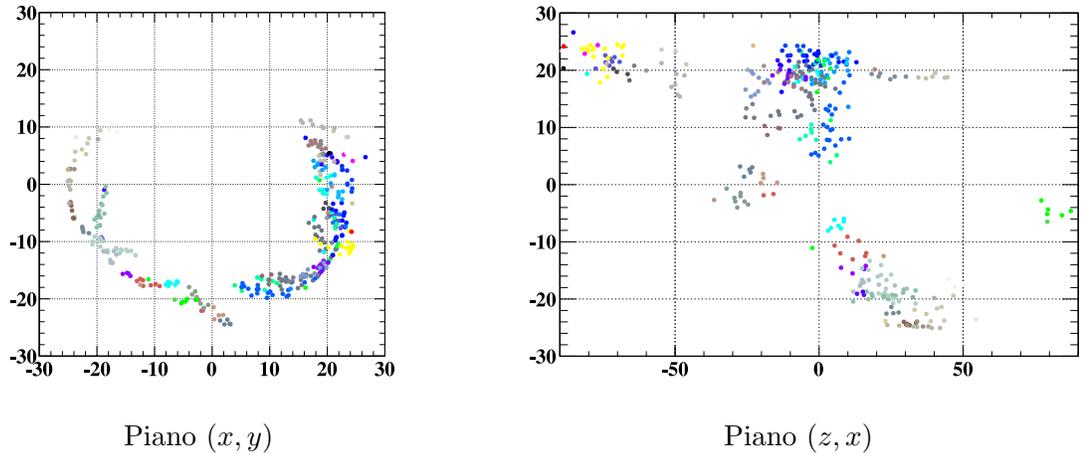


Figura 3.11: Situazione al termine della prima selezione per un evento mescolato contenente una traccia di segnale e 4 di Michel, con  $\sigma_z = 5$  cm, proiettata sul piano  $(x, y)$  e sul piano  $(z, x)$  (nella figura di destra non sono rispettate le proporzioni fra  $x$  e  $z$ ). I punti con lo stesso colore sono stati associati allo stesso insieme.

di questa prima selezione per un evento contenente una traccia di segnale e 4 di Michel nell'ipotesi  $\sigma_z = 5$  cm.

Alcune considerazioni su questa procedura di associazione. Notiamo anzitutto che la scelta non casuale del primo elemento di ogni insieme al passo 3 (diversamente da quanto avviene nel TC) e l'aggiornamento dell'*hit* di confronto ai passi 4-6 sono due accorgimenti pensati nell'ottica di "ripercorrere la traccia all'indietro", partendo dalla  $z$  estrema e muovendosi a ritroso verso il bersaglio. Tuttavia, al passo 4, la richiesta che l'*hit* successivo abbia un valore di  $|z|$  minore di quello precedente non è stata volutamente inserita: a causa dell'incertezza presente su  $z$  vengono infatti accettati tutti gli *hit* in un cilindro, non in un mezzo

cilindro con  $h_0^i$  giacente su una base.

Si noti anche che l'*hit* scelto per l'associazione al passo 5 è il “migliore” fra quelli che rispettano la condizione di associazione definita nel punto 4, mentre nel caso del TC venivano associati tutti gli *hit* che rispettavano le condizioni; inoltre questi ultimi erano tutti confrontati col medesimo *hit* di riferimento, che non veniva aggiornato fino alla chiusura del gruppo.

La forma cilindrica è stata preferita a quella sferica a causa del fatto che l'incertezza sulla coordinata longitudinale sarà in generale molto maggiore di quella esistente sulle coordinate nel piano trasverso, a causa della difficoltà di valutare la  $z$  del punto di ionizzazione. Il cilindro di accettazione ha l'asse lungo  $z$  e non lungo la direzione dei fili per motivi di pura semplicità: infatti, i fili non sono troppo inclinati rispetto a  $z$ , per cui lo spostamento trasversale degli *hit* indotto dall'incertezza sulla coordinata longitudinale è comunque contenuto all'interno della base circolare del cilindro stesso, purché CYLACCEPT sia scelto con cura.

Si noti inoltre che il controllo sull'indice dei fili riguarda solo gli *hit* generati sullo stesso piano o su piani distanziati di due (ad esempio, se  $h_0^1$  giace sul piano 5, il controllo viene eseguito su tutti gli *hit* nel cilindro di accettazione che giacciono nei piani 5, 3 o 7, e non su quelli che giacciono nei piani 4 o 6) a causa del modo in cui i fili sono indicizzati e della loro configurazione stereo. In base alle osservazioni relative alla figura 3.9 (c), si è potuto constatare che per *hit* vicini la differenza di indice fra quelli appartenenti allo stesso piano è sempre inferiore ad una soglia, e così pure avviene per *hit* giacenti su piani il cui numero d'ordine differisce di 2, ma non con un singolo piano. Si tenga infine presente che il taglio sull'indice dei fili è meno determinante di quello sulla distanza per cui sarà mantenuto più lasco.

La scelta dei parametri CYLACCEPT e CYLACCEPTZ risulta cruciale ai fini della bontà di questa prima selezione e di tutta l'analisi in generale; sono infatti i gradi di libertà più importanti a disposizione dell'utente per cercare di massimizzare l'efficienza dell'associazione. Se il cilindro di accettazione è troppo grande, infatti, l'algoritmo commetterà numerosi errori di tipo 1. Questa situazione potrebbe risultare estremamente pericolosa se si immagina uno scenario di questo tipo: la traccia  $i$  passa molto vicina alla traccia  $j$ ; l'algoritmo percorre all'indietro tutta la traccia  $i$ , arriva all'ultimo *hit* (il più interno) e cerca, attorno ad esso, qualche altro *hit* entro il cilindro di accettazione, trovandone uno della traccia  $j$  (che, casualmente, rispetta anche il criterio sull'indice dei fili). A questo punto la traccia  $j$  verrebbe interpretata come una continuazione della  $i$ , con effetti che potrebbero essere molto gravi: ogni *hit* della traccia  $j$  associato da quel momento in poi sarebbe un errore di tipo 1. Questo tipo di problema deriva dall'assenza, in questa prima selezione, di controlli sulla direzionalità degli *hit* che si stanno associando; l'algoritmo esposto, essendo basato puramente sulla distanza, non verifica infatti se la traccia risultante ha una forma non rispondente ad una situazione fisica, come ad esempio una derivata prima non continua. Può accadere, quindi, che gli insiemi associati risultino come quello mostrato in figura 3.12. Se, d'altra parte, viene scelto per CYLACCEPT e CYLACCEPTZ un valore troppo piccolo, gli

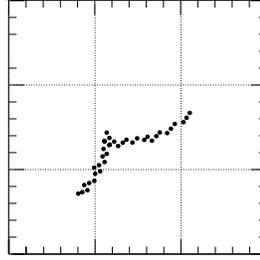


Figura 3.12: Esempio di traccia a “V”, discontinua nella derivata prima, prodotta da un’associazione errata durante la prima selezione. Proiezione sul piano  $(x, y)$ .

insiemi saranno chiusi troppo rapidamente ed alla fine del processo ne risulterà una quantità eccessiva, molti dei quali formati da un numero esiguo di *hit*; ogni traccia sarà quindi frammentata in svariati segmenti molto corti. Uno spezzettamento eccessivo della traccia può pregiudicare la qualità di tutta la ricostruzione, rendendo inefficaci i passi successivi. La selezione geometrica è la prima fase dell’algoritmo ed è seguita, come mostrato nella figura 3.10, dall’esecuzione di fit sui frammenti, dalle possibili unioni ed estrapolazioni dei frammenti e dalla dissociazione dei frammenti più corti. Ciascuno di questi processi verrà descritto nelle sezioni successive, ma notiamo fin d’ora che la procedura può introdurre degli errori di tipo 3: infatti alcuni frammenti possono avere un numero di *hit* inferiore a quello necessario per l’esecuzione di un fit (fissato dal parametro MINPFORCIRC), per cui restano a priori isolati. Al termine della prima ripetizione dell’algoritmo la selezione geometrica viene quindi ripetuta su questi gruppi di *hit* poco numerosi per cercare di recuperarli.

Questa seconda selezione geometrica è quasi identica a quella appena esposta, con alcune piccole differenze: anzitutto vengono considerati solo gli *hit* estremali di ognuno di questi gruppi, cioè il primo e l’ultimo associati dalla prima selezione geometrica, che dovrebbero essere quelli con la massima e minima  $z$ . Gli *hit* da considerare sono quindi molti meno di  $n_{cyl}$ , che erano stati presi in esame dalla prima selezione geometrica ed in particolare saranno soltanto due per ogni gruppo sotto soglia nel numero di *hit*. Come si può facilmente intuire questo semplifica molto il problema, consentendo di scegliere tagli più laschi. Infatti nella seconda selezione geometrica vengono ignorati il criterio dei fili e quello del limite superiore al minimo  $\chi^2$  accettabile, e soprattutto i parametri CYLACCEPT e CYLACCEPTZ vengono moltiplicati per un fattore, fissato dal parametro di analisi LITTLEGROUPDISMULTIPL. Questo fattore è  $> 1$ , in quanto la seconda selezione geometrica ha lo scopo di tentare di riunire i piccoli frammenti tenuti separati dalla prima.

I parametri di analisi scelti per la selezione geometrica per massimizzare l’efficienza nei tre casi di possibile  $\sigma_z$  sono riassunti nella tabella 3.2.

Tabella 3.2: Parametri di analisi delle selezioni geometriche

| Parametro             | $\sigma_z = 1$ cm | $\sigma_z = 5$ cm | $\sigma_z = 10$ cm |
|-----------------------|-------------------|-------------------|--------------------|
| CYLACCEPT             | 1.4 cm            | 2.4 cm            | 3.2 cm             |
| CYLACCEPTZ            | 2.9 cm            | 5.8 cm            | 10.0 cm            |
| WDSAMEPL              | 2                 | 4                 | 6                  |
| WDTWOPL               | 5                 | 5                 | 5                  |
| CYLACCEPTMAXCHISQ     | 10.0              | 5.5               | 2.7                |
| LITTLEGROUPDISMULTIPL | 1.6               | 1.8               | 2.0                |

### Fit dei frammenti

Questa operazione è propedeutica per le procedure di unione ed estrapolazione, il cui obiettivo è cercare di unire fra loro gli insiemi  $u_i$  individuati dalla prima selezione, per limitare il più possibile gli errori di tipo 2 senza reintrodurre quelli di tipo 1 che si è cercato di evitare nel passaggio precedente.

A partire da adesso, avendo preliminarmente raggruppato gli *hit* in frammenti (auspicabilmente non troppo contaminati da errori di tipo 1) si ha a disposizione un'informazione in più, di tipo direzionale. Infatti se un insieme contiene un numero sufficiente di *hit* (fissato da MINPFORCIRC) è possibile seguire lo sviluppo del segmento di traccia all'interno della camera. La necessità di disporre quindi di un numero minimo di punti associati ad una porzione di traccia giustifica il fatto che, durante la prima selezione geometrica, uno dei criteri chiave per la scelta dei parametri sia stata la richiesta di evitare insiemi contenenti un numero troppo esiguo di elementi e che successivamente sia utile una seconda selezione geometrica per cercare di recuperare i piccoli frammenti.

Esiste un modo relativamente semplice per valutare l'informazione direzionale della traccia. Se il campo magnetico di COBRA fosse uniforme, i positroni percorrerebbero un'orbita elicoidale con raggio, centro e passo costante; per ogni traccia esisterebbe quindi una precisa relazione lineare fra  $v_z$  e  $v_\phi$  al variare dell'angolo  $\theta$  di emissione, dove  $\phi$  rappresenta l'angolo percorso girando attorno al centro della spirale. Si noti che  $\varphi \neq \phi$ : infatti  $\varphi$  è l'angolo polare rispetto all'origine degli assi,  $\phi$  è l'angolo azimutale rispetto al centro della spirale; per conoscere  $\phi$  è dunque necessario conoscere i parametri della circonferenza della spirale. Inoltre, se il bersaglio fosse puntiforme, la spirale sarebbe tangente all'asse  $z$  (cioè tutte le circonferenze di cui è composta, se proiettate sul piano  $(x, y)$ , passerebbero per il punto  $(0, 0)$ ). In presenza di un campo uniforme ad ogni evento sarebbe possibile associare un coefficiente  $m = \frac{\partial \phi}{\partial z}$  e tutti gli *hit* prodotti dallo stesso positrone giacerebbero su una stessa retta nel piano  $(z, \phi)$ ; pertanto ogni traccia  $i$  sarebbe caratterizzata da una circonferenza ed una retta sue proprie, cioè da un centro  $(x_0^i, y_0^i)$ , un raggio  $r^i$ , un coefficiente angolare  $m^i$  ed un'intercetta  $q^i$  con l'asse  $z = 0$ .

Come descritto nella sezione 2.3.2, il campo magnetico di COBRA non è in realtà uniforme, per cui i positroni percorrono una traiettoria elicoidale a passo, raggio e centro variabili (le circonferenze di cui è composta la spirale, se proiettate su  $(x, y)$  si mantengono comunque tangenti al vertice di decadimento del  $\mu$ ). Tuttavia le relazioni esposte possono essere ritenute ancora valide con buona approssimazione nell'ambito dello stesso giro, cioè all'interno della stessa porzione di traccia. Tenendo conto di queste considerazioni, per ogni frammento  $i$  di traccia che contenga almeno MINPFCIRC *hit* si eseguono due fit: uno circolare che sfrutta la proiezione degli *hit* sul piano  $(x, y)$ , ed uno lineare che invece utilizza la proiezione sul piano  $(z, \phi)$ .

Il primo di questi due fit è il più importante, in quanto un errore sulla valutazione del centro della circonferenza si propagherà sulla valutazione della  $\phi$  di ogni punto. Per eseguire questo fit si considerano tutti gli *hit* che fanno parte dell'insieme  $u_i$  (con il loro errore), più il punto  $(0, 0)$ , con un errore fissato dai due parametri XERRONTARG e YERRONTARG<sup>5</sup> fissati in base al diametro della proiezione del bersaglio di MEG sul piano  $(x, y)$ . Il risultato del fit, che consiste nelle coordinate  $(x_0^i, y_0^i)$  del centro e nel raggio  $r^i$ , viene ritenuto valido se  $r^i$  è compreso fra due parametri, MINACCEPTRADIUS e MAXACCEPTRADIUS. Se questo controllo dà esito negativo, il gruppo viene considerato non fittato e non sarà considerato nei passaggi successivi (gli *hit* che fanno parte del gruppo potrebbero essere comunque recuperati associandoli ad altri insiemi tramite le estrapolazioni, come si vedrà in seguito). Il controllo sul raggio aiuta ad escludere fit falliti o tracce provenienti da spiralizzazioni anomale dei positroni.

Se il fit circolare ha avuto successo si procede al passaggio successivo, cioè il fit sul piano  $(z, \phi)$ . Si calcola la variabile  $\phi$  rispetto a  $(x_0^i, y_0^i)$  per ogni *hit* di  $u_i$ , e si esegue il fit lineare suddetto, da cui si ricavano  $m_i$  e  $q_i$ . Per ogni gruppo vengono inoltre salvati il valore massimo  $\phi_M^i$ , il valore minimo  $\phi_m^i$  ed il valore medio  $\langle \phi \rangle^i$  di  $\phi$  e le corrispondenti coordinate  $z$ . Si calcola infine la lunghezza dell'arco  $L_{arc}^i = r^i \cdot (\phi_M^i - \phi_m^i)$ ; il fit viene considerato valido se  $L_{arc}^i > (\vartheta_i \cdot \text{ARCLENGHT})$ , dove il parametro ARCLENGHT rappresenta il limite inferiore alla distanza media fra gli *hit* di  $u_i$ . Questo controllo risulta particolarmente efficace nell'escludere gruppi con molti errori di tipo 1 o tracce a "V", simili a quella della figura 3.12, che spesso risultano avere un numero di *hit* grande rispetto alla ridotta differenza angolare fra il primo e l'ultimo. La figura 3.13 mostra i due fit di una porzione di traccia eseguiti con successo. La figura 3.14 mostra invece un fit eseguito sul piano  $(x, y)$  che è stato considerato fallito a causa del taglio imposto da ARCLENGHT. Entrambe le figure 3.13 e 3.14 si riferiscono al caso  $\sigma_z = 5$  cm.

Se entrambi i fit hanno successo, il gruppo viene considerato valido e per esso vengono calcolati anche il campo magnetico  $B^i$  e la sua incertezza nel punto medio del frammento  $(\langle r \rangle, \langle \varphi \rangle, \langle z \rangle)$ , valutati attraverso un apposito metodo presente in ANALYZER. Indichiamo con  $\hat{n}_2$  il numero di insiemi per i quali i fit hanno avuto successo: tali insiemi hanno un nu-

<sup>5</sup>Si noti che non è disponibile a priori alcuna informazione sul vertice di decadimento del muone, per cui il passaggio da  $(0, 0)$  con un'incertezza è l'unica scelta possibile per richiedere che la traccia attraversi il bersaglio.

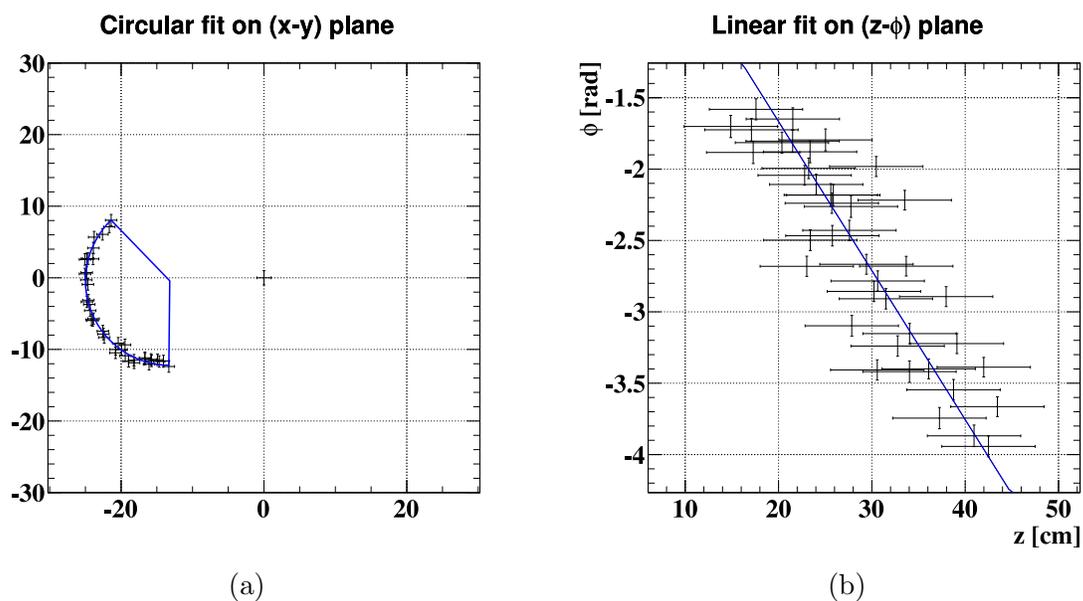


Figura 3.13: Fit eseguiti con successo per una porzione di traccia con  $\sigma_z = 5$  cm.

(a): fit circolare sul piano  $(x, y)$

(b): fit lineare sul piano  $(z, \phi)$

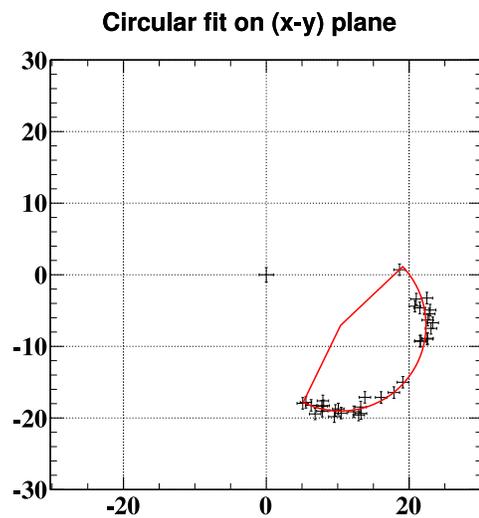


Figura 3.14: Fit considerato fallito a causa del taglio imposto da ARCLENGTH per un frammento individuato nel caso  $\sigma_z = 5$  cm. Proiezione sul piano  $(x, y)$ .

mero di *hit* superiore alla soglia ed hanno superato i tagli. Si noti che  $1 \leq \hat{n}_2 \leq \hat{n}_1$ ; inoltre questo numero tende a diminuire all'aumentare del numero di ripetizioni della procedura completa grazie alle unioni ed alle estrapolazioni. Se l'algoritmo opera correttamente e gli errori sui punti non sono troppo grandi, dopo un appropriato numero di ripetizioni  $\hat{n}_2 \approx \hat{n}$ . Riassumendo, per ogni frammento di traccia  $i$  interpolato con successo saranno noti:

- le coordinate del centro della spirale  $(x_0^i, y_0^i)$  con le loro incertezze  $\sigma_{x_0}^i$  e  $\sigma_{y_0}^i$ ,
- il raggio della spirale  $r^i$  con la sua incertezza  $\sigma_r^i$ ,
- i parametri  $m^i = \frac{\partial \phi}{\partial z}$  e  $q^i = \phi(0)$  della relazione  $\phi(z) = m \cdot z + q$  con le loro incertezze  $\sigma_m^i$  e  $\sigma_q^i$ ,
- la  $\phi$  massima, minima e media  $\phi_M^i$ ,  $\phi_m^i$ ,  $\langle \phi \rangle^i$  ed i corrispondenti  $z(\phi_M^i)$ ,  $z(\phi_m^i)$ ,  $z(\langle \phi \rangle^i) = \langle z \rangle^i$ ,
- il campo magnetico medio  $B^i = B(\langle r \rangle, \langle \varphi \rangle, \langle z \rangle)$  e la sua incertezza  $\sigma_B^i$ .

Questi dati saranno utili nelle fasi successive.

La qualità dei fit migliora progressivamente ad ogni ripetizione, in quanto se le unioni e le estrapolazioni sono eseguite correttamente esse aggiungono informazioni sull'effettivo sviluppo della porzione di traccia considerata; tuttavia oltre un certo numero di ripetizioni non si ha più alcun progresso, per cui il numero massimo di ripetizioni viene fissato dal parametro di analisi FITTINGLOOPS. Un altro piccolo contributo al miglioramento si ottiene scegliendo per i valori iniziali dei parametri di fit ad una certa ripetizione i risultati della ripetizione precedente, se disponibili.

I parametri di analisi scelti per il fit dei frammenti nei tre casi di  $\sigma_z$  esaminati sono riassunti dalla tabella 3.3. In particolare MINPFCIRC è stato scelto osservando che il

Tabella 3.3: Parametri di analisi dei fit

| Parametro       | $\sigma_z = 1$ cm | $\sigma_z = 5$ cm | $\sigma_z = 10$ cm |
|-----------------|-------------------|-------------------|--------------------|
| MINPFCIRC       | 6                 | 6                 | 6                  |
| XERRONTARG      | 1.0 cm            | 1.0 cm            | 1.0 cm             |
| YERRONTARG      | 1.0 cm            | 1.0 cm            | 1.0 cm             |
| MINACCEPTRADIUS | 9.0 cm            | 9.0 cm            | 9.0 cm             |
| MAXACCEPTRADIUS | 21.0 cm           | 21.0 cm           | 21.0 cm            |
| ARCLENGHT       | 0.35 cm           | 0.35 cm           | 0.35 cm            |
| FITTINGLOOPS    | 5                 | 4                 | 4                  |

fit di una circonferenza eseguito con meno di 6 punti è soggetto ad errori molto alti, XERRONTARG ed YERRONTARG sono fissati ad 1 cm, il diametro della proiezione sul piano  $(x, y)$

del bersaglio, MINACCEPTRADIUS e MAXACCEPTRADIUS sono scelti tenendo conto di come variano le traiettorie dei positroni di segnale al variare dell'angolo  $\theta$  di emissione, ARCLENGHT è determinato dall'osservazione di distribuzioni come quella mostrata in figura 3.9 (d) e FITTINGLOOPS è stato scelto per minimizzare gli errori senza aumentare eccessivamente il tempo richiesto per l'esecuzione del programma.

### Unione dei frammenti

Uno dei due modi in cui l'informazione direzionale ricavata dai fit di ogni frammento può essere utilizzata è quello di tentare di unire fra loro gli insiemi i cui *hit* appartengono a circonferenze simili e giacciono su rette nel piano  $(z, \phi)$  con parametri simili, tentando di ricomporre per intero ogni porzione di traccia presente nell'evento. Si tratta del punto più delicato della procedura di associazione degli *hit* nella camera a deriva: un errore in questa fase potrebbe avere serie conseguenze sull'analisi che potrebbero essere non correggibili anche nei passaggi successivi.

La procedura di confronto ed unione delle tracce avviene in tre passaggi:

1. riempimento di una matrice di confronto, che indichiamo con  $C$ ,
2. lettura della matrice  $C$  ed unione dei frammenti,
3. aggiornamento dei fit sul gruppo unito.

La matrice  $C$  è una matrice quadrata  $\hat{n}_2 \times \hat{n}_2$  il cui elemento  $C_{ij}$  rappresenta il  $\chi^2$  del confronto fra il frammento  $i$  ed il frammento  $j$ . Quindi  $C$  deve essere una matrice simmetrica con diagonale nulla: il confronto di  $i$  con  $j$  deve dare lo stesso risultato di quello di  $j$  con  $i$  ed il confronto di una traccia con sé stessa deve dare risultato zero. Se queste condizioni non sono rispettate al termine del riempimento di  $C$  il programma visualizza un messaggio di errore.

Nel riempire la matrice  $C$ , diversamente dal caso dei fit, è importante tenere presenti le correzioni introdotte dalla particolare configurazione di COBRA. In particolare per il campo magnetico di COBRA che è lentamente variabile, si può applicare la condizione di invarianza adiabatica. Pertanto le componenti perpendicolari dell'impulso di un positrone  $p_{\perp}(i)$  e  $p_{\perp}(j)$  in due punti  $i$  e  $j$  sono legate ai corrispondenti valori del campo magnetico longitudinale  $B_i$  e  $B_j$  dalla relazione

$$\frac{p_{\perp}^2(i)}{B_i} = \frac{p_{\perp}^2(j)}{B_j} \quad (3.5)$$

Sfruttando la nota relazione  $r = p_{\perp}/qB$  la (3.5) può essere riscritta nella forma

$$r_i^2 \cdot B_i = r_j^2 \cdot B_j \quad (3.6)$$

Inoltre, sfruttando la conservazione dell'impulso e notando che

$$p_z(i) = M_e \cdot v_z = M_e \cdot \frac{\partial z}{\partial \phi} \cdot \frac{\partial \phi}{\partial t} = M_e \cdot \frac{\omega}{m_i} \quad (3.7)$$

dove  $M_e$  è la massa dell'elettrone ed  $\omega$  la velocità angolare, si può ricavare la relazione

$$m_j = m_i \cdot \frac{B_j}{B_i} \cdot \left( 1 + (r_i \cdot m_i)^2 \left( 1 - \frac{B_j}{B_i} \right) \right)^{-\frac{1}{2}} \quad (3.8)$$

che espressa in questo modo ha lo svantaggio di non essere simmetrica per scambio di  $i$  e  $j$ . Se tuttavia si introduce la notazione

$$\alpha_{j/i} \doteq r_i^2 \left( 1 - \frac{B_j}{B_i} \right) \quad (3.9)$$

è possibile riscrivere la relazione (3.8) nella forma

$$m_i^2 \cdot \alpha_{j/i} + m_j^2 \cdot \alpha_{i/j} + m_i^2 \cdot m_j^2 \cdot \alpha_{i/j} \cdot \alpha_{j/i} = 0 \quad (3.10)$$

che è simmetrica per scambio degli indici. Un'altra utile riscrittura della (3.8) che sfrutta la (3.9) è

$$\left( \frac{m_j}{m_i} \right)^2 = \left( \frac{B_j}{B_i} \right)^2 \cdot \left( \frac{1}{1 + m_i^2 \cdot \alpha_{j/i}} \right) = \left( \frac{B_j}{B_i} \right)^2 \cdot \beta_{j/i} \quad (3.11)$$

dove si è introdotta la notazione  $\beta_{j/i} \doteq (1 + m_i^2 \cdot \alpha_{j/i})^{-1}$ . Questa forma non è tuttavia simmetrica per scambio degli indici.

Il riempimento della matrice  $C$  avviene secondo i seguenti passaggi:

**1) Scelta degli insiemi di confronto:** si seleziona un primo insieme  $u_i$  e si valuta il segno della sua  $\langle z \rangle^i$ ; poi si sceglie un secondo insieme  $u_j$  (con  $i \neq j$ ) e si considera  $\langle z \rangle^j$ .  $C_{ij}$  viene posta automaticamente ad infinito<sup>6</sup> se i due hanno segno diverso, cioè se le tracce appartengono a due metà diverse della camera, a meno che non si verifichi la condizione  $|\langle z \rangle^i - \langle z \rangle^j| < 2\sigma_z$  per tener conto degli effetti di risoluzione nella misura della coordinata longitudinale.

**2) Calcolo delle variabili di taglio:** vengono calcolate le seguenti quantità:

- La distanza  $D_{ij}$  fra i centri  $(x_0^i, y_0^i)$  e  $(x_0^j, y_0^j)$  delle due circonferenze.
- L'asimmetria radiale

$$A(r)_{ij} = 2 \cdot \frac{r_i \sqrt{B_i} - r_j \sqrt{B_j}}{r_i \sqrt{B_i} + r_j \sqrt{B_j}}$$

calcolata in riferimento alla (3.6).

---

<sup>6</sup>In questo ed in tutti i casi successivi, dicendo "porre una quantità ad infinito" si intende porla uguale a 99999.9, una costante che eccede largamente il taglio sul massimo valore accettabile per quella quantità in tutti i casi che saranno presentati.

- L'asimmetria angolare

$$A(m)_{ij} = \frac{\left( \left( \frac{m_i}{m_j} \right)^2 + \left( \frac{m_j}{m_i} \right)^2 \right) - \left( \left( \frac{B_j}{B_i} \right)^2 \cdot \beta_{j/i} + \left( \frac{B_i}{B_j} \right)^2 \cdot \beta_{i/j} \right)}{\left( \frac{m_i}{m_j} \right)^2 + \left( \frac{m_j}{m_i} \right)^2 + \left( \frac{B_j}{B_i} \right)^2 \cdot \beta_{j/i} + \left( \frac{B_i}{B_j} \right)^2 \cdot \beta_{i/j}}$$

calcolata in riferimento alla (3.11).

- Una  $z$  calcolata estrapolando dalla traccia  $i$  a metà della distanza angolare fra la traccia  $i$  e la traccia  $j$ , detta  $\bar{z}_i$ , tale che

$$\bar{z}_i = \langle z \rangle_i \pm \left| \frac{\langle \phi \rangle_i - \langle \phi \rangle_j}{2} \right| \frac{1}{m_i}$$

dove il segno è scelto nella direzione di avvicinamento di  $i$  verso  $j$ , e la sua simmetrica  $\bar{z}_j$  (ottenuta scambiando  $i$  con  $j$ ), rispetto alle quali è poi possibile valutare l'asimmetria dell'estrapolazione

$$A(\text{ext})_{ij} = 2 \cdot \frac{\bar{z}_i - \bar{z}_j}{\bar{z}_i + \bar{z}_j}$$

Si noti che questa estrapolazione è lineare, cioè trascura la correzione magnetica a  $m_i$ .

Si noti inoltre che ogni variabile di taglio è costruita in modo da essere simmetrica per scambio di  $i$  e  $j$ .

### 3) Calcolo degli elementi del $\chi^2$ : a questo punto si calcolano:

- Il  $\chi^2$  di confronto dei centri:

$$\chi_c^2 = \frac{(x_0^i - x_0^j)^2 + (y_0^i - y_0^j)^2}{\sigma_c^2}$$

- Il  $\chi^2$  di confronto dei raggi:

$$\chi_r^2 = \frac{(r_i \cdot \sqrt{B_i} - r_j \cdot \sqrt{B_j})^2}{\sigma_r^2}$$

calcolato in riferimento alla (3.6).

- Il  $\chi^2$  di confronto dei coefficienti angolari:

$$\chi_m^2 = \frac{m_i^2 \cdot \alpha_{j/i} + m_j^2 \cdot \alpha_{i/j} + m_i^2 \cdot m_j^2 \cdot \alpha_{i/j} \cdot \alpha_{j/i}}{\sigma_m^2}$$

calcolato in riferimento alla (3.10).

- Il  $\chi^2$  di confronto della  $z$  estrapolata:

$$\chi_{\text{ext}}^2 = \frac{(\bar{z}_i - \bar{z}_j)^2}{\sigma_{\text{ext}}^2}$$

In ognuna delle fomule precedenti, la  $\sigma_a^2$  al denominatore rappresenta la varianza della quantità  $a$  al numeratore, ottenuta tramite la propagazione degli errori. Infine sommandoli si ricava il  $\chi^2$  totale:

$$\chi_{TOT}^2 = \chi_c^2 + \chi_r^2 + \chi_m^2 + \chi_{\text{ext}}^2$$

**4) Scrittura dell'elemento  $C_{ij}$ :** Le grandezze calcolate al punto 2 vengono confrontate con quattro parametri di analisi: la massima distanza fra i centri DISCENTRAL, la massima asimmetria dei raggi DISRADIAL, la massima asimmetria dei coefficienti angolari DISASIMMANG e la massima asimmetria della  $z$  estrapolata DISDEPTH. Si verifica poi se una delle due condizioni seguenti è verificata:

- $|D_{ij}| < \text{DISCENTRAL}$
- $|A(r)_{ij}| < \text{DISRADIAL}$
- $|A(m)_{ij}| < \text{DISASIMMANG}$
- $|A(\text{ext})_{ij}| < \text{DISDEPTH}$

tutte contemporaneamente vere, oppure

- le stesse condizioni di prima, ma con tutti i parametri di analisi moltiplicati per 1.5
- $\chi_{TOT}^2 < \text{SAFECHISQUARED}$

contemporaneamente vere. Se il controllo da esito positivo,  $C_{ij}$  viene posto uguale a  $\chi_{TOT}^2$ , altrimenti viene posto uguale ad infinito.

Una volta terminata la procedura si verifica che la matrice  $C$  appena costruita abbia le caratteristiche attese, ovvero che sia simmetrica ed a diagonale nulla. Se viene individuato un elemento contenente un valore maggiore del parametro di analisi MAXACCHISQUARED, esso viene posto uguale ad infinito.

Si inizia quindi a leggere la matrice riga per riga, trascurando ovviamente gli elementi nulli sulla diagonale. Se nella riga  $k$  si individuano elementi non infiniti (e quindi corrispondenti a  $\chi^2$  reali fra due tracce), si sceglie il più piccolo di essi e si memorizza a quale colonna appartiene (supponiamo sia la  $h$ ); si controlla quindi se all'interno della colonna  $h$  l'elemento più piccolo è quello corrispondente alla riga  $k$ . In caso positivo significa che l'unione delle tracce  $k$  ed  $h$  è la migliore e tutti gli  $hit$  appartenenti ad  $u_h$  vengono riassociati a  $u_k$ . L'insieme  $u_h$  viene quindi distrutto e tutti gli elementi di  $C$  aventi uno dei due indici

uguali a  $k$  o  $h$  vengono rimpiazzati con infinito. In questo modo ad ogni ripetizione, ogni gruppo può partecipare al più ad una sola unione.

Se l'unione viene operata, sul nuovo insieme  $u_k$  che adesso contiene anche gli *hit* di  $u_h$  vengono subito eseguiti gli stessi fit descritti nel paragrafo precedente, aggiornando tutti i valori già presentati, in modo da procedere all'estrapolazione della fase successiva con i fit sul nuovo gruppo risultante dall'unione.

Si può notare che la procedura si basa su molti criteri (parzialmente correlati fra loro); questa scelta è motivata principalmente dalla richiesta di mantenere più laschi possibili i vari tagli che vengono effettuati, in modo da massimizzare il numero di unioni minimizzando contemporaneamente il rischio di introdurne alcune sbagliate.

La figura 3.15 mostra i quattro contributi al  $\chi^2$  per un evento contenente una traccia di

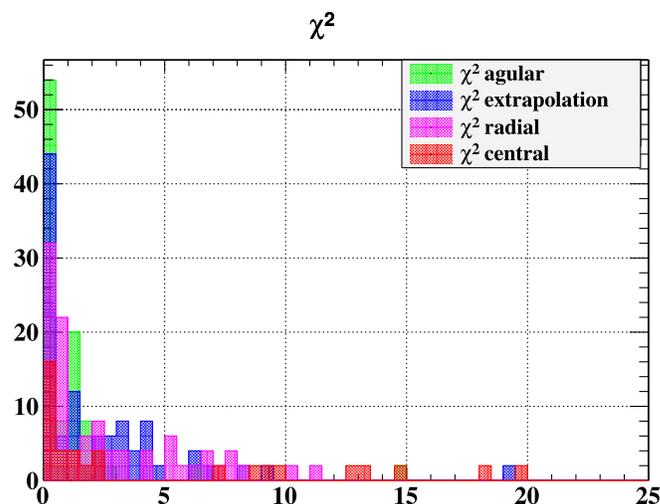


Figura 3.15: Distribuzione dei quattro contributi al  $\chi^2$  ( $\chi_m^2$  in verde,  $\chi_{\text{ext}}^2$  in blu,  $\chi_r^2$  in magenta e  $\chi_c^2$  in rosso) per un evento contenente una traccia di segnale e quattro di Michel, nel caso  $\sigma_z = 5$  cm, durante la prima ripetizione. Sono mostrati solo i  $\chi^2$  calcolati nel confronto di frammenti appartenenti alla stessa porzione di traccia.

segnale e quattro di Michel, nel caso  $\sigma_z = 5$  cm, durante la prima ripetizione, per tutti i confronti fra frammenti prodotti dalla stessa porzione di traccia.

I parametri di analisi individuati per l'unione dei frammenti nei tre casi di possibile  $\sigma_z$  sono riassunti dalla tabella 3.4. I parametri da scegliere con maggior cura sono DISCENTRAL e DISRADIAL, che si riferiscono ai fit eseguito sul piano  $(x, y)$ . Questi fit, infatti, di solito sono più precisi di quelli sul piano  $(z, \varphi)$  poichè hanno una dipendenza meno forte da  $\sigma_z$ . Si può notare come i parametri SAFECHISQUARED e MAXACCHISQUARED siano sostanzialmen-

Tabella 3.4: Parametri di analisi dell'unione dei frammenti

| Parametro       | $\sigma_z = 1$ cm | $\sigma_z = 5$ cm | $\sigma_z = 10$ cm |
|-----------------|-------------------|-------------------|--------------------|
| DISCENTRAL      | 1.25 cm           | 1.18 cm           | 1.0 cm             |
| DISRADIAL       | 0.20              | 0.16              | 0.12               |
| DISASIMMANG     | 2.0               | 1.5               | 0.9                |
| DISDEPTH        | 2.0               | 2.0               | 1.5                |
| SAFECHISQUARED  | 30.0              | 30.0              | 25.0               |
| MAXACCHISQUARED | 75.0              | 75.0              | 75.0               |

te costanti al variare di  $\sigma_z$ . Questo è ragionevole, dal momento che, per definizione, la distribuzione del  $\chi^2$  tiene automaticamente conto degli errori nella sua definizione.

### Estrapolazione dai frammenti

L'altro modo in cui l'informazione direzionale ricavata dai fit di ogni frammento può essere utilizzata è quello di cercare di prolungare un frammento estrapolandone lo sviluppo, in modo da poter associare ad esso altri *hit* che ne costituiscano la continuazione. L'estrapolazione, come l'unione, ha lo scopo di limitare gli errori di tipo 2. Tuttavia, mentre nel caso dell'unione si cerca di riunire integralmente due insiemi (entrambi valutati tramite fit), nel caso dell'estrapolazione si aggiungono singoli *hit* basandosi sui fit di un solo insieme (infatti gli *hit* aggiunti potrebbero anche far parte di insiemi sui quali i fit non sono stati effettuati o non hanno avuto successo). Dal momento che si tende ad aggiungere alcuni punti alla volta e non un insieme per intero, le conseguenze di un'associazione sbagliata in questa fase sono meno gravi di quelle dovute ad un'unione sbagliata. Nonostante ciò, i benefici che derivano da un'estrapolazione corretta sono considerevoli: infatti ogni *hit* in più permette di stimare meglio i parametri dei fit e di ridurre gli errori, e quindi può consentire anche di realizzare un'unione che alla ripetizione precedente era stata esclusa dai tagli, a causa di parametri stimati in modo poco preciso o di un insufficiente numero di punti.

Nel *TrackIdentifier* sono state predisposte due strategie alternative di estrapolazione, simili ma non equivalenti, dette "metodo della massima traccia" e "metodo del minimo  $\chi^2$ ". I motivi per questa doppia scelta saranno chiariti dopo aver illustrato il principio di funzionamento di questi due metodi. La differenza è soprattutto legata al ruolo che le due procedure hanno nello sviluppo dell'analisi.

Le estrapolazioni, così come le unioni, includono le correzioni magnetiche dovute al particolare campo di COBRA. In particolare si continua ad utilizzare la relazione (3.6). Per quanto riguarda la variazione del coefficiente angolare della retta sul piano  $(z, \phi)$  si può osservare invece che, a meno di correzioni al second'ordine sulla grandezza  $|1 - \frac{B_j}{B_i}|$ , la (3.8)

può essere approssimata con

$$m_j \approx m_i \cdot \frac{B_j}{B_i} \quad (3.12)$$

Questa semplificazione consente una maggiore rapidità di calcolo, per cui sarà usata in fase di estrapolazione al posto della (3.8).

**Il metodo della massima traccia** si basa su una semplice ipotesi: l'insieme  $u_i$  che ha  $\vartheta_i$  più grande (la "massima traccia", appunto) è quello, in linea di principio, noto con la maggior precisione, perché il fit è stato eseguito su più punti.

L'algoritmo procede secondo una procedura iterativa strutturata come segue:

- 1) **Scelta dell'insieme:** fra gli insiemi  $u_i$  per i quali esiste un fit valido si sceglie quello che, prima dell'inizio delle estrapolazioni, aveva la dimensione più piccola, cioè quello con  $\vartheta_i$  minore. Sia  $u_e$  quest'insieme.
- 2) **Scelta dell'*hit* di confronto:** nell'insieme degli *hit*, ordinati secondo la sequenza di lettura (quindi casualmente), si seleziona il primo che non appartiene alla traccia  $u_e$ . Sia  $h_0$  quest'*hit*.
- 3) **Tagli preliminari su  $z$ :** prima di passare a calcoli più complessi, si verifica che valgano le seguenti condizioni:

- $\langle z \rangle^e$  ha lo stesso segno di  $z_{h_0}$  **oppure** sia  $|\langle z \rangle^e|$  che  $|z_{h_0}|$  sono  $< 2\sigma_z$
- $|\langle z \rangle^e - z_{h_0}| < \text{MAXDZINEXTRAP}$

Se queste condizioni non sono soddisfatte, si passa al punto 6, altrimenti si procede al punto successivo.

- 4) **Confronto fra traccia ed *hit*:** se i controlli preliminari su  $z$  vengono soddisfatti, si passa al vero e proprio confronto fra l'*hit* e l'estrapolazione della traccia. In particolare si confronta la distanza di  $h_0$  dal centro  $(x_0^e, y_0^e)$  moltiplicata per  $\sqrt{B_{h_0}}$  (dove  $B_{h_0}$  rappresenta il modulo del campo magnetico calcolato nella posizione di  $h_0$ ) con  $r_e \cdot \sqrt{B_e}$ , sempre riferendosi alla (3.6). Chiamiamo  $D_r$  il modulo di questa differenza. Per l'estrapolazione nel piano  $(z, \phi)$ , si calcola il modulo  $D_\phi$  della differenza fra  $\phi_{h_0}$ , calcolata ovviamente rispetto alla circonferenza con centro  $(x_0^e, y_0^e)$ , ed una  $\bar{\phi}^e$  estrapolata. Per il calcolo di  $\bar{\phi}^e$  si presentano due casi:

- se  $z(\phi_m^e) < z_{h_0} < z(\phi_M^e)$  si tratta formalmente di un'interpolazione, non un'estrapolazione. In questo caso, infatti, si cerca di recuperare un *hit* "interno" ad  $u_e$  la cui associazione, per qualche motivo, è fallita durante la prima selezione geometrica. Si applica quindi lo stesso algoritmo a  $B$  costante che si era assunto

in fase di fit, per cui la  $\bar{\phi}^e$  è semplicemente calcolata in approssimazione lineare a partire dal punto medio di  $u_e$

$$\bar{\phi}^e = \langle \phi \rangle^e + m^e (z_{h_0} - \langle z \rangle^e)$$

- se invece  $z_{h_0} \notin [z(\phi_m^e), z(\phi_M^e)]$ , si deve effettivamente eseguire un'estrapolazione. In particolare, se  $z_{h_0} > z(\phi_M^e)$  si estrapola in avanti a partire proprio da  $\phi_M^e$ , per cui

$$\bar{\phi}^e = \phi_M^e + \tilde{m}^e (z_{h_0} - z(\phi_M^e))$$

mentre se  $z_{h_0} < z(\phi_m^e)$  si estrapola all'indietro a partire da  $\phi_m^e$ , cioè

$$\bar{\phi}^e = \phi_m^e - \tilde{m}^e (z_{h_0} - z(\phi_m^e))$$

In entrambi i casi  $\tilde{m}^e = m^e \cdot \frac{B(h_0)}{B_e}$ , in riferimento alla (3.12).

- 5) Riassociazione dell'*hit*:** Si introducono i parametri di selezione ACCRADIUS e ACCZPHI e si verifica se per l'*hit* estrapolato valgono le seguenti condizioni

- $|D_r| < \text{ACCRADIUS}$
- $|D_\phi| < \text{ACCZPHI}$

In caso positivo l'*hit* viene deassociato dal suo gruppo precedente e riassociato a  $u_e$ . Se, in questa procedura, il gruppo a cui precedentemente apparteneva  $h_0$  dovesse andare sotto-soglia nel numero di *hit* minimo per eseguire un fit, vale a dire MINPFORCIRC, questo gruppo non sarà utilizzato come base per le estrapolazioni nelle iterazioni successive.

- 6) Passaggio all'*hit* successivo:** Si torna quindi al passo 2 scegliendo, al posto di  $h_0$  l'*hit*  $h_1$  successivo nell'elenco, che non sia già associato ad  $u_e$ . Se questo *hit* non esiste (cioè se la lista degli *hit* disponibili è esaurita), si passa al punto successivo.
- 7) Passaggio all'*insieme* successivo:** Si torna al passo 1 scegliendo come successivo insieme  $u_e$  da estrapolare quello con meno *hit* fra quelli rimasti per i quali esiste un fit valido e che non siano andati sottosoglia al passo 5. Se questo insieme non esiste si passa al punto successivo.
- 8) Fine del processo:** Il processo è concluso in quanto tutti gli insiemi per i quali esiste un fit valido sono stati estrapolati o il loro numero di *hit* è sotto-soglia per l'esecuzione di un fit, in ordine dal più piccolo al più grande.

La procedura appena descritta estrapola dai frammenti in ordine crescente di dimensioni. Siccome, al passo 5, è previsto che un *hit* si sposti dall'insieme precedente di appartenenza a quello rispetto al quale si sta estrapolando, l' $n$ -esima iterazione può cancellare le estrapolazioni avvenute nelle precedenti  $n - 1$ . Questo significa che viene data più importanza

all'ultimo frammento estrapolato, che aveva, in origine, il maggior numero di *hit*, da cui il nome della procedura (“massima traccia”). Si noti che al passo 1 è stato precisato che ci si riferisce alle dimensioni degli insiemi prima dell'inizio delle estrapolazioni, per cui anche se il gruppo  $u_k$  diventa più numeroso di  $u_{k+1}$  a seguito dell'estrapolazione stessa, al passaggio successivo sarà comunque considerato l'insieme  $u_{k+1}$ , che al termine di tale passaggio potrà risultare nuovamente più grande di  $u_k$ , ribaltando di nuovo la gerarchia<sup>7</sup>.

Il taglio su  $z$  determinato dal parametro `MAXDZINEXTRAP` dev'essere molto lasco, e serve principalmente a limitare il numero di confronti da eseguire per ridurre il tempo di calcolo. Infatti l'estrapolazione potrebbe anche congiungere frammenti di traccia abbastanza distanti fra loro, per cui questo parametro dovrebbe essere impostato ad un valore sicuramente superiore alla massima distanza longitudinale fra *hit* della stessa porzione.

Il metodo della massima traccia ha il vantaggio di gestire separatamente, tramite due distinti parametri di analisi, le estrapolazioni sul piano  $(x, y)$  e quelle sul piano  $(z, \phi)$ , consentendo di calibrare opportunamente i parametri di analisi in funzione della precisione con cui è nota la  $z$ . Inoltre è il più efficace dei due metodi di estrapolazione nel limitare il numero di errori di tipo 2, perchè tende a lasciare intatta la composizione dei gruppi. Difatti, anche se opera spostando gli *hit* da un insieme all'altro, gli elementi che già appartengono ad un insieme non vengono riassociati a meno che un altro insieme, prolungandosi tramite estrapolazioni, non incroci il primo. Lo scopo principale del metodo della massima traccia è proprio quello di ampliare gli insiemi esistenti già numerosi, raccogliendo *hit* da quelli piccoli e sparsi. Come si vedrà, invece, l'altro metodo di estrapolazione ha un modo più “fluidico” di trattare gli insiemi ed un diverso ruolo nell'analisi.

Per i motivi appena esposti il metodo della massima traccia viene eseguito più spesso di quello del minimo  $\chi^2$ : esso viene infatti utilizzato in tutte le ripetizioni, esclusa la seconda. La ragione di questa particolare scelta sarà fornita nella discussione sul secondo metodo di estrapolazione. Esiste anche un'opzione attivabile all'interno del programma che rende quello della massima traccia l'unico metodo di estrapolazione. Tuttavia è stato osservato che attivando questa opzione tutte le efficienze risultano peggiorate, per cui l'opzione di default è stata predisposta in modo che il *TrackIdentifier* sfrutti anche il metodo del minimo  $\chi^2$ .

**Il metodo del minimo  $\chi^2$**  assomiglia, nella struttura, alla procedura per l'unione dei frammenti simili. Infatti anch'esso prevede di riempire una matrice, che stavolta chiameremo  $E$ , con degli elementi ognuno dei quali rappresenta un  $\chi^2$ . La matrice  $E$  però è sostanzialmente diversa da  $C$ : prima di tutto non è quadrata, bensì ha  $n_{cyl}$  righe (ognuna corrispondente ad un *hit*) e  $\hat{n}_2$  colonne, una per ogni gruppo fittato con successo. Ciò implica che  $E$  non debba avere le stesse caratteristiche di simmetria di  $C$  e questo costituisce

---

<sup>7</sup>Ciò accade a meno che  $u_{k+1}$  non vada sotto-soglia nel numero di *hit*, nel qual caso non sarà estrapolato. Quest'ultimo controllo serve principalmente a velocizzare l'algoritmo, ma contribuisce anche a migliorarne l'efficienza.

una semplificazione nel calcolo degli elementi che la compongono.

Il riempimento della matrice  $E$  viene effettuato attraverso i seguenti passaggi:

**1) Scelta del gruppo e dell'*hit*:** è innanzitutto necessario scegliere l'insieme  $u_e$  e l'*hit*  $h$  da confrontare, per determinare l'elemento di matrice  $E_{he}$ . Questa scelta, diversamente dal caso precedente, procede secondo l'ordine con cui gli *hit* sono stati letti ed i gruppi sono stati creati, senza priorità di scelta legata alle dimensioni.

**2) Tagli preliminari su  $z$ :** prima di passare a calcoli più complessi, proprio come nel punto 3 del metodo di estrapolazione della massima traccia, si verifica che valgano alcune condizioni:

- $\langle z \rangle^e$  ha lo stesso segno di  $z_h$  **oppure** sia  $|\langle z \rangle^e|$  che  $|z_h|$  sono  $< 2\sigma_z$
- $|\langle z \rangle^e - z_h| < \text{MAXDZINEXTRAP}$

Se queste condizioni non sono soddisfatte, viene posto  $E_{he} = \infty$  e si passa all'*hit* successivo (o alla traccia successiva, se quello appena considerato era l'ultimo *hit*), altrimenti si procede al passo 3. Si noti che il parametro di analisi MAXDZINEXTRAP è lo stesso per entrambi i metodi di estrapolazione, per cui valgono le stesse considerazioni svolte nella discussione del metodo precedente.

**3) Calcolo dell'elemento di matrice  $E_{he}$ :** si calcolano

- il  $\chi^2(r)$  che confronta insieme ed *hit* sul piano  $(x, y)$ . In particolare

$$\chi^2(r)_{he} = \frac{(r_e \sqrt{B_e} - r_h \sqrt{B_h})^2}{\sigma_r^2}$$

dove  $r_h$  rappresenta la distanza fra  $h$  e  $(x_0^e, y_0^e)$ .

- il  $\chi^2(\phi)_{he}$  che confronta insieme ed *hit* sul piano  $(z, \phi)$ . In particolare

$$\chi^2(\phi)_{he} = \frac{(\bar{\phi}_e - \phi_h)^2}{\sigma_\phi^2}$$

dove  $\phi_h$  rappresenta l'angolo di  $h$  rispetto a  $(x_0^e, y_0^e)$  e

$$\bar{\phi}_e = \langle \phi \rangle^e + \tilde{m}_e(z_h - \langle z \rangle^e)$$

con  $\tilde{m}_e = m^e \cdot \frac{B(h)}{B_e}$ . Per come la procedura è articolata, in questo caso non ha senso distinguere fra interpolazione ed estrapolazione.

In entrambi i casi i denominatori rappresentano le varianze delle quantità al numeratore, determinate tramite la propagazione degli errori. Si pone quindi:

$$E_{he} = \chi^2(r)_{he} + \chi^2(\phi)_{he} \quad (3.13)$$

e si introduce un parametro di soglia **ERRORTHRESHOLD**. Se  $E_{he} > \text{ERRORTHRESHOLD}$  si pone  $E_{he} = \infty$ .

Una volta che la matrice è completamente riempita, la si scorre riga per riga, ovvero *hit* per *hit*, ed in ogni riga si sceglie l'elemento minore; l'*hit* viene quindi assegnato al gruppo corrispondente a quella colonna, che può equivalentemente essere o non essere il gruppo in cui già si trovava. L'*hit* resta associato al gruppo in cui si trovava prima dell'inizio dell'estrapolazione solo se tutti gli elementi della riga sono infiniti.

Questo tipo di estrapolazione ha un approccio diverso e più svincolato dagli insiemi. Infatti, il metodo non guarda agli insiemi come gruppi di *hit*, ma esclusivamente come un elenco di parametri di fit. In un certo senso, è come se all'inizio di questa estrapolazione si perdesse memoria di quali sono gli *hit* presenti in ogni gruppo e si conservassero solo le informazioni puramente direzionali della porzione di traccia che esso rappresenta (centro, raggio, relazione  $z-\phi$ ). Ogni *hit* viene quindi confrontato da capo con ogni possibile sviluppo di traccia, ed associato a quello che meglio lo rappresenta. In sostanza questo meccanismo di estrapolazione rimette in discussione ogni insieme individuato precedentemente ed opera sugli *hit* in esso contenuti una correzione magnetica puntuale (e non mediata, come avviene durante i fit). Questo approccio può consentire, in qualche caso, di smembrare gli insiemi derivanti da unioni sbagliate. Lo scopo di questa tecnica di estrapolazione, quindi, non è tanto quello di limitare gli errori di tipo 2, quanto piuttosto quello di reinterpretare tutti i gruppi rimettendone in discussione ogni membro. Al successivo passaggio dalla fase di fit ci si aspetta che la conoscenza della porzione di traccia migliori.

Questo secondo tipo di estrapolazione viene eseguito una sola volta, e per la precisione alla seconda ripetizione. Il motivo di tale scelta dipende dal fatto che alla fine della prima ripetizione vengono uniti fra loro anche i piccoli frammenti tramite la seconda selezione geometrica. Tramite questa procedura, molti dei piccoli insiemi passano sopra-soglia nel numero di elementi necessario ad effettuare un fit, per cui aumenta il campione di gruppi con i quali è possibile confrontare ogni *hit* durante il processo di estrapolazione. In altre parole, dopo aver concluso la prima ripetizione ed aver operato la seconda selezione geometrica, la matrice  $E$  che si può costruire avrà più colonne, aumentando per ogni *hit* la probabilità di trovare il candidato migliore fra tutti gli insiemi ai quali è possibile associarlo.

I parametri di analisi individuati per le estrapolazioni nei tre casi di possibile  $\sigma_z$  sono riassunti dalla tabella 3.5. La scelta di questi parametri è stata fatta in modo da massimizzare

Tabella 3.5: Parametri di analisi delle estrapolazioni

| Parametro      | $\sigma_z = 1$ cm | $\sigma_z = 5$ cm | $\sigma_z = 10$ cm |
|----------------|-------------------|-------------------|--------------------|
| MAXDZINEXTRAP  | 25.0 cm           | 19.0 cm           | 19.0 cm            |
| ACCRADIUS      | 1.75 cm           | 1.65 cm           | 1.60 cm            |
| ACCZPHI        | 0.6 rad           | 0.7 rad           | 0.9 rad            |
| ERRORTHRESHOLD | 2.0               | 2.1               | 2.1                |

l'efficienza dell'algoritmo, riducendo il più possibile tutti i tipi di errore.

### Deassociazione dei piccoli frammenti

Prima di concludere il processo di associazione degli *hit* della camera a deriva, il *TrackIdentifier* esegue un'ultima operazione: la cancellazione di tutti gli insiemi con  $\vartheta_i$  minore del parametro d'analisi MINPforcirc tramite la deassociazione di tutti gli *hit* appartenenti a tali insiemi. Questo procedimento implica una deliberata introduzione di errori di tipo 3 nell'identificazione delle tracce.

L'operazione di deassociazione è motivata da due considerazioni. La prima è che la cancellazione delle tracce brevi consente di eliminare almeno una parte degli errori di tipo 2. Infatti, per quanto ridotte possano essere, le porzioni di traccia di segnale nella camera contano sempre almeno una decina di *hit*, per cui le tracce che vengono eliminate tramite questo passaggio sono principalmente quelle derivanti da positroni di Michel che hanno appena sfiorato la camera a deriva, oppure da quegli insiemi che sono rimasti piccoli a causa di una mancata unione o estrapolazione che, per qualche motivo, non è stata eseguita.

La seconda considerazione è che molto spesso gli *hit* appartenenti agli insiemi cancellati non aggiungono un'informazione cruciale al fine della ricostruzione della traiettoria del positrone, ma tendono ad essere punti estremali o comunque “fuori asse” rispetto al cammino della particella. Quest'effetto si verifica soprattutto quando si passa da un piano all'altro dei fili nella camera.

In generale si è giunti alla conclusione che avere un numero di porzioni di tracce ricostruite maggiormente vicino alla realtà fosse più conveniente che conservare sempre ed in ogni caso tutta l'informazione, compresa una parte priva di utilità (infatti le informazioni che si possono trarre da singoli *hit* o gruppetti di pochi *hit* non associati a nessuna traccia più lunga sono praticamente irrilevanti). In altre parole gli errori di tipo 3 deliberatamente introdotti in questo passaggio sono meno pericolosi dei corrispettivi errori di tipo 2, che aumenterebbero significativamente il numero di tracce stimate e potrebbero rendere più complessa l'associazione col TC e le analisi successive.

Al termine della deassociazione avremo individuato  $\hat{n}_3$  tracce nella camera.  $\hat{n}_3$  rappresenta una stima più affidabile rispetto a  $\hat{n}_2$  del numero  $\hat{n}$  di porzioni di traccia che hanno prodotto un segnale significativo nella camera.

Si consideri ad esempio la figura 3.16, che mostra lo stesso evento della figura 3.11 al termine della procedura di analisi. Come si può notare, i punti deassociati non avrebbero significativamente migliorato la conoscenza delle traiettorie dei positroni. Per questo evento in particolare,  $\hat{n} = 11$  e  $\hat{n}_3 = 14$ , sono stati commessi 35 errori di tipo 1, 86 errori di tipo 2 e 38 errori di tipo 3 su un totale di 364 *hit*. Il modo per contare questi errori sarà spiegato per esteso nel paragrafo 3.3.6.

Al termine del processo di associazione nella camera a deriva, il *TrackIdentifier* avrà costruito una serie di insiemi che indicano il modo in cui gli *hit* visti nel rivelatore dovrebbero

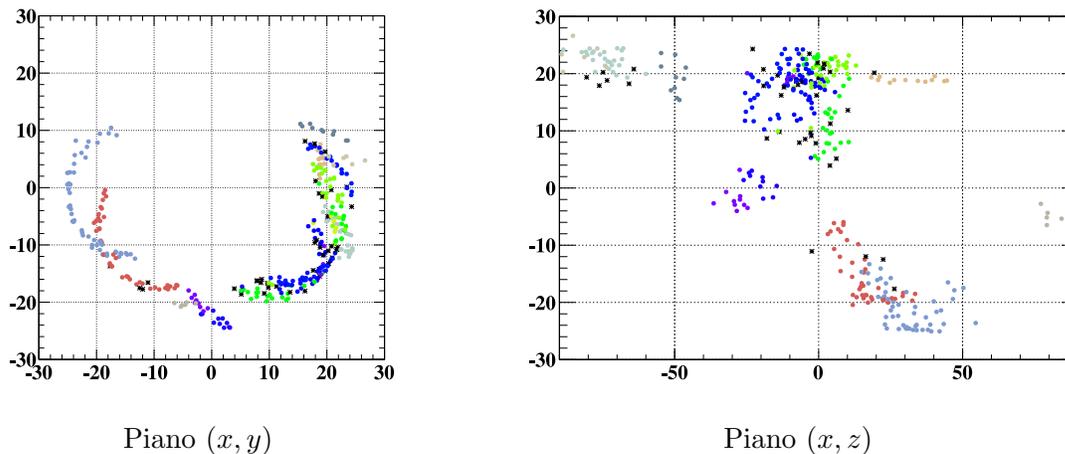


Figura 3.16: Situazione al termine dell'analisi per lo stesso evento presentato in figura 3.11, formato da un positrone di segnale e quattro di Michel con  $\sigma_z = 5$  cm, proiettata sul piano  $(x, y)$  e sul piano  $(z, x)$  (nella figura non è rispettata la proporzione fra  $x$  e  $z$ ). I punti con lo stesso colore sono stati associati allo stesso insieme. Gli asterischi neri rappresentano gli *hit* deassociati.

essere raggruppati fra loro. L'efficienza di tale processo sarà dettagliatamente discussa nella sezione 3.3.6.

### 3.3.4 Associazione fra insiemi nel TC ed insiemi nella camera

Una volta associati fra loro gli *hit* prodotti dai positroni nel TC (come descritto nel paragrafo 3.3.2) e quelli nella camera (come descritto nel paragrafo 3.3.3), il terzo passo consiste nel mettere in relazione gli uni e gli altri, cercando di riunire quelli prodotti dallo stesso positrone, che ha attraversato in sequenza entrambi i rivelatori.

Riguardo a questa associazione è opportuno precisare immediatamente che:

- Non tutte le porzioni di traccia individuate nella camera hanno un corrispettivo nel TC, in quanto le tracce di Michel colpiscono gli scintillatori in media nel  $\approx 25\%$  dei casi, a causa del raggio ridotto della loro traiettoria, e le tracce di segnale lo colpiscono solitamente dopo il primo o il secondo giro; questo comporta che numerosi insiemi di *hit* prodotti nella camera a deriva resteranno privi di un insieme corrispondente nel TC. Si noti inoltre che gli insiemi individuati nel TC sono certamente in numero molto inferiore (tipicamente  $< \frac{1}{10}$ ) di quelli individuati nella camera, anche a causa del fatto che le tracce nella DCH sono ulteriormente divise in porzioni.

- L'associazione DCH-TC verrà sempre considerata una proprietà delle porzioni di traccia prodotte nella camera, non di quelle nel TC. Ciò significa che sarà possibile avere più porzioni di traccia associate allo stesso insieme di *hit* nel TC. In altre parole, la funzione che associa gli insiemi della camera a quelli del TC non è invertibile. Questo serve ad evitare che si commettano errori nei casi in cui il positrone passa nel TC nel momento in cui le tracce sono convenzionalmente divise in porzioni, o in cui due frammenti della stessa porzione non sono stati uniti nelle fasi precedenti ed il positrone ha attraversato il TC nella parte della sua traiettoria compresa fra i due frammenti.
- Ai fini dell'analisi non è ritenuto vincolante che tutte le tracce nel TC siano associate. In altre parole, la procedura di analisi ammette l'esistenza di tracce individuate nel TC tali che nessuna porzione identificata nella camera risulta associata ad esse. Questa scelta deriva dalle caratteristiche del processo di associazione nel TC, come verrà spiegato nel paragrafo 3.3.6. Conseguentemente questa scelta renderà necessaria una piccola reinterpretazione riguardo al tipo di errori che si possono commettere.

In quest'ultima associazione esistono due tipi di errore, di natura diversa da quelli che riguardano separatamente l'associazione degli *hit* nei due rivelatori. Chiameremo questi errori "associazioni errate" (*wrong matches*) ed "associazioni perse" (*lost matches*).

**Un'associazione errata** viene commessa quando si associa una porzione di traccia nella camera ad una nel TC prodotta da un positrone diverso. Questo ha per conseguenza l'associazione di un tempo sbagliato al positrone a cui appartiene la porzione di traccia.

**Un'associazione persa** viene invece commessa ogni volta che non viene associato alcun tempo ad un positrone passato nella camera che aveva colpito anche il TC. Questo avviene per ogni positrone che ha prodotto *hit* nel TC, ma per il quale nessuna porzione di traccia nella camera risulta associata ad essi. In altre parole, il numero di associazioni perse è zero se, per ogni positrone che ha colpito il TC, si è individuata almeno una traccia nella camera ad esso associata.

Una spiegazione sul modo in cui questi errori vengono valutati e sulla qualità dell'associazione fra camera e TC sarà fornita nel paragrafo 3.3.6.

La procedura di associazione fra TC e DCH ha anche una logica leggermente diversa dalle precedenti. Infatti, sia per il TC che per la camera, esisteva una sequenza di selezioni che serviva a rimuovere progressivamente gli errori di tipo 1 e 2 spostando gli *hit* fra i gruppi. In questo caso, invece, ogni selezione ha il compito di creare una relazione fra i gruppi di *hit* nei due rivelatori, e l'ordine con cui esse vengono eseguite è dovuto alla loro efficacia: prima la migliore, poi la peggiore. In altre parole la seconda selezione viene applicata solo agli insiemi individuati nella camera che non sono stati associati ad una traccia nel TC dalla prima selezione (che è più affidabile).

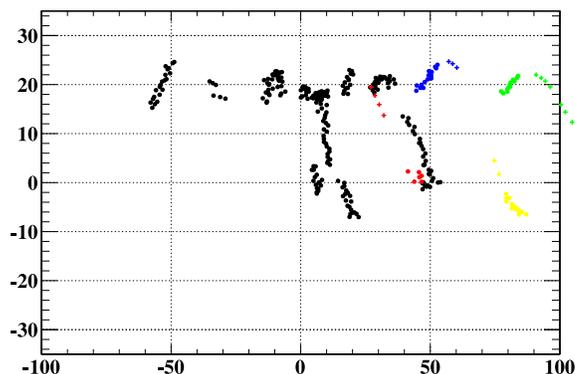


Figura 3.17: Esempio di associazione (priva di errori di entrambi i tipi) fra *hit* nella camera ed *hit* nel TC, proiettata sul piano  $(z, x)$ , nel caso  $\sigma_z = 1$  cm. L'evento è formato da una traccia di segnale e 4 tracce di Michel. I puntini rappresentano gli *hit* nella camera, le crocette quelli nel TC. I punti neri sono quelli non associati a nessuna traccia nel TC; le crocette nere sono quelle ai quali non è stata associata nessuna porzione di traccia della camera. Le crocette colorate sono quelle a cui è stata associata almeno una traccia nella camera, i punti colorati dello stesso colore sono quelli appartenenti a tutti gli insiemi nella camera associati a quella traccia nel TC.

La figura 3.17 mostra un esempio di associazione (priva di errori di entrambi i tipi) fra *hit* nella camera ed *hit* nel TC, per un evento con  $\sigma_z = 1$  cm.

### Prima selezione: metodo dell'estrapolazione

Il primo metodo d'associazione fra insiemi nel TC ed insiemi nella camera si basa su una tecnica simile a quella discussa nel paragrafo 3.3.3, per l'estrapolazione dai frammenti, senza, tuttavia, utilizzare matrici.

Un'operazione preliminare, necessaria per questa selezione, è il calcolo del campo magnetico  $B_J$  nel punto medio di ogni insieme  $U_J$  corrispondente ad una traccia  $J$  individuata nel TC.

Si selezionano innanzitutto tutte le porzioni di traccia della camera sulle quali sono stati eseguiti con successo i fit e tali che

$$2(r^i + 2\sigma_r^i) \geq R_{cyl} \quad (3.14)$$

dove  $R_{cyl} = 30$  cm corrisponde al raggio complessivo della camera. Se l'associazione degli *hit* nella camera non contiene errori, le porzioni di traccia che rispettano la (3.14) sono

le uniche porzioni che possono aver colpito il TC; infatti ogni circonferenza descritta sul piano  $(x, y)$  dal positrone è idealmente tangente al punto  $(0, 0)$ , per cui la massima distanza raggiunta dall'asse del fascio è il diametro  $2r^i$ . Se questa distanza (considerando anche il contributo dell'errore e dell'incertezza dovuta alle dimensioni trasverse del bersaglio) non è sufficiente per far uscire il positrone dalle pareti esterne della camera, la porzione viene ignorata da questa selezione.

Per ogni porzione di traccia  $i$  della camera che verifica la (3.14), si esegue un confronto con tutte le tracce  $J$  individuate nel TC. Anzitutto si verifica che la distanza fra uno dei due punti estremali del gruppo  $U_J$  del TC  $(\hat{X}_{U_J}, \hat{Y}_{U_J}, \hat{Z}_{U_J})_{R,L}$  (già calcolati durante la seconda selezione dell'associazione degli *hit* del TC) e uno dei due punti estremali del gruppo  $u_i$  della camera  $(x^i, y^i, z^i)_{m,M}$  sia minore del parametro di analisi MAXDISCYLTC. I punti  $(x^i, y^i, z^i)_{m,M}$  sono così definiti:

$$\begin{aligned} x_{m,M}^i &= x_0^i + r^i \cos(\phi_{m,M}^i) \\ y_{m,M}^i &= y_0^i + r^i \sin(\phi_{m,M}^i) \\ z_{m,M}^i &= z(\phi_{m,M}^i) \end{aligned}$$

Naturalmente la scelta fra R ed L e fra  $m$  ed  $M$  è tale da considerare i due estremi più vicini fra loro.

Per ogni coppia  $(i, J)$  che rispetta questo controllo, basato esclusivamente sulla distanza, si calcola la quantità

$$\chi_{iJ}^2 = \chi^2(r)_{iJ} + \chi^2(\phi)_{iJ}$$

dove i termini  $\chi^2(r)_{iJ}$  e  $\chi^2(\phi)_{iJ}$  sono molto simili a quelli che entrano nella (3.13). In particolare

$$\chi^2(r)_{iJ} = \frac{1}{\eta_J} \sum_{H_K \in U_J} \frac{(r^i \sqrt{B_i} - r_K \sqrt{B_J})^2}{\sigma_r^2(K)}$$

dove  $r_K$  rappresenta la distanza fra il centro  $(x_0^i, y_0^i)$  e le coordinate  $(X_K, Y_K)$  dell'*hit*  $H_K$  nel TC appartenente ad  $U_J$  e  $\eta_J$  indica la dimensione dell'insieme  $U_J$ . Anche in questo caso  $\sigma_r^2(K)$  è la varianza del numeratore, calcolata per ogni  $H_K$  con la propagazione degli errori. Si noti che il campo  $B_K$  della posizione di  $H_K$  è approssimato con quello del punto medio  $B_J$  perché sulle dimensioni tipiche di una traccia nel TC ( $< 10$  cm) le variazioni del campo magnetico sono praticamente trascurabili.

Analogamente

$$\chi^2(\phi)_{iJ} = \frac{1}{\eta_J} \sum_{H_K \in U_J} \frac{(\bar{\phi}_K^i - \phi_K^i)^2}{\sigma_\phi^2(K)}$$

dove  $\phi_K^i$  è l'angolo formato dalle coordinate  $(X_K, Y_K)$  dell'*hit*  $H_K$  nel TC appartenente ad  $U_J$  calcolate rispetto al centro  $(x_0^i, y_0^i)$  e  $\bar{\phi}_K^i$  rappresenta l'angolo estrapolato a partire dal fit del gruppo  $u_i$ , ovvero:

$$\bar{\phi}_K^i = \langle \phi \rangle^i + \tilde{m}_J^i (Z_K - \langle z \rangle^i)$$

dove  $\tilde{m}_J^i = m^i \cdot \frac{B_J}{B_i}$ . Anche in questo caso  $\sigma_\phi^2(K)$  è la varianza del numeratore, calcolata al variare di  $H_K$ , e  $B_K$  è approssimato con  $B_J$ .

A questo punto, per ogni traccia  $i$  nella camera si sceglie la traccia  $J$  nel TC che minimizza  $\chi_{iJ}^2$ ; se il minimo  $\chi_{iJ}^2$  così individuato è  $<$  del parametro MAXCHISQCYLTC essa viene poi associata ad  $i$ . Si noti come con questo metodo, come già anticipato, una porzione di traccia della camera può essere associata ad un solo insieme nel TC, ma ogni insieme nel TC può essere associato a più porzioni nella camera.

Si noti anche come il principio sul quale è basata questa selezione sia molto simile al caso dell'extrapolazione col metodo del minimo  $\chi^2$ : non vengono infatti considerate le singole coordinate degli *hit* appartenenti agli insiemi  $u_i$  della camera, ma soltanto le caratteristiche direzionali della porzione dedotte dai fit. Anche in questo caso, quindi, si usa un'interpretazione "astratta" degli insiemi. Come sarà mostrato nel prossimo paragrafo, lo stesso criterio interpretativo non vale per la seconda selezione.

### Seconda selezione: metodo della minima distanza

La seconda selezione non viene eseguita sui gruppi nella camera che sono già stati associati tramite la prima selezione. Nella situazione ideale questa selezione non dovrebbe quindi mai avere successo, ma si verifica "sperimentalmente" che essa interviene sempre più frequentemente al crescere di  $\sigma_z$ .

Se una porzione di traccia della camera non è stata presa in considerazione nella prima selezione significa che il suo fit era inesistente, non valido o che il raggio stimato con esso era troppo piccolo. D'ora in avanti non si farà alcuna distinzione fra questi tre casi, cioè si supporrà di non disporre di alcuna informazione direzionale sui gruppi  $u_i$  della camera che verranno considerati in questa selezione. Si noti in particolare che quest'assunzione verrà applicata anche agli insiemi per i quali i fit esistono ma che hanno  $r^i$  inferiore al minimo secondo la (3.14).

Sugli insiemi che verranno considerati è quindi possibile una sola assunzione, che la loro dimensione  $\vartheta_i$  sia  $>$  MINPFORCIRC, perché altrimenti gli *hit* ad essi appartenenti sarebbero stati deassociati. Ordiniamo allora gli *hit* in ordine crescente di  $|z|$  e selezioniamo i primi MINPFORCIRC *hit* formando un sottoinsieme; calcoliamo poi le coordinate medie di questo sottoinsieme indicandole con  $(\hat{x}_{u_i}, \hat{y}_{u_i}, \hat{z}_{u_i})$ . Tali coordinate costituiscono una stima ragionevole della posizione del punto estremo del gruppo.

Si procede quindi al confronto con gli insiemi del TC:

- Se la porzione di traccia si trova nella metà della camera con  $z > 0$ , si calcola la distanza di  $(\hat{x}_{u_i}, \hat{y}_{u_i}, \hat{z}_{u_i})$  da tutti i  $(\hat{X}_{U_J}, \hat{Y}_{U_J}, \hat{Z}_{U_J})_L$  tali che  $(\hat{Z}_{U_J})_L > \hat{z}_{u_i}$ .
- Se la porzione di traccia si trova nella metà della camera con  $z < 0$ , si calcola la distanza di  $(\hat{x}_{u_i}, \hat{y}_{u_i}, \hat{z}_{u_i})$  da tutti i  $(\hat{X}_{U_J}, \hat{Y}_{U_J}, \hat{Z}_{U_J})_R$  tali che  $(\hat{Z}_{U_J})_R < \hat{z}_{u_i}$ .

Fra le distanze calcolate per ogni  $u_i$  da tutti gli  $U_J$  si sceglie la più piccola; supponiamo sia la  $K$ . Se questa risulta  $<$  del parametro MAXDISUNFITTED la traccia  $K$  nel TC viene

associata alla porzione  $i$  nella camera che stiamo considerando.

Si noti che questa procedura permette di associare solo tracce nel TC che si trovano a  $z$  più lontane dal bersaglio rispetto alla porzione nella camera. La sequenza è quindi fissata: spostandosi da  $z = 0$  verso le estremità il positrone deve attraversare prima la camera, poi il TC. Se, in un secondo momento, esso rientra nella camera, la seconda selezione non permette l'accoppiamento, mentre la prima selezione sì, in quanto essa non opera distinzione sull'ordine in  $|z|$  degli insiemi.

Il secondo metodo di associazione è, com'è facile intuire, molto meno efficace ed assai più soggetto ad errori rispetto al precedente, per cui è necessario scegliere tagli molto severi per poterlo utilizzare. Tuttavia, se gli eventi sono poco affollati ed il numero di tracce che colpisce il TC è basso, la differenza di qualità fra i due metodi non risulta determinante ai fini della bontà dell'analisi. Come si vedrà infatti nella sezione 3.3.6, un calo anche marcato della qualità dell'associazione degli *hit* nella camera a deriva non ha, come conseguenza, una variazione altrettanto marcata del numero di errori nell'associazione fra DCH e TC.

La tabella 3.6 riassume i parametri utilizzati nell'intero processo di associazione degli insiemi fra camera a deriva e TC.

Tabella 3.6: Parametri utilizzati per l'associazione degli insiemi fra camera a deriva e TC

| Parametro      | $\sigma_z = 1$ cm | $\sigma_z = 5$ cm | $\sigma_z = 10$ cm |
|----------------|-------------------|-------------------|--------------------|
| MAXDISCYLTC    | 35 cm             | 30 cm             | 25 cm              |
| MAXCHISQCYLTC  | 30                | 30                | 30                 |
| MAXDISUNFITTED | 15 cm             | 14 cm             | 15 cm              |

### 3.3.5 Dati in uscita e tempi di esecuzione

Un processo completo di analisi di un singolo evento, con i parametri di analisi indicati nelle tabelle dei paragrafi precedenti, senza produrre in uscita grafici o file di testo ma effettuando le operazioni per il calcolo delle efficienze, richiede all'incirca 30 ms (equivalenti a 2000 analisi al minuto). Non si è osservata alcuna significativa variazione di questo tempo per diversi valori di  $\sigma_z$ , utilizzando i parametri d'analisi indicati nei paragrafi precedenti. Questo tempo di esecuzione è ragionevolmente compatibile con le richieste in termini di velocità di calcolo per l'analisi dei dati di MEG-2.

Il *TrackIdentifier* può fornire in uscita numerosi grafici, dei quali quelli presentati nelle figure 3.11, 3.13, 3.17 e 3.19 costituiscono alcuni esempi. La produzione di alcuni di questi grafici richiede, almeno nella versione attuale del programma, di intervenire direttamente sul codice. Quando il programma sarà aggiornato per poter analizzare i dati sperimentali, si potrà operare una selezione dei grafici più significativi e rendere attivabile la loro pro-

duzione, come è stato fatto per il *TreeReader*.

Per concludere, il programma trascrive i dati analizzati su un file di testo chiamato *Analyzed.txt* che contiene:

- Il numero totale  $\hat{n}_3$  di porzioni di traccia individuate nella camera.
- Il numero totale  $\hat{N}_2$  di tracce individuate nel TC.
- Per ogni porzione di traccia nella camera:
  - l'indice  $i$  del gruppo  $u_i$  che si sta trascrivendo
  - le coordinate  $x, y, z$  di ogni *hit* appartenente ad  $u_i$ , in ordine casuale
  - l'indice  $J$  dell'eventuale gruppo  $U_J$  del TC associato ad  $u_i$
  - le coordinate  $x, y, z$  ed il tempo  $t$  di ogni *hit* appartenente ad  $U_J$ , in ordine casuale
- le coordinate  $x, y, z$  di ogni *hit* nella camera non associato a nessun insieme  $u_i$
- le coordinate  $x, y, z$  ed il tempo  $t$  di ogni *hit* del TC alla quale non risulta associata alcuna traccia

### 3.3.6 Prestazioni dell'analisi

Nell'associazione degli *hit* della camera, gli errori di tipo 1 e 2 compiuti su ogni porzione possono mescolarsi fra loro in modo complicato, rendendo non ovvia la misura dell'efficienza dell'algoritmo. In alcuni casi definire come contare gli errori sarà anche, come si vedrà, una questione di interpretazione. Non è nemmeno evidente stabilire quale dei due tipi di errore risulti più dannoso.

Gli errori di tipo 3, in compenso, sono meno pericolosi se restano in numero inferiore ad una certa soglia dato che, visto il gran numero di celle colpite per una traccia di segnale ( $\approx 70$ ), è meglio perdere qualche punto che creare false associazioni; come si è discusso in precedenza, questo tipo di errore può infatti essere volontariamente introdotto allo scopo di limitare l'incidenza degli altri, senza contemporaneamente perdere le informazioni più significative. Come sarà discusso in seguito, gli errori di tipo 3 hanno anche un'origine fisica, non solo legata ad inefficienze dell'algoritmo. Una conferma indiretta di questa asserzione può essere individuata nel fatto che la frazione di errori di tipo 3 risulta quasi indipendente da  $\sigma_z$ , mentre la frazione di errori di tipo 1 e 2 dipendono fortemente da questa quantità.

In ogni caso la qualità dell'analisi è legata alla capacità di stimare e tenere sotto controllo tutti e tre questi errori; le fasi di simulazione e mescolamento sono state infatti predisposte per poter verificare le prestazioni dell'algoritmo su eventi simulati di cui si conoscono tutte le caratteristiche. Ogni fase dell'analisi introduce i suoi errori, per cui nei paragrafi seguenti

ognuna di esse sarà discussa separatamente. La qualità dell'associazione nella camera a deriva sarà discussa in maggior dettaglio essendo quella di maggior interesse nel contesto di questo lavoro di tesi. Per semplicità di esposizione in questo paragrafo si tratterà l'efficienza di tale associazione prima delle altre.

### Efficienza dell'associazione nella camera a deriva

Per la valutazione dell'efficienza dell'associazione nella camera a deriva, come è stato discusso nella sezione 3.3.3, si considera di aver commesso un errore di tipo 1 ogni volta che si inserisce, nel gruppo destinato a contenere gli *hit* di una certa porzione di traccia, anche un *hit* appartenente ad una diversa porzione, mentre si considera errore di tipo 2 ogni *hit* prodotto da quella porzione e non inserito nel corrispondente gruppo. Dunque, come già osservato, nella valutazione dell'efficienza è considerato ugualmente grave associare allo stesso insieme *hit* prodotti da due positroni diversi o dallo stesso positrone in due giri diversi.

Per valutare correttamente gli errori commessi si costruisce la matrice  $\Xi$ . Ogni colonna di questa matrice rappresenta una porzione di traccia esistente nel file di testo analizzato, mentre ogni riga rappresenta uno degli  $\hat{n}_3$  insiemi individuati al termine del processo di associazione nella camera. L'elemento di matrice  $\Xi_{i\nu}$  contiene il numero di *hit* appartenenti alla porzione  $\nu$  che sono stati associati all'insieme  $u_i$ .

Se l'algoritmo non commettesse errori di nessun tipo,  $\Xi$  sarebbe una matrice quadrata  $\hat{n} \times \hat{n}$  (si ricordi che  $\hat{n}$  rappresenta il numero totale di porzioni di traccia nella camera presenti nel file di testo letto dal *TrackIdentifier*) con un solo elemento non nullo per ogni coppia (riga, colonna) che quindi, con opportuni scambi di righe, potrebbe essere portata banalmente in forma diagonale. Infatti, in questo caso, ogni gruppo conterrebbe tutti e soli gli *hit* prodotti da una singola porzione di traccia.

Nel caso reale  $\Xi$  è una matrice  $\hat{n}_3 \times \hat{n}$ , non necessariamente quadrata. Gli elementi “fuori diagonale” (dove la “diagonale” è costituita, per ogni colonna, dall'elemento massimo) rappresentano gli errori ed il loro tipo (1 o 2) dipende da come la matrice  $\Xi$  viene letta. Si procede come segue: per ogni colonna  $\nu$  della matrice si individua l'insieme (la riga) che ha più *hit*; indichiamo con  $k$  questa riga. Il gruppo  $u_k$  rappresenta la migliore approssimazione della porzione di traccia  $\nu$  considerata, che si troverebbe sulla diagonale se la matrice fosse quadrata. Gli errori di tipo 2 si leggono in verticale, cioè percorrendo la colonna: infatti ogni altro *hit* presente nella colonna  $\nu$ -esima  $\Xi_{i\nu}$  con  $i \neq k$  avrebbe dovuto essere associato a  $k$ , ma è finito in un gruppo diverso. Quindi il numero  $\xi_2^\nu$  di errori di tipo 2 compiuti nell'associare gli *hit* della porzione  $\nu$  è dato da

$$\xi_2^\nu = \sum_{i \neq k} \Xi_{i\nu} \quad \text{con } k = \text{Max}(\Xi_{j\nu}) \quad j = 1, \dots, \hat{n}_3 \quad (3.15)$$

Gli errori di tipo 1, invece, si leggono in orizzontale cioè per riga: infatti ogni *hit* presente nella riga  $k$ -esima  $\Xi_{k\tau}$  con  $\tau \neq \nu$  è un punto che è stato associato al gruppo  $k$ -esimo pur

essendo stato prodotto in una porzione di traccia diversa da quella di cui  $k$  è il miglior rappresentante. Quindi il numero  $\xi_1^\nu$  di errori di tipo 1 compiuti nell'associare gli *hit* della porzione  $\nu$  è dato da

$$\xi_1^\nu = \sum_{\tau \neq \nu} \Xi_{k\tau} \quad \text{con } k = \text{Max}(\Xi_{j\nu}) \quad j = 1, \dots, \hat{n}_3 \quad (3.16)$$

Aver definito  $\xi_1^\nu$  in questo modo porta ad alcune conseguenze interessanti: in particolare può accadere che un insieme  $u_i$  non sia il miglior rappresentante di nessuna porzione di traccia, oppure che sia il miglior rappresentante di più di una traccia. Nel primo caso, gli errori di tipo 1 non sarebbero conteggiati su  $u_i$ , in quanto non ha molto senso controllare la contaminazione di un gruppo che non rappresenta nessuna traccia; questo gruppo influirà dunque solo sugli errori di tipo 2 di ogni porzione di traccia che contiene. Per capire cosa avviene nel secondo caso, invece, supponiamo che uno stesso gruppo contenga il maggior numero di *hit* sia della porzione  $\nu$  che della porzione  $\tau$  e quindi che costituisca l'elemento che dovrebbe stare sulla “diagonale” per due colonne diverse. Allora, quando è interpretato come il miglior rappresentante della porzione  $\nu$ , ogni *hit* della porzione  $\tau$  sarà visto come un errore, e viceversa quando è interpretato come il miglior rappresentante della porzione  $\tau$ , ogni *hit* della porzione  $\nu$  sarà contato come errore. In questo modo, è possibile che un insieme contenga più *hit* di contaminazione che *hit* corretti. Questa definizione è importante per valutare le unioni sbagliate, che come detto sono molto pericolose: si consideri come esempio il caso estremo in cui tutti gli *hit* di un evento con molte porzioni di traccia vengano associati ad un unico gruppo  $u_0$ ;  $\Xi$  sarebbe allora una matrice  $1 \times \hat{n}$  cioè con una sola riga, l'unico insieme esistente sarebbe il miglior rappresentante di tutte le porzioni e gli errori di tipo 2 sarebbero zero (se tutti gli *hit* sono nello stesso gruppo, non se ne può aver perso nessuno). Tuttavia per ogni porzione di traccia ci sarebbe un numero di errori di tipo 1 pari alla somma di tutti gli *hit* non appartenenti a quella porzione.

Si può intuire come un aumento del numero di gruppi stimati  $\hat{n}_3$ , vale a dire di righe di  $\Xi$ , tenda a diminuire gli errori di tipo 1 ed aumentare quelli di tipo 2: infatti se aumenta  $\hat{n}_3$  significa che l'algoritmo ha spezzettato le porzioni più del dovuto, a causa probabilmente di tagli troppo severi durante l'analisi. Al contrario, se  $\hat{n}_3$  si riduce aumentano gli errori di tipo 1 e diminuiscono quelli di tipo 2: l'algoritmo ha unito più insiemi di quanti avrebbe dovuto, a causa di tagli troppo laschi in tutte le fasi. Un buon indice di un corretto funzionamento del *TrackIdentifier* è quando risulta  $\hat{n}_3 \approx \hat{n}$ . Si noti che nel caso ideale  $\hat{n}_3$  è uguale a  $\hat{n}$ , ma naturalmente non vale l'implicazione inversa, in quanto se  $\hat{n}_3 = \hat{n}$  non è detto che gli errori siano nulli.

Per concludere, il numero totale errori di tipo 3 per la traccia  $\nu$ , indicato con  $\xi_3^\nu$ , è banalmente pari alla somma totale degli *hit* deassociati prodotti dalla traccia  $\nu$ . Si noti che gli errori di tipo 3 non rientrano volutamente nel computo degli altri due tipi di errori e sono trattati a parte, per cui non sono inclusi nella matrice  $\Xi$ .

La figura 3.18 presenta la matrice  $\Xi$  calcolata per la ricostruzione presentata nella figura 3.16 che ha 11 porzioni di traccia: le porzioni 1000 e 2000 derivano dalla traccia di segnale,

|    | 1000 | 1152 | 1288 | 1368 | 1580 | 2000 | 2152 | 2580 | 3580 | 4580 | 5580 |
|----|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| 0  | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 6    |
| 3  | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 6    | 0    | 0    | 0    | 0    |
| 9  | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 21   | 0    | 0    | 0    | 6    | 0    |
| 16 | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 10   | 0    |
| 18 | 0    | 3    | 0    | 49   | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    |
| 22 | 0    | 0    | 12   | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    |
| 30 | 0    | 39   | 0    | 2    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    |
| 32 | 14   | 0    | 0    | 0    | 1    | 0    | 0    | 1    | 0    | 0    | 0    |
| 36 | 10   | 0    | 0    | 0    | 1    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    |
| 37 | 12   | 0    | 0    | 0    | 8    | 0    | 0    | 13   | 1    | 0    | 0    |
| 38 | 1    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 1    | 37   | 0    | 0    |
| 58 | 0    | 0    | 0    | 0    | 23   | 0    | 0    | 11   | 0    | 0    | 0    |
| 64 | 0    | 0    | 0    | 0    | 8    | 0    | 0    | 21   | 1    | 0    | 0    |
| 67 | 1    | 0    | 0    | 0    | 4    | 0    | 0    | 1    | 0    | 0    | 0    |

Figura 3.18: Matrice  $\Xi$  per l'evento mostrato in figura 3.16. Nei rettangoli rossi sono evidenziati i gruppi che costituiscono i migliori rappresentanti di ogni porzione.

le altre da tracce di Michel di fondo. Come era stato osservato, in questo caso gli errori di tipo 2 sono più numerosi di quelli di tipo 1: infatti la matrice risulta avere più righe che colonne ed alcune righe non costituiscono il miglior rappresentante di alcuna porzione, per cui tutti gli elementi appartenenti a queste righe costituiscono errori di tipo 2, ma non di tipo 1. Il gruppo 9, ad esempio, costituisce il miglior rappresentante della porzione 2000, ha 6 errori di tipo 1, poichè contiene 6 *hit* che erano in realtà stati prodotti dalla porzione 4580, e nessuno di tipo 2; il gruppo 16, in compenso, è il miglior rappresentante della porzione 4580, non ha errori di tipo 1 ma quegli stessi 6 *hit* associati alla traccia 2000 ed appartenenti alla porzione 4580, sono errori di tipo 2. Il gruppo 0 (corrispondente alla porzione 5580), il gruppo 3 (corrispondente alla porzione 2152) ed il gruppo 22 (corrispondente alla porzione 1288) non hanno nessun errore di tipo 1 e 2; infatti sia la loro riga che la loro colonna non contano altri elementi diversi da 0. Essi risultano dunque perfettamente ricostruiti, a meno di eventuali errori di tipo 3, che non sono conteggiati in  $\Xi$ . I gruppi 36, 37 e 67 non corrispondono ad alcuna porzione, per cui gli errori nelle corrispondenti righe sono tutti di tipo 2. Infine, si noti che gli indici dei gruppi non sono progressivi (non esistono i gruppi numero 1, 2, 4, 5...); questo è dovuto al fatto che tali gruppi, creati durante la prima selezione geometrica, sono stati successivamente distrutti in qualche punto dell'analisi, ad esempio a causa di un'unione.

È possibile definire un errore medio  $\langle \xi \rangle_{1,2,3}$  per ogni tipo di errore sull'evento analizzato, calcolando una media degli errori del tipo scelto sulle porzioni di traccia presenti nell'evento. Ci si è chiesti se (ed eventualmente come) pesare in qualche modo questa media. Una scelta ragionevole avrebbe potuto essere quella di pesare ogni porzione con l'inverso del numero di *hit* appartenenti ad essa, considerando che l'importanza relativa di ogni *hit* in una traccia lunga è più bassa di quella in una traccia breve. D'altro canto, però, le tracce

che sono più interessanti da ricostruire sono quelle di segnale, che risultano tipicamente più lunghe di quelle di Michel, mentre con questi pesi si sarebbe data maggiore importanza a quei positroni di Michel che sfiorano appena la camera, producendo frammenti con pochissimi *hit*. In conclusione, si è scelto di non pesare gli errori in nessun modo ma di fare una media semplice, scegliendo quindi un compromesso fra queste due possibili interpretazioni. Per quantificare la bontà del funzionamento del *TrackIdentifier* sono stati analizzati cento eventi in cui è presente un mescolamento fra positroni di segnale e di Michel (operato con il programma BARTENDER). Ognuno di questi file ha subito tre diversi passaggi attraverso il *TreeReader* ed il *TrackMixer*, corrispondenti ai già citati tre casi di  $\sigma_z = 1$  cm, 5 cm, 10 cm, e sono stati valutati, per ciascun evento,  $\langle \xi \rangle_1$ ,  $\langle \xi \rangle_2$  e  $\langle \xi \rangle_3$ . Successivamente i risultati sono stati mediati sul campione di 100 eventi in due modi: uno semplice, detto “sui casi”, ed uno detto “sulle porzioni” considerato pesato il singolo  $\langle \xi \rangle_i$  con l’inverso del numero  $\dot{n}$  di porzioni di traccia presenti nell’evento. La media sui casi rappresenta l’efficienza media di ricostruzione di un evento, indipendentemente dalla sua complessità: un evento affollato, che tenderà ad avere un più alto numero di errori, viene trattato alla stregua di uno con un più basso numero di porzioni. In questo senso la media rappresenta il comportamento complessivo dell’algoritmo al variare dei casi che si potrebbero presentare nell’esperimento. La media sulle porzioni, invece, rappresenta la capacità dell’algoritmo di ricostruire individualmente ogni porzione al variare delle condizioni di affollamento. Nel campione di eventi considerato, il numero medio di porzioni di traccia ( $\dot{n}$ ) è 7.84 ed il numero medio di tracce totali 3.64. Come si può osservare dai grafici seguenti le due medie presentano significative differenze solo per quanto riguarda gli errori di tipo 1, che sono quelli maggiormente influenzati dalle condizioni di affollamento dell’evento. In particolare i grafici in figura 3.19 presentano la distribuzione degli errori medi  $\langle \xi \rangle_i$  dei tre tipi, sia sui casi che sulle porzioni, per i tre possibili valori di  $\sigma_z$ . La tabella 3.7 riassume la percentuale di errori dei tre tipi

Tabella 3.7: Errori medi dei tre tipi nei tre casi di  $\sigma_z$ 

|       | Parametro               | $\sigma_z = 1$ cm | $\sigma_z = 5$ cm | $\sigma_z = 10$ cm |
|-------|-------------------------|-------------------|-------------------|--------------------|
| Casi  | $\langle \xi \rangle_1$ | 6.16%             | 14.99%            | 25.85%             |
|       | $\langle \xi \rangle_2$ | 8.80%             | 19.65%            | 30.80%             |
|       | $\langle \xi \rangle_3$ | 6.55%             | 8.86%             | 7.94%              |
| Porz. | $\langle \xi \rangle_1$ | 4.44%             | 10.56%            | 19.58%             |
|       | $\langle \xi \rangle_2$ | 8.73%             | 18.71%            | 30.42%             |
|       | $\langle \xi \rangle_3$ | 6.49%             | 8.96%             | 8.40%              |

nei tre casi di  $\sigma_z$ , sia mediati sui casi che sulle porzioni.

Si può osservare, come era stato anticipato, che gli errori di tipo 3 risultano quasi indipendenti da  $\sigma_z$ . Questo deriva dal fatto che molti degli errori di tipo 3 commessi durante

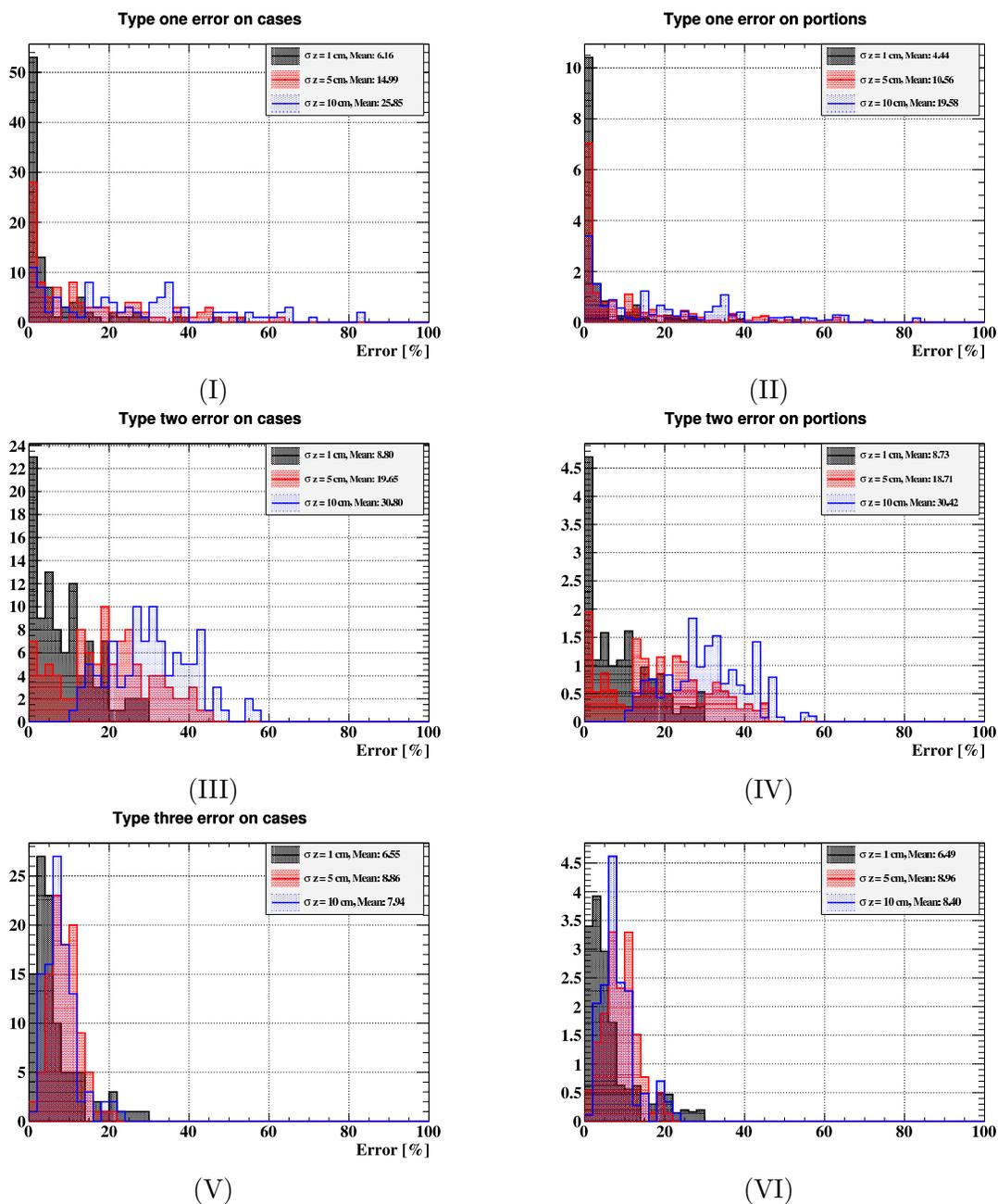


Figura 3.19: Distribuzione degli errori per eventi di segnale mescolati a tracce di Michel.

- (I): Errori di tipo 1, media sui casi.
- (II): Errori di tipo 1, media sulle porzioni.
- (III): Errori di tipo 2, media sui casi.
- (IV): Errori di tipo 2, media sulle porzioni.
- (V): Errori di tipo 3, media sui casi.
- (VI): Errori di tipo 3, media sulle porzioni.

l'analisi hanno un'origine fisica, indipendente dalle inefficienze dell'algoritmo: spesso vengono infatti deassociati gli insiemi che rappresentano le tracce di Michel di bassa energia e quelle distorte da fenomeni di bremsstrahlung, emissione di raggi  $\delta$  etc.

Sono stati anche presi in considerazione alberi contenenti solo una traccia di segnale, senza alcun positrone di Michel, per valutare le prestazioni dell'algoritmo in assenza di fondo. I grafici in figura 3.20 presentano la distribuzione degli errori medi  $\langle \xi \rangle_i$  dei tre tipi, sia sui casi che sulle porzioni, per i tre possibili valori di  $\sigma_z$  in questo caso. La tabella 3.8

Tabella 3.8: Errori medi dei tre tipi nei tre casi di  $\sigma_z$  per eventi di singolo segnale senza tracce di Michel.

|       | Parametro               | $\sigma_z = 1$ cm | $\sigma_z = 5$ cm | $\sigma_z = 10$ cm |
|-------|-------------------------|-------------------|-------------------|--------------------|
| Casi  | $\langle \xi \rangle_1$ | 1.86%             | 6.31%             | 10.49%             |
|       | $\langle \xi \rangle_2$ | 13.58%            | 21.02%            | 26.15%             |
|       | $\langle \xi \rangle_3$ | 4.90%             | 8.28%             | 10.54%             |
| Porz. | $\langle \xi \rangle_1$ | 1.40%             | 5.39%             | 8.22%              |
|       | $\langle \xi \rangle_2$ | 12.20%            | 19.89%            | 25.38%             |
|       | $\langle \xi \rangle_3$ | 4.56%             | 8.05%             | 10.68%             |

riassume la percentuale di errori dei tre tipi nei tre casi di  $\sigma_z$ , sia mediati sui casi che sulle porzioni, per questo tipo di eventi. Si noti che anche per questi eventi sono stati usati gli stessi parametri di analisi del caso in presenza di tracce di Michel.

Si può notare anzitutto che gli errori di tipo 1 diminuiscono in maniera molto pronunciata; questo era prevedibile dal momento che, per questi eventi, l'unica fonte di errori di tipo 1 è l'errata associazione di un *hit* alla porzione che lo ha prodotto, che fa parte della stessa traccia (l'unica che c'è). La quantità relativa di errori di tipo 2 aumenta per il caso  $\sigma_z = 1$  cm, resta quasi invariata per  $\sigma_z = 5$  cm e si riduce per  $\sigma_z = 10$  cm, risulta cioè meno dipendente dal valore di  $\sigma_z$ . Il suo aumento per piccoli  $\sigma_z$  può essere imputato a diversi fattori: principalmente la riduzione del numero totale di *hit* che provoca un errore relativo più alto anche se il numero assoluto di errori si riduce, ed il fatto che i parametri sono stati ottimizzati per gli eventi in cui è presente l'affollamento.

Le frazioni di errori presentate dipendono criticamente dalla scelta dei parametri di analisi impostati dall'utente. Il set di parametri presentato è stato determinato con cura, considerando uno ad uno i singoli parametri e variandoli lentamente fino ad estrarre il punto di massima efficienza. Naturalmente la calibrazione finale dei parametri verrà eseguita solo dopo aver determinato definitivamente, tramite la misura sperimentale, il valore di  $\sigma_z$  per la camera dell'esperimento, quando sarà stata costruita ed equipaggiata dell'elettronica necessaria a questo tipo di valutazione e quando sarà stata scelta definitivamente la strategia per la ricostruzione della coordinata longitudinale.

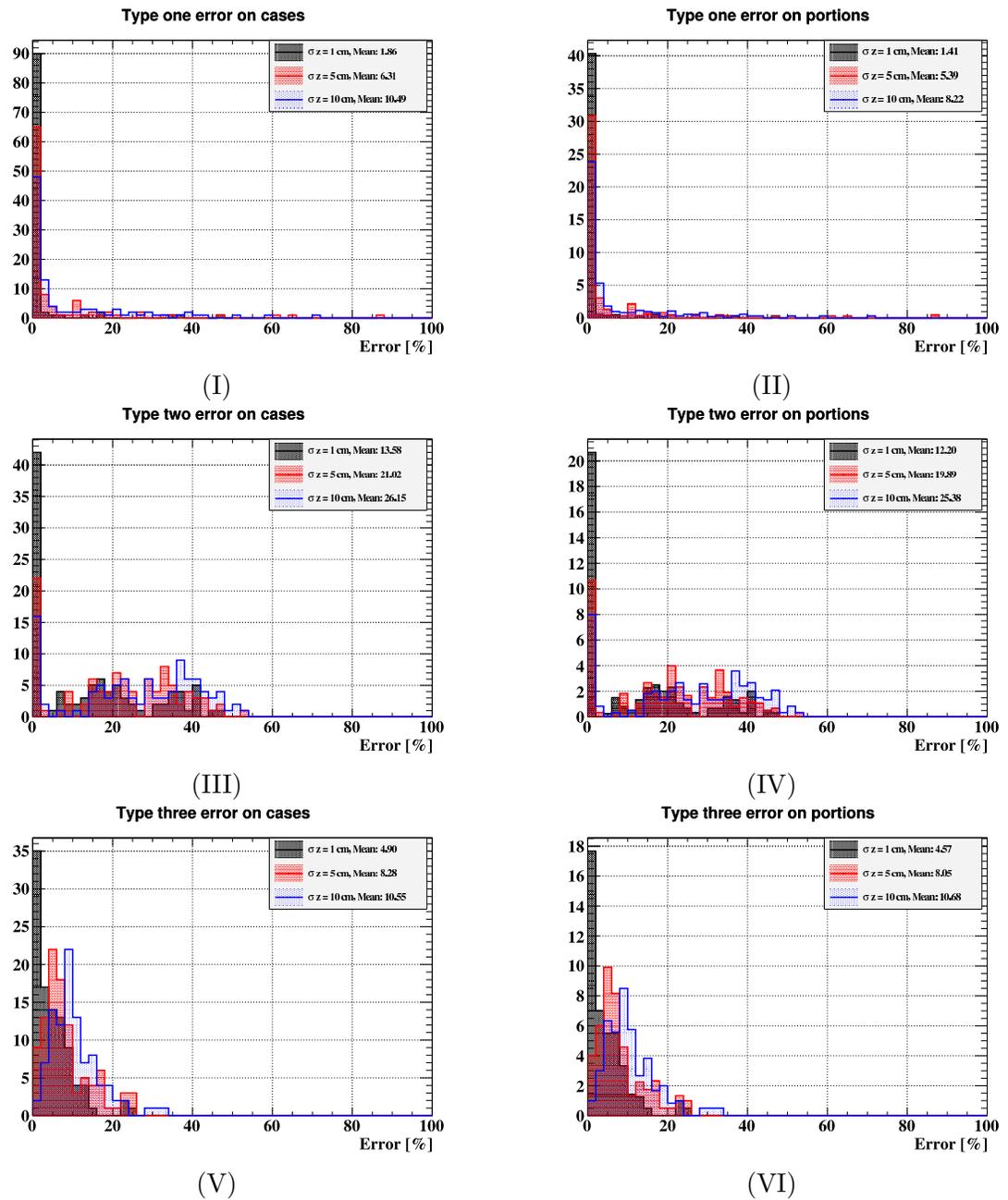


Figura 3.20: Distribuzione degli errori per eventi singoli di segnale.

- (I): Errori di tipo 1, media sui casi.
- (II): Errori di tipo 1, media sulle porzioni.
- (III): Errori di tipo 2, media sui casi.
- (IV): Errori di tipo 2, media sulle porzioni.
- (V): Errori di tipo 3, media sui casi.
- (VI): Errori di tipo 3, media sulle porzioni.

### Efficienza dell'associazione nel TC

La misura dell'efficienza dell'associazione degli *hit* prodotti nel TC non è stata approfondita come nel caso della camera a deriva. Questo è dovuto al fatto che gli errori di tipo 1 (errate associazioni) sono fortemente limitati dal basso numero di positroni che colpiscono il rivelatore, mentre per quanto riguarda gli errori di tipo 2 (*hit* non associati al proprio gruppo di appartenenza) sono necessarie alcune considerazioni specifiche. Infatti si può osservare come tali errori siano da un lato inevitabili, ma d'altro canto anche come non abbiano nessuna grave conseguenza sul processo di analisi.

Infatti, data la struttura del nuovo TC ed in particolare la ridotta dimensione radiale delle piastrelle (3 cm), capita molto spesso che un positrone emesso con un  $\theta$  vicino a  $90^\circ$  produca una traccia discontinua nel TC, uscendo e rientrando radialmente dalla zona attiva del rivelatore. Unire i due frammenti così prodotti è quasi impossibile, in quanto essi risultano molto distanti fra loro e non si dispone di punti sufficienti a tentare alcun fit (spesso 3 o 4, ma talvolta anche un punto solo). La selezione eseguita tramite l'informazione temporale, inoltre, per quanto molto precisa, non è sufficiente a riunire tutti i punti prodotti in ogni frammento; ciò richiederebbe di usare tagli molto più laschi sulla distanza (i parametri RADPERMIT e RADADMIT), ma in tal modo si introdurrebbe un gran numero di errori di tipo 1.

Questo scenario tuttavia non produce una perdita di qualità dell'analisi se considera che il ruolo primario del TC è quello di fornire una misura di tempo della la traccia, non del suo quadrimpulso. Sicuramente, i punti misurati sul TC possono aggiungere informazione anche riguardo alla traccia del positrone, ma se qualcuno di essi viene perso non si hanno gravi conseguenze da questo punto di vista, dato che gli *hit* che ogni porzione di traccia rilascia sulla camera sono in numero almeno dieci volte maggiore di quelli che rilascia nel TC. Dunque, l'unico danno che si ha dal non riuscire a raccogliere per intero una traccia prodotta nel TC è che il tempo che si associerà al positrone sarà mediato su un numero inferiore di *hit*. Inoltre, una volta stimati i parametri cinematici e dinamici del positrone col filtro di Kalman, si potrà costruire un modello accurato di traccia che raccolga anche gli altri *hit* "dispersi" nel TC.

Per le ragioni finora esposte il calcolo degli errori di tipo 2 perde di significato, per cui non sarà presentata una misura del numero di errori di questa tipologia commessi nel processo di associazione degli *hit* nel TC. Si può invece valutare la probabilità di commettere un errore di tipo 1. Analizzando 100 eventi risulta che, su un totale di 141 positroni di segnale e di Michel che colpiscono il TC producendo un totale di 857 *hit*, la contaminazione media data da errori di tipo 1 per ogni gruppo (calcolata come Numero di errori / Numero totale di *hit*) è  $\approx 3.1\%$ . Naturalmente, questi valori non sono affetti dall'incertezza  $\sigma_z$ , che riguarda solo gli *hit* nella camera.

### Efficienza dell'associazione fra TC e camera a deriva

Alla luce di quanto esposto nel paragrafo precedente, dovrebbero risultare più chiare le motivazioni che hanno portato alla ridefinizione degli errori nel caso dell'associazione fra TC e camera a deriva esposti nel paragrafo 3.3.4.

In particolare è legittimo aspettarsi che alcune delle tracce individuate nel TC non vengano associate a nessun positrone, in quanto lo stesso positrone può produrre in tale rivelatore più frammenti che non vengono riuniti dal processo di associazione. Per questo motivo è stato stabilito che la procedura di analisi non debba necessariamente continuare finchè tutte le tracce nel TC abbiano trovato almeno un accoppiamento con la camera, ammettendo quindi l'esistenza di tracce nel TC con nessuna porzione identificata nella camera associata ad esse. Le associazioni perse non sono dunque banalmente gli accoppiamenti mancati, ma si riferiscono specificamente alla situazione in cui ad un positrone della camera che ha dato segnale nel TC non viene accoppiato **nessun** frammento nella camera. In questo caso,

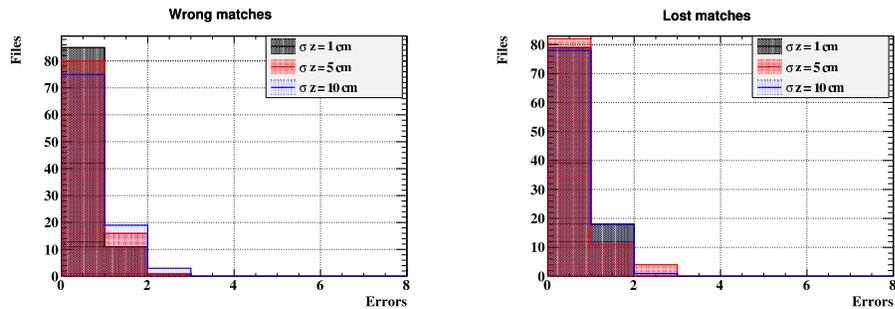


Figura 3.21: Distribuzione del numero di errori commessi per eventi mescolati in cui almeno un positrone colpisce il TC. A sinistra: associazioni sbagliate. A destra: associazioni perse.

Tabella 3.9: Efficienza dell'associazione fra TC e camera a deriva

|                            | $\sigma_z = 1 \text{ cm}$ | $\sigma_z = 5 \text{ cm}$ | $\sigma_z = 10 \text{ cm}$ |
|----------------------------|---------------------------|---------------------------|----------------------------|
| Associazioni errate        | 10.5%                     | 15.5%                     | 20.8%                      |
| Associazioni perse         | 15.1%                     | 16.0%                     | 16.8%                      |
| Associazioni totali        | 123                       | 116                       | 120                        |
| $e^+$ che colpiscono il TC | 119                       | 119                       | 119                        |

un positrone per il quale sarebbe stato possibile misurare un tempo risulta sprovvisto di tale misura e quindi inutilizzabile per l'analisi, per cui tale situazione causa una perdita di efficienza. Si noti che se l'associazione degli *hit* nel TC dà luogo ad un'unione completa

di due tracce prodotte da positroni diversi (cioè tutti gli *hit* prodotti da due particelle distinte vengono uniti erroneamente in un unico gruppo), si perde automaticamente almeno un'associazione.

Naturalmente l'efficienza dell'associazione fra TC e camera a deriva dipende dalla qualità dell'associazione avvenuta singolarmente nei due rivelatori, soprattutto nella camera a deriva; è dunque ragionevole attendersi una dipendenza da  $\sigma_z$ . Tuttavia, si può verificare che questa dipendenza è molto più attenuata rispetto al caso dell'associazione degli *hit* nella sola camera. Ciò dipende principalmente dal fatto che, grazie alla scarsa quantità di positroni che raggiungono il TC, l'affollamento delle tracce nei rivelatori è abbastanza basso da mantenere relativamente piccola la probabilità di commettere errori. La tabella 3.9 mostra la percentuale di errori al variare di  $\sigma_z$ . In particolare, le associazioni errate sono calcolate in percentuale sul totale di associazioni eseguite, mentre quelle perse sono calcolate sul totale di positroni che hanno dato un segnale nel TC.

Negli istogrammi mostrati in figura 3.21 viene riportata la distribuzione del numero di errori al variare di  $\sigma_z$ , per un campione di 100 eventi per ciascun valore di  $\sigma_z$ .



## Capitolo 4

# Analisi dei processi di deriva

L'analisi dei processi di deriva che avvengono nelle celle costituisce un aspetto complementare e relativamente indipendente dallo studio presentato nel capitolo 3. Infatti, diversamente da quanto avviene per l'identificazione delle tracce, che prende in considerazione l'intero rivelatore suddividendolo in passi elementari macroscopici (corrispondenti alle varie celle), in questo caso ci si concentra su quello che avviene all'interno di una singola cella del rivelatore cercando di descrivere il comportamento dei depositi di ionizzazione senza preoccuparsi di cosa avviene attorno e degli eventuali multipli passaggi nell'ambito di una singola cella.

Lo scopo di questo studio, infatti, è di misurare a che distanza dal filo di senso il positrone ha attraversato la cella (ovvero il parametro d'impatto della traccia con il filo di senso), in modo da non dover approssimare grossolanamente la posizione degli *hit* con quella del filo stesso, come nel capitolo 3. L'obiettivo finale è quindi di migliorare la conoscenza della coordinata radiale (ed azimutale) dei punti di attraversamento della cella, utilizzando il tempo di deriva degli elettroni, per raggiungere risoluzioni al livello di  $\approx 100 \mu\text{m}$ .

Lo studio che prenderemo in considerazione è volto ad individuare i parametri della traccia esclusivamente sul piano trasverso della cella, perpendicolare al filo di senso. Ricordiamo nuovamente che questo piano non corrisponde al piano  $(x, y)$  del sistema di riferimento generale di MEG a causa della disposizione stereo dei fili, che implica che essi non siano allineati con  $z$ . Questo non significa che saranno trascurati effetti che intervengono sul piano longitudinale, come linee di deriva non planari, campo non allineato con il filo, diffusione longitudinale, ma che il risultato di questo studio sarà una migliore ricostruzione della distanza fra positrone e filo di senso della cella esclusivamente sul piano trasverso, senza preoccuparsi del modo in cui viene ricostruita la coordinata longitudinale. Del resto, la misura di quest'ultima è basata su algoritmi differenti già descritti nel paragrafo 2.4.1. Lo studio sarà svolto servendosi del programma GARFIELD++ [38], che consente di simulare i processi di deriva che avvengono nelle celle. Saranno prodotte delle tabelle  $TXY$  che, in base alle configurazioni di campo elettrico e magnetico, “mappano” la cella per-

mettendo di associare ad ogni punto il relativo tempo di deriva; queste tabelle saranno poi interpolate per tener conto in maniera continua degli effetti del campo magnetico ed invertite per poterle utilizzare in fase di analisi dati. Saranno discussi gli algoritmi che creano, interpolano ed invertono le tabelle e la loro applicazione nel software di MEG.

Infine, come piccola appendice, verrà affrontato brevemente anche il problema del *Cluster Timing*, una tecnica che, sfruttando le informazioni dei tempi di arrivo, sul filo di senso, anche dei depositi di carica successivi al primo, può consentire di ridurre la distorsione sulla misura del parametro d'impatto introdotta dal metodo descritto nella sezione 2.4.1. Per lo studio che verrà descritto, che costituisce un'analisi preliminare ed approssimata, sarà trascurata la disposizione stereo delle camere. Questa scelta comporterà principalmente due conseguenze fisiche: la componente  $z$  del campo magnetico sarà allineata con il filo, e le celle attorno a quella considerata (incluse quelle dello strato superiore ed inferiore) saranno allineate con essa. Inoltre, in questo modo, l'asse  $z$  del sistema di riferimento generale finora considerato (l'asse del fascio) coinciderà con la direzione del filo e la cella giacerà sul piano  $(x, y)$  del sistema di riferimento generale. Un'altra convenzione che si utilizzerà sempre (e che non porta a particolari conseguenze fisiche, se non di lavorare nell'approssimazione di campo magnetico indipendente da  $\varphi$ ) è di considerare sempre celle aventi il filo di senso a  $\varphi = 270^\circ$ , vale a dire  $x = 0, y < 0$ ; in altre parole consideriamo la colonna centrale delle celle di DRAGO. In questo modo la componente  $y$  dei vettori sarà uguale in modulo ed opposta in verso alla coordinata  $r$ , mentre il versore  $\hat{x}$  sarà uguale al versore  $\hat{\varphi}$  per ogni punto sull'asse  $y$ .

Tenendo presenti queste precisazioni, in questo capitolo sarà d'ora in avanti usato un altro sistema di riferimento cartesiano, che, con un leggero abuso di notazione, sarà indicato con  $(x, y, z)$ , simboli che andranno a sostituire quelli usati nei capitoli 2 e 3. Questo sistema di riferimento, che sarà di volta in volta riferito ad una cella diversa, è lo stesso di quello generale, ma con l'origine degli assi posizionata in corrispondenza del centro del filo di senso della cella considerata. La figura 4.1, lato sinistro mostra una cella del nuovo tracciatore ed il relativo sistema di riferimento. Nella figura 4.1, lato destro, è evidenziata la colonna centrale di celle di DRAGO, avente  $\varphi = 270^\circ$ , vale a dire  $x = 0$  ed  $y < 0$ .

## 4.1 Simulazione del processo di deriva con GARFIELD++

GARFIELD++ è un software sviluppato dal CERN per la simulazione e la descrizione dei fenomeni di deriva degli elettroni. Questo programma sfrutta algoritmi di simulazione e strategie di calcolo molto simili al suo predecessore, GARFIELD [33], il programma storicamente usato per simulare i processi di deriva. Rispetto a GARFIELD, tuttavia, si possono notare alcune differenze:

1. Il linguaggio di programmazione di GARFIELD++ è il C++, mentre GARFIELD utilizzava il FORTRAN. Questa scelta rende il programma facilmente interfacciabile con l'ambiente ROOT; infatti esso accede a tutte le librerie già esistenti in ROOT,

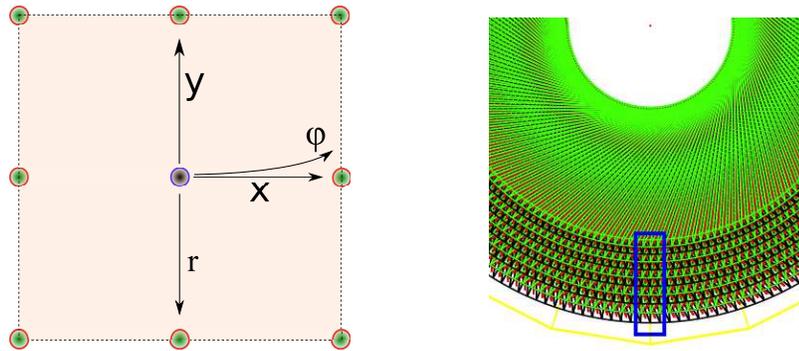


Figura 4.1: A sinistra: una cella della camera ed il relativo sistema di riferimento; il filo di senso è quello al centro. A destra: particolare della figura 2.22; nel rettangolo blu la colonna di celle considerata in questo capitolo.

il che consente di analizzare i dati e produrre grafici con le stesse procedure di un normale programma ROOT.

2. GARFIELD++ consente di gestire anche calcoli in tre dimensioni, mentre tutti gli algoritmi di GARFIELD giravano esclusivamente in 2D. Questo permette di gestire efficacemente, ad esempio, campi magnetici non perpendicolari al piano della cella.
3. Il programma è compatibile con Ansys, un software ingegneristico in grado di maneggiare configurazioni di campo elettromagnetico anche molto complicate.
4. GARFIELD++ è un programma tuttora in sviluppo, la cui prima versione eseguibile è stata rilasciata nel 2012. A causa di ciò alcune funzionalità non sono ancora disponibili o non sono pienamente ottimizzate; inoltre la documentazione del programma presenta alcune lacune.

Nonostante le limitazioni sottolineate al quarto punto, si è ritenuto che GARFIELD++ fosse il programma adatto per realizzare una simulazione per le celle di DRAGO grazie alla sua maggiore versatilità e portabilità rispetto al suo predecessore. È stato realizzato un codice, scritto in tale ambiente, che sarà discusso nei paragrafi seguenti e che costituisce uno studio preliminare sulle caratteristiche dei processi di deriva che avverranno nella nuova camera di MEG-2.

Un breve commento è necessario riguardo al terzo punto dell'elenco: la compatibilità con Ansys renderebbe infatti possibile la realizzazione di un prospetto dell'intera camera, che includa la disposizione stereo dei fili ed il campo magnetico effettivo di COBRA (per il quale in questa simulazione si utilizzerà una approssimazione relativamente rozza), consentendo di fornire una simulazione realistica dell'intero rivelatore. Questa simulazione globale non è stata realizzata per molte ragioni: anzitutto la geometria della camera non è ancora

completamente definita; in secondo luogo lo scopo della simulazione è di fornire una prima idea dei meccanismi di deriva che agiscono nella singola cella e non pretende di descrivere il comportamento dell'intera camera; in terzo luogo questi studi si sono rivelati comunque utili per l'applicazione sui prototipi, la cui semplice geometria è molto simile alle configurazioni simulate; inoltre non ci si attende che le correzioni dovute alla simulazione dell'intera camera siano molto significative (come si potrà verificare nel seguito), ed infine perché realizzare un'intero prospetto della camera con Ansys sarebbe un lavoro assai lungo e complesso, che non avrebbe consentito di ottenere i risultati in tempo per permettere i test su prototipi e la scrittura dei relativi programmi di analisi.

#### 4.1.1 Parametri di trasporto

GARFIELD++, così come GARFIELD, è in grado di calcolare l'andamento di alcuni parametri di trasporto del gas al variare del campo elettrico: la velocità media  $v_d$  di deriva degli elettroni (o più correttamente il suo modulo), con la quale questi si spostano verso il filo ad alto potenziale, i coefficienti di diffusione trasversale  $\sigma_{\parallel}$  e longitudinale  $\sigma_{\perp}$ , che indicano come questi diffondono rispettivamente nella direzione parallela e perpendicolare alla loro velocità, ed il coefficiente di Townsend. Quest'ultimo, indicato con  $\alpha$ , caratterizza il processo di moltiplicazione degli elettroni quando questi si avvicinano al filo di senso. Il coefficiente  $\alpha$  è definito come segue: se passando da distanza  $r_1$  a distanza  $r_2$ , il numero di elettroni viene moltiplicato per un fattore  $M$ , si ha:

$$\ln(M) = \int_{r_2}^{r_1} \alpha(r) dr \quad (4.1)$$

La determinazione dei parametri di trasporto richiede un lungo tempo e, nell'attuale versione di GARFIELD++, dev'essere ripetuta per ogni valore di  $\vec{B}$  a causa di un difetto del software; tuttavia, per poter simulare la deriva degli elettroni, questo passaggio non può essere evitato.

I dati in ingresso del programma sono le caratteristiche termodinamiche della miscela di gas, il massimo ed il minimo valore dell'intensità del campo elettrico (rispettivamente  $E_{max}$  ed  $E_{min}$ ) per i quali eseguire il calcolo ed il numero  $n$  di campionamenti, vale a dire il numero di passi in cui suddividere l'intervallo di campo elettrico ed eseguire il calcolo; il programma interpolerà poi fra questi punti, generando una funzione continua. La tabella 4.1 riassume queste informazioni per la simulazione delle celle di DRAGO; si noti che, come osservato, la generazione dev'essere ripetuta al variare del campo magnetico. Si noti anche che la simulazione è stata eseguita secondo l'ipotesi iniziale di composizione del gas: 90% elio, 10% isobutano, tuttavia gli studi più recenti avrebbero portato ad orientarsi verso una miscela che contenga il 5% in più di  $iC_4H_{10}$  ed il 5% in meno di He. La simulazione dovrebbe quindi essere ripetuta per queste variare concentrazioni semplicemente modificando i parametri del programma.

I risultati della determinazione dei parametri di trasporto sono presentati nella figura 4.2.

Tabella 4.1: Dati sul gas usato per la generazione dei parametri di trasporto con GARFIELD++ per la nuova camera di MEG, DRAGO

| Parametro    | Valore                  |
|--------------|-------------------------|
| Composizione | 90% elio, 10% isobutano |
| Pressione    | 1 atm                   |
| Temperatura  | 293.15 K                |
| $E_{max}$    | $2 \cdot 10^5$ V/cm     |
| $E_{min}$    | 100 V/cm                |
| $n$          | 25                      |

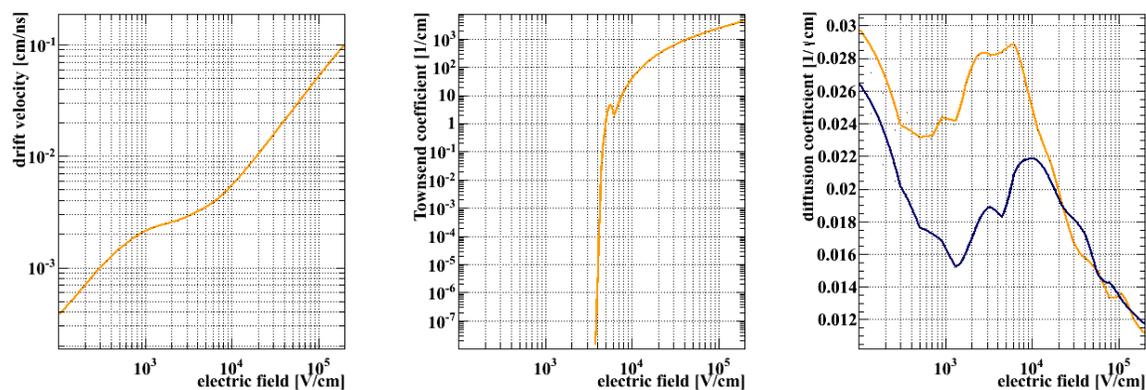


Figura 4.2: Parametri di trasporto per la miscela di gas usata in DRAGO con le caratteristiche termodinamiche riassunte dalla tabella 4.1, supponendo il campo magnetico orientato lungo  $z$  e d'intensità 1.26 T. Nel grafico della diffusione la linea arancione rappresenta  $\sigma_{\parallel}$ , quella blu  $\sigma_{\perp}$ .

Si può notare come il coefficiente di Townsend passi improvvisamente da valori trascurabili a potenze positive di 10; questo indica l'innescarsi della valanga elettronica per un valore di  $E$  superiore alla soglia di  $\approx 3 \div 4 \cdot 10^3$  V/cm e conseguentemente il passaggio dal regime di camera a ionizzazione semplice a quello di contatore proporzionale. La presenza dell'oscillazione per campi elettrici di  $6 \cdot 10^3$  V/cm non è pienamente compresa, ma è ragionevole che possa dipendere da un problema numerico del programma (non compariva nelle simulazioni sulle celle delle vecchie camere eseguite con GARFIELD).

I coefficienti di diffusione risultano debolmente dipendenti e tendenzialmente decrescenti con l'aumentare del campo elettrico, esclusa una regione di campo elettrico ( $1 \div 7 \cdot 10^3$  V/cm) in cui c'è una risalita. Questo è probabilmente imputabile all'instaurarsi, nello stesso intervallo di campo elettrico, della valanga elettronica.

Si è potuto inoltre verificare che l'intensità di  $\vec{B}$  e la sua direzione influenzano molto poco l'andamento dei parametri di trasporto al variare del campo elettrico, così come l'esatta composizione del gas. Quest'ultima constatazione può essere verificata osservando la figura 4.3, che mostra la differenza di andamento dei parametri di trasporto appena calcolati con quelli delle vecchie camere di MEG (miscela 50% elio, 50% etano), determinati con GARFIELD.

#### 4.1.2 Simulazione dei processi di deriva

Per simulare il processo di deriva che avviene nelle celle di DRAGO occorre anzitutto fornire in ingresso alcune informazioni aggiuntive, oltre a quelle sul gas discusse nel paragrafo 4.1.1. La prima di queste riguarda la posizione, la dimensione ed il potenziale dei fili di senso e di campo. Per lo studio qui presentato sono state utilizzate le caratteristiche riportate in tabella 4.2. Occorre inoltre precisare la posizione della cella rispetto alla struttura

Tabella 4.2: Caratteristiche dei fili utilizzati per la simulazione con GARFIELD++ di una cella di DRAGO

| Parametro                   | Filo di senso    | Filo di campo    |
|-----------------------------|------------------|------------------|
| Distanza assiale dal centro | 0                | 3.5 mm           |
| Diametro                    | 25 $\mu\text{m}$ | 80 $\mu\text{m}$ |
| Lunghezza                   | 1.8 m            | 1.8 m            |
| Potenziale                  | 1.25 kV          | 0 V              |

dell'intero rivelatore. Nel programma sono implementate le geometrie corrispondenti a quattro casi:

- 1. Cella centrale:** si considera una cella inserita in una trama infinita di celle (cioè con periodicità infinita su entrambi gli assi). Questa situazione corrisponde ad una qualsiasi cella di DRAGO che non si trovi su uno dei bordi o accanto ad una che si trova

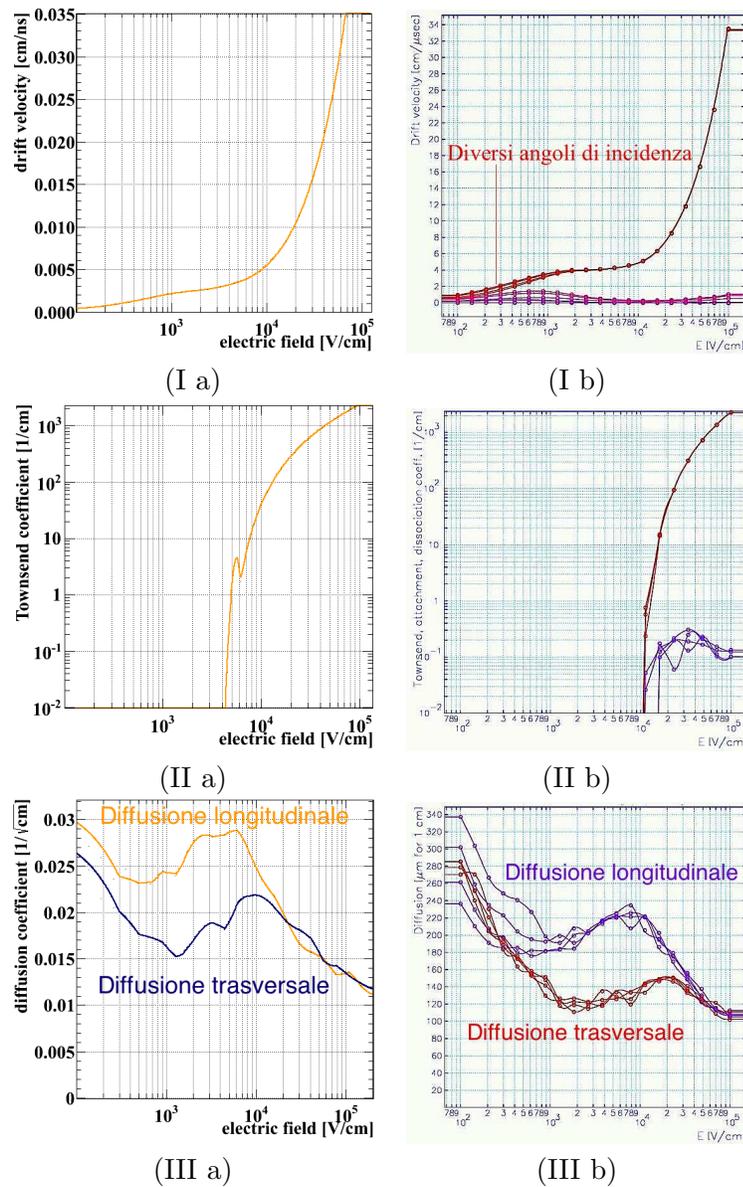


Figura 4.3: Confronto fra i parametri di trasporto al variare dell'intensità del campo elettrico per le attuali camere di MEG e quelle di MEG migliorato. I grafici indicati con "a" si riferiscono alla nuova camera, quelli indicati con "b" alle vecchie camere. I: modulo della velocità di deriva. II: coefficiente di Townsend. III: coefficienti di diffusione. Per le vecchie camere, le linee multiple si riferiscono a diversi angoli di incidenza del positrone. La linea viola nel grafico (I b) si riferisce alla componente trasversale della velocità di deriva, mentre nel grafico (II b) al coefficiente di dissociazione.

su un bordo; infatti se una cella ne ha almeno altre due dal bordo della camera, il suo campo elettrico risulta confinato al suo interno e dunque la sua configurazione di campo risulta sostanzialmente identica a quella di una cella circondata da infinite altre celle. Le figure 2.24 e 2.25 si riferiscono entrambe al caso di cella centrale.

2. **Cella laterale:** si considera una coppia infinita di colonne, in modo da simulare il comportamento di una cella di DRAGO che si trova su uno dei bordi, a  $\varphi$  massima o minima. Per quanto riguarda il bordo superiore o inferiore in  $r$ , non è stato ancora valutato il contributo dei fili di guardia per cui la configurazione di campo deve essere ancora studiata in dettaglio.
3. **Cella d'angolo:** si considera una cella che fa parte di un gruppo di quattro celle disposte a quadrato per simulare una cella che si trovi sia all'estremo sia di  $\varphi$  che di  $r$ . Questa situazione potrebbe anche non verificarsi mai nel rivelatore reale, data la presenza dei fili di guardia.
4. **Cella singola:** si considera una cella singola, senza nessun'altra cella attorno. Questo non si verifica mai per DRAGO, ma è la condizione che si presenta in alcuni prototipi realizzati e studiati all'INFN di Pisa.

Per quanto riguarda il campo magnetico, sono state utilizzate alcune approssimazioni. L'andamento della componente  $z$  del campo, in particolare, è stata approssimata linearmente come mostrato nella parte sinistra della figura 2.9. Quest'approssimazione è molto

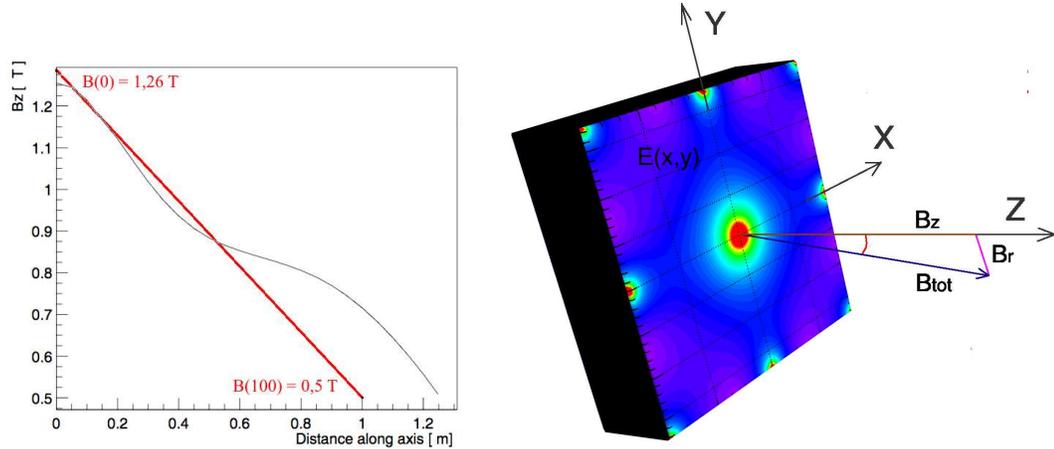


Figura 4.4: A sinistra, approssimazione dell'intensità del campo lungo  $z$  (confronto con la figura 2.9); a destra, schema per la definizione delle componenti del campo magnetico

ragionevole fino a  $|z| = 60$  cm, mentre per  $|z| > 60$  cm diventa troppo grezza. Tuttavia,

come mostrato nella parte destra della figura 2.9, il campo magnetico non è allineato con l'asse  $z$  della camera, per cui ha anche una componente radiale  $B_r$  che è calcolata tramite la (2.4); il vettore  $\vec{B}(r, z) = (B_r, 0, B_z)$  riproduce in modo ragionevole l'andamento globale del campo magnetico. Si noti come  $\vec{B}$  sia indipendente da  $\varphi$  e non abbia componenti  $B_\varphi$  (si ricordi la discussione contenuta nel paragrafo 2.3.2 riguardo alle disuniformità del campo locale). Si tenga presente infatti che, in base al sistema di coordinate usato,  $B_\varphi = B_x = 0$  e  $B_r = -B_y$ . Essendo  $\frac{\partial B_z}{\partial |z|} < 0$  risulta  $B_y < 0$ . Grazie alla simmetria per inversione lungo l'asse longitudinale, d'ora in avanti considereremo solo il caso  $z > 0$ .

GARFIELD++ consente di attivare o disattivare i processi di diffusione; questa possibilità di scelta è stata mantenuta nella simulazione ed è controllabile tramite un parametro di configurazione, da selezionare in fase di esecuzione. Come brevemente illustrato nel paragrafo 2.3.2, si assumerà di trascurare gli effetti di diffusione nella definizione delle isocrone e delle linee di deriva; questi effetti saranno successivamente discussi in un paragrafo apposito.

L'utente deve infine selezionare alcune opzioni di esecuzione, per la scelta dei dati in uscita, che andranno a formare un albero ROOT. Le opzioni che possono essere selezionate ed i relativi dati in uscita sono:

**TrasporTab:** attivando quest'opzione, il programma calcola le tabelle di trasporto descritte nel paragrafo 4.1.1. Questo passaggio preliminare è necessario per ogni passo successivo, ma, una volta prodotta una tabella, essa può essere utilizzata per le successive esecuzioni del programma con lo stesso set di parametri. A causa di un difetto di funzionamento del software, tuttavia, ogni volta che si desidera sondare una nuova configurazione di campo magnetico le tabelle devono essere rigenerate.

**Drift:** attivando quest'opzione, il programma calcola i processi di deriva degli elettroni nella cella a partire da punti distanziati fra loro di 0.25 mm e giacenti su un quadrato i cui lati sono distanziati 0.5 mm dal bordo della cella. Questi due valori possono essere modificati dall'utente.

**TXYtable:** attivando quest'opzione il programma calcola e scrive le tabelle  $TXY$  che saranno descritte in dettaglio nella sezione 4.2.

**Isochrones:** attivando quest'opzione, il programma legge le tabelle  $TXY$  appena prodotte o prodotte da un'esecuzione precedente del programma e calcola le isocrone.

**MagneticF:** disattivando quest'opzione si produrranno risultati in assenza di campo magnetico.

**Gain:** selezionando quest'opzione si valuta il fattore di guadagno della camera, cioè il coefficiente  $M$  di moltiplicazione degli elettroni. A causa del funzionamento un po' instabile di GARFIELD++, tuttavia, i risultati di questo tipo di analisi sono stati ritenuti meno affidabili di quelli ricavati tramite il vecchio GARFIELD.

**Plots:** attivando quest'opzione il programma produce dei grafici di cui quelli mostrati nelle figure 2.24, 2.25 e 4.2 costituiscono alcuni esempi.

### Esempi di risultati

Uno dei risultati più interessanti è già stato presentato nella figura 2.25, che rappresenta le linee di deriva e le isocrone per una cella centrale, con un campo orientato puramente lungo  $z$  d'intensità 1.26 T. Le linee di deriva giacciono sul piano ed hanno una forma a "mulinello"; le isocrone sono anch'esse spiraliformi.

Un confronto immediato può essere eseguito con il caso di campo magnetico assente, a cui corrisponde la situazione mostrata nella figura 4.5; in questo caso le isocrone sono quasi

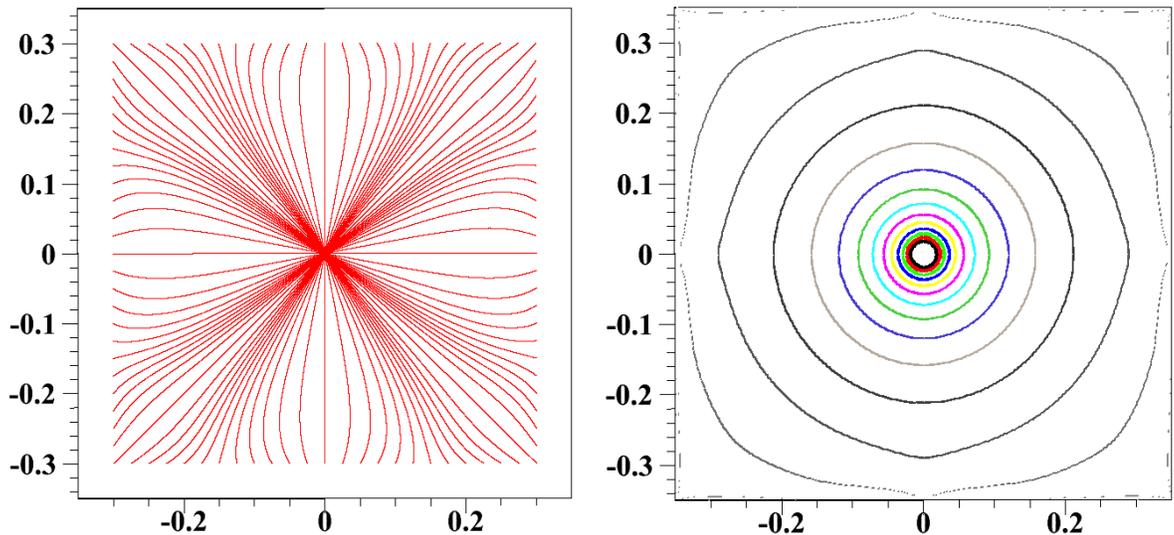


Figura 4.5: A sinistra: linee di deriva per una cella in caso di campo magnetico nullo. A destra: isocrone relative

circolari. Anche nella figura 4.5, e così per tutte le figure successive, sono mostrate 14 isocrone corrispondenti a tempi che variano da 1.47 ns a 217.4 ns, con una differenza di tempo che cresce logicamente dall'una all'altra.

Tornando invece a considerare il campo magnetico (di nuovo orientato lungo  $z$  e d'intensità 1.26 T), ma spostandosi su una cella laterale, la situazione si modifica come mostrato nella figura 4.6. Si può immediatamente notare che in questo caso la simmetria quadrata non è più rispettata, come era prevedibile in quanto il campo sulla sinistra della cella è evidentemente diverso da quello sulla destra. Si può notare inoltre come le isocrone sul lato sinistro si chiudano fuori dalla cella.

Come terzo esempio prendiamo quello di una cella centrale, ma a  $z = 60$  cm ed  $r = 30$  cm

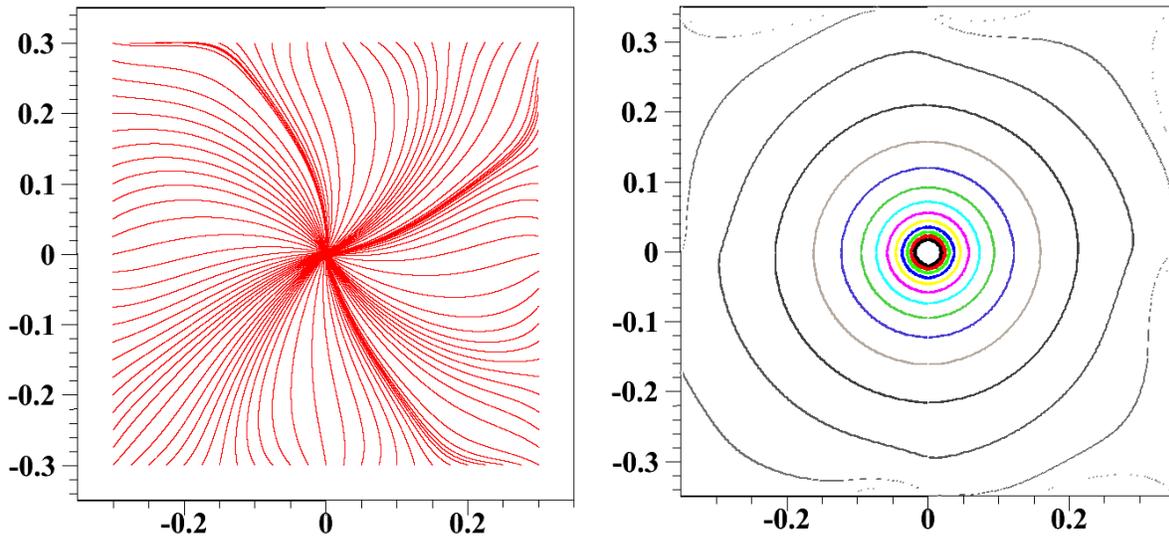


Figura 4.6: A sinistra: linee di deriva per una cella sul bordo sinistro (il resto della camera è a destra della cella considerata). A destra: isocrone relative

(ovviamente una cella che si trova davvero a  $r = 30$  cm non può avere altre celle sotto di sé, poiché appartiene all'ultimo strato). In questo caso  $\vec{B}$  ha sia una componente lungo  $z$  che una lungo  $r$  e forma un angolo di  $\approx 77^\circ$  con il piano  $(x, y)$ . La situazione corrispondente è mostrata nella figura 4.7. Le distorsioni prodotte dal campo magnetico sono molto ridotte, a causa dello spostamento in  $z$ , ed infatti le linee di deriva assomigliano abbastanza a quelle della figura 4.5. Tuttavia, in questo caso, si può anche osservare un distacco delle linee di deriva dal piano  $(x, y)$  dovuto alla presenza della componente del campo non allineata con  $z$ . Questi effetti sono presentati nella figura 4.8, che mostra come le linee di deriva non giacciono più nel piano  $(x, y)$  ma si distaccano da esso per toccare il filo di senso posto in  $(0, 0)$ . Nel piano  $(x, z)$  il grafico appare discontinuo dal momento che, come si ricorderà, la componente  $B_r$  del campo corrisponde a  $-B_y$ ; dunque, essendo le linee di forza del campo orientate in senso antiorario rispetto ad  $y$  (uscendo dal foglio), gli elettroni con  $x > 0$  acquisiscono una componente della velocità  $v_z < 0$  e viceversa quelli con  $x < 0$  hanno una componente  $v_z > 0$ . Si noti comunque, come si può constatare dalla scala presentata nel grafico, che questi effetti sono molto piccoli: infatti uno spostamento di 3 mm lungo  $x$  ne provoca uno di  $\approx 0.1$  mm lungo  $z$ .

### Effetto della diffusione

Gli effetti della diffusione degli elettroni nel gas intervengono sul loro processo di deriva, alterandone la forma. A causa della diffusione, infatti, le linee di deriva mantengono

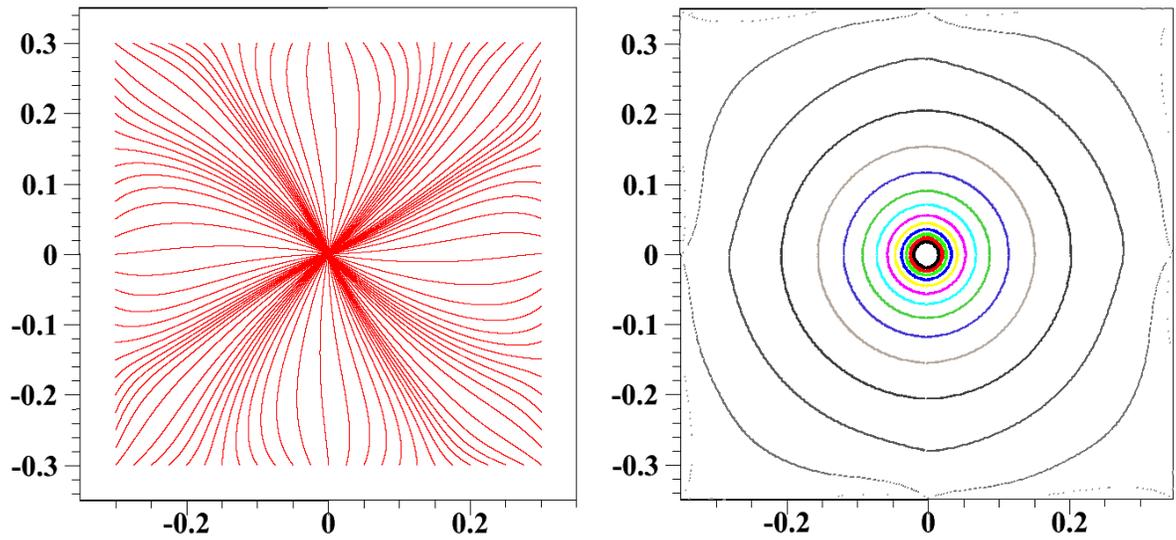


Figura 4.7: A sinistra: linee di deriva per una cella “centrale” in caso di campo magnetico calcolato nella posizione  $z = 60$  cm,  $\varphi = \frac{3}{2}\pi$ ,  $r = 30$  cm. A destra: isocrone relative.

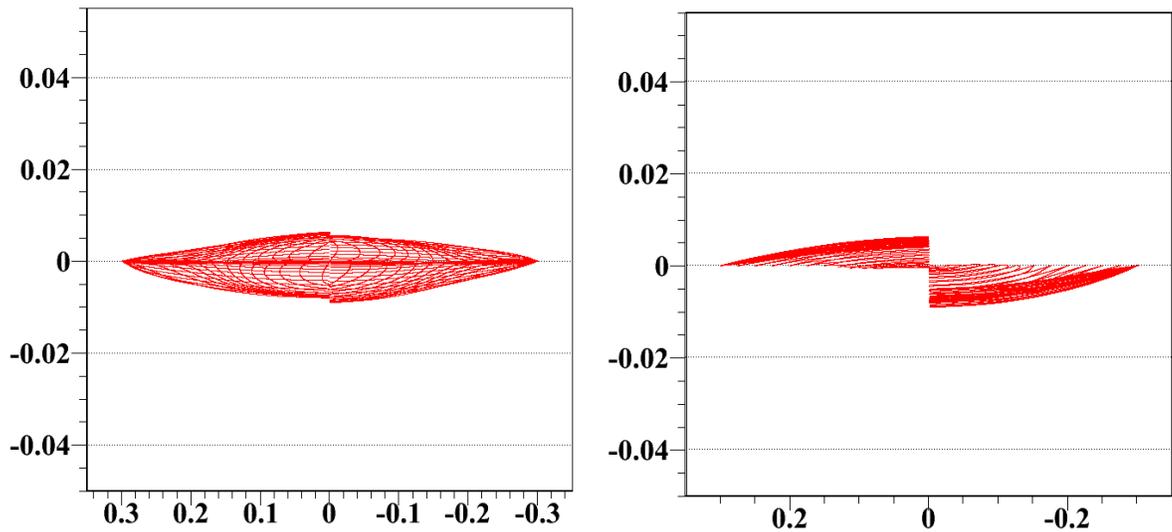


Figura 4.8: Linee di deriva per una cella “centrale” in caso di campo magnetico calcolato nella posizione  $z = 60$  cm,  $\varphi = \frac{3}{2}\pi$ ,  $r = 30$  cm. A sinistra: linee di deriva nel piano  $(y, z)$ . A destra: linee di deriva nel piano  $(x, z)$ , con l’asse  $y$  uscente dal foglio.

il loro andamento generale ma diventano spezzate e zigzaganti; inoltre i processi diffusivi agiscono anche lungo  $z$ , portando gli elettroni a distaccarsi dal piano  $(x, y)$  anche in assenza di componenti del campo magnetico diverse da  $B_z$ . L'effetto è mostrato nella figura 4.9.

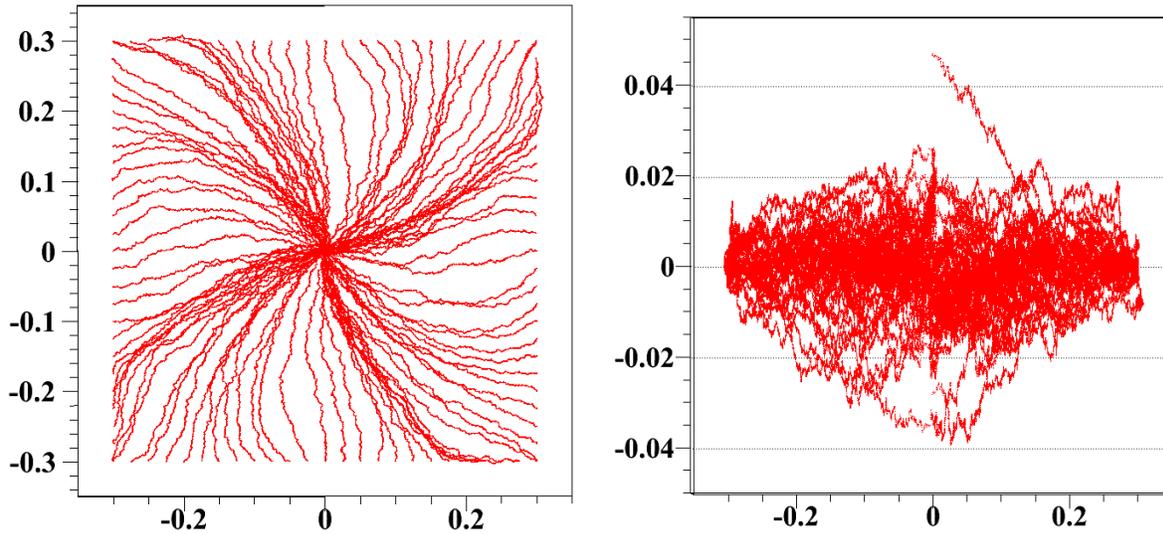


Figura 4.9: Effetto della diffusione calcolato su una cella inserita in una trama infinita, con campo magnetico orientato lungo  $z$  di modulo 1.26 T. A sinistra: linee di deriva nel piano  $(x, y)$ . A destra: linee di deriva nel piano  $(x, z)$ , con l'asse  $y$  uscente dal foglio

Come si può immediatamente notare in base ad un confronto con la figura 4.8, l'effetto della diffusione trasversale contribuisce a “staccare” le linee di deriva dal piano  $(x, y)$  più di quanto non contribuisca il campo  $B_r$ .

Per quanto riguarda le isocrone, queste perdono di definizione e si trasformano da linee a delle vere e proprie “fasce”, fra loro parzialmente sovrapposte, come visibile nella figura 4.10. Pur essendo queste isocrone molto più realistiche di quelle di tutte le altre figure, in quanto ovviamente i processi di diffusione interverranno nelle celle del rivelatore finale, non è possibile utilizzarle in fase di ricostruzione dati, data la loro sovrapposizione che non consentirebbe di associare univocamente ad ogni punto il suo tempo di deriva. Per questo motivo il caso della diffusione sarà sempre trascurato, tenendo presente che la dispersione dei punti data dalla diffusione è distribuita in modo gaussiano attorno al “caso medio” che corrisponde all'assenza di diffusione.

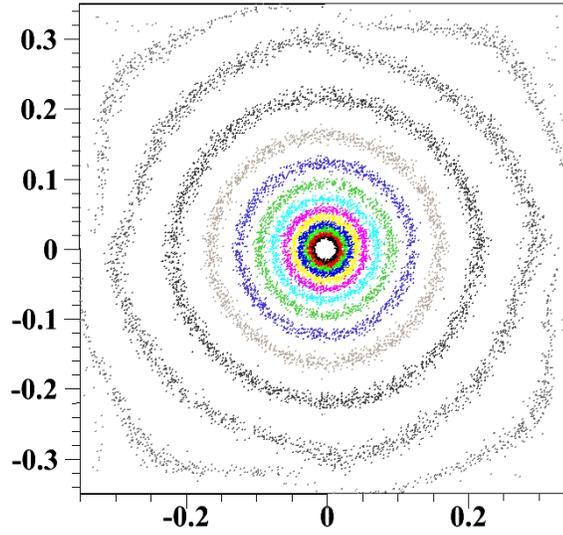


Figura 4.10: Isocrone in presenza di diffusione calcolate su una cella inserita in una trama infinita, con campo magnetico orientato lungo  $z$  e di modulo 1.26 T.

## 4.2 Tabelle $TXY$

Come già discusso nella sezione 2.3.2, per i depositi di ionizzazione prodotti in una cella si può assumere (supponendo che tutti i depositi di carica formati sulla stessa isocrona arrivino nello stesso istante sul filo, cioè trascurando la diffusione) l'esistenza di una funzione  $t(x, y)$ , dove  $t$  rappresenta l'intervallo di tempo trascorso fra il passaggio del positrone nella cella e l'arrivo della carica di ionizzazione sul filo di senso.

Una tabella  $TXY$  è in sostanza un campionamento di questa funzione, che associa ad una serie di coppie  $(x, y)$  il loro tempo  $t(x, y)$ . Dal momento che la funzione non è, in genere, analitica (e se lo fosse potrebbe essere molto complicata), queste tabelle rappresentano il modo più semplice ed efficiente per tenere conto correttamente dei tempi di deriva. L'uso di una funzione discretizzata non produce errori significativi (si ricordi che si sta comunque trascurando la diffusione), a patto di campionarla con una scansione sufficientemente fine. Si noti come l'uso delle tabelle  $TXY$  sia importante per la simulazione dell'esperimento, in quanto consente di tener conto correttamente dei tempi di deriva e quindi di simulare la distanza temporale fra i picchi delle forme d'onda conoscendo a priori, ad esempio tramite il programma GEM4, la posizione degli *hit* prodotti dal passaggio di una particella nella camera. Si tenga però presente che in fase di analisi dati non sarà utile conoscere la relazione  $(x, y) \rightarrow t$ , quanto piuttosto la sua inversa  $t \rightarrow (x, y)$ , che però, come già detto, non esiste in quanto la relazione è a priori non invertibile. Servirà dunque qualche accorgimento affinché si possa utilizzare l'informazione delle tabelle anche per l'analisi dei

dati (sia simulati che sperimentali).

### 4.2.1 Generazione delle tabelle

La generazione delle tabelle TXY è uno dei compiti che può essere svolto dalla simulazione in ambiente GARFIELD++ finora descritta. In particolare il programma parte dal punto ( $x = -3.5$  mm,  $y = 3.5$  mm) e si sposta da sinistra verso destra fino ad  $x = 3.5$  mm, poi passa alla riga successiva e continua fino al punto ( $x = 3.5$  mm,  $y = -3.5$  mm) a passi di  $0.1 \mu\text{m}$  sia lungo  $x$  che lungo  $y$ . Ad ogni punto corrisponde una riga della tabella, contenente  $x, y$  ed il tempo di deriva  $t$ ; la tabella risultante ha quindi un totale di 490000 righe. Per calcolare ogni singolo valore di tempo di deriva, GARFIELD++ genera a  $t = 0$  un elettrone con velocità iniziale nulla nel punto  $(x, y)$  selezionato e ne segue il trasporto operato dai campi elettrico e magnetico in assenza di diffusione (a meno che questa non sia esplicitamente attivata); misura quindi il tempo di arrivo dell'elettrone sul filo di senso e lo trascrive nella tabella. Se, a partire dal punto scelto, i campi non sono sufficientemente intensi per trasportare il deposito di carica fino al filo di senso, il programma attribuisce all'elettrone un tempo di deriva negativo ( $t = -1$ ). La generazione di queste tabelle richiede un lungo tempo: con la scansione descritta è necessaria più di mezz'ora per ogni tabella. L'utente può aumentare la dimensione del passo per rendere il processo più veloce, con ovviamente una perdita di precisione.

Per gli studi preliminari effettuati sono state prodotte 20 tabelle TXY con le caratteristiche appena presentate, corrispondenti a vari casi di posizione in  $r$  e  $z$ , campo magnetico acceso o spento, cella di centro, di bordo, di angolo o singola, diffusione assente o presente. La tabella 4.3 riassume le caratteristiche delle tabelle generate.

Una volta prodotta una tabella TXY, il programma può leggerla e disegnare le isocrone, corrispondenti ai luoghi dei punti il cui tempo di deriva è pari a quello dell'isocrona selezionata entro una tolleranza  $\pm 0.3$  ns. Tutte le figure di isocrone finora presentate (ad esempio la 2.25, la 4.5 o la 4.10) sono state realizzate con questa procedura.

### 4.2.2 Interpolazione delle tabelle

Come più volte ricordato, il campo magnetico di COBRA non è uniforme né lungo  $z$  né conseguentemente lungo  $r$ ; inoltre, come brevemente esposto nella sezione 4.1.1, a causa di un difetto di programmazione di GARFIELD++ per ogni valore del campo magnetico dev'essere ripetuta la generazione dei parametri di trasporto, che richiede molto tempo. Per di più la generazione delle tabelle TXY, pur essendo più rapida di quella dei parametri di trasporto, richiede anch'essa un tempo macchina non irrilevante. D'altro canto, però, la variazione di  $\vec{B}$  che interviene lungo  $z$  dev'essere tenuta in considerazione in qualche modo: ad esempio non sarebbe del tutto corretto usare la tabella TXY prodotta nelle condizioni di campo magnetico in ( $z = 0, r = 0$ ) cm anche per ( $z = 10, r = 5$ ) cm.

Per risolvere il problema è stata realizzata la libreria *TXYZTab.h*, destinata all'uso in am-

Tabella 4.3: Elenco delle tabelle  $TXY$  generate con GARFIELD++

| Nome tabella | Posizione | $(r[\text{cm}], z[\text{cm}])$ | Campo magnetico | Diffusione |
|--------------|-----------|--------------------------------|-----------------|------------|
| B0C          | Centrale  | (0,0)                          | No              | No         |
| B0CDiff      | Centrale  | (0,0)                          | No              | Sì         |
| Z0R0C        | Centrale  | (0,0)                          | Sì              | No         |
| Z0R0E        | Laterale  | (0,0)                          | Sì              | No         |
| Z0R0A        | D'angolo  | (0,0)                          | Sì              | No         |
| Z0R0S        | Singola   | (0,0)                          | Sì              | No         |
| Z0R0CDiff    | Centrale  | (0,0)                          | Sì              | Sì         |
| Z0R30C       | Centrale  | (0,30)                         | Sì              | No         |
| Z25R0C       | Centrale  | (25,0)                         | Sì              | No         |
| Z25R0CDiff   | Centrale  | (25,0)                         | Sì              | Sì         |
| Z25R30C      | Centrale  | (25,30)                        | Sì              | No         |
| Z50R0C       | Centrale  | (50,0)                         | Sì              | No         |
| Z50R0CDiff   | Centrale  | (50,0)                         | Sì              | Sì         |
| Z50R30C      | Centrale  | (50,30)                        | Sì              | No         |
| Z75R0C       | Centrale  | (75,0)                         | Sì              | No         |
| Z75R0CDiff   | Centrale  | (75,0)                         | Sì              | Sì         |
| Z75R30C      | Centrale  | (75,30)                        | Sì              | No         |
| Z100R0C      | Centrale  | (100,0)                        | Sì              | No         |
| Z100R0CDiff  | Centrale  | (100,0)                        | Sì              | Sì         |
| Z100R30C     | Centrale  | (100,30)                       | Sì              | No         |

biente ROOT, per la definizione della classe  $TXYZTab$ . L'obiettivo di questa classe è quello di interpolare linearmente, lungo  $z$  e lungo  $r$ , all'interno di un gruppo di tabelle fornite in ingresso. Dal punto di vista matematico, quindi, l'obiettivo della classe è quello di estendere la funzione  $t(x, y)$  nella terza dimensione, cioè trasformarla nella relazione  $t(x, y, z)$  ed eventualmente anche di calcolare la sua variazione al variare della distanza  $r$  della cella dal bersaglio.

Da un punto di vista più pratico, includendo la libreria  $TXYZTab.h$  nel codice sarà possibile sia usare direttamente un metodo della classe per ricavare il tempo di deriva di un punto qualsiasi, con coordinate  $(x, y, z)$  rispetto al sistema di riferimento generale, all'interno dell'intervallo di interpolazione<sup>1</sup> di una cella a distanza  $r$ , sia generare in modo estremamente più rapido nuove tabelle  $TXY$  al variare di  $z$  e/o di  $r$ .

Senza volersi addentrare troppo nei dettagli informatici della realizzazione della libreria, si può osservare che essa è articolata principalmente su due metodi,  $LoadTable()$  e  $Get-$

<sup>1</sup>L'intervallo di interpolazione è semplicemente definito dalla massima e minima  $z$  ed  $r$  delle tabelle fornite in ingresso.

$Time(x,y,z,r)$ , rispettivamente uno privato e l'altro pubblico. Quando l'utente decide di definire un'istanza (cioè un oggetto) della classe  $TXYZTab$  deve anche fornire le tabelle TXY fra le quali interpolare; d'ora in poi ci riferiremo a queste col nome di “tabelle in ingresso”. L'utente ha a disposizione tre costruttori per ogni oggetto  $TXYZTab$ , che differiscono per le caratteristiche delle tabelle in ingresso che possono essere quelle di default<sup>2</sup>, altre tabelle non di default ma equispaziate oppure tabelle distribuite in modo arbitrario sul piano  $(z,r)$ . I tre costruttori forniscono le informazioni corrette al metodo  $LoadTable()$ , che carica in memoria le informazioni delle tabelle selezionate (si è notato che se le tabelle caricate sono più di 10 possono insorgere problemi di occupazione della memoria, a meno che non vengano generate con un campionamento meno fitto).

Una volta caricate queste informazioni, l'utente potrà richiamare a piacimento il metodo  $GetTime(x,y,z,r)$  e, fornendo i valori per  $(x,y,z)$  del punto considerato (rispetto al sistema di riferimento interno della cella) e per la distanza  $r$  dal bersaglio ( $r$  è la coordinata radiale del sistema di riferimento generale), che serve principalmente a tener conto dell'angolazione del campo magnetico rispetto al piano, avrà in risposta il tempo di deriva  $t$  di un'elettrone prodotto in quel punto. Sui computer del P.S.I. il tempo di esecuzione del metodo è  $\approx 0.3 \mu s$ .

Il tempo è ottenuto tramite una semplice interpolazione lineare se ci si sta muovendo solo lungo  $z$  o solo lungo  $r$  (ad esempio, se avendo a disposizione due tabelle in ingresso prodotte a  $(z=0, r=0)$  cm ed a  $(z=30, r=0)$  cm si vuole trovare il tempo di deriva di un elettrone prodotto in  $(z=23, r=0)$  cm). Se ci si sta muovendo contemporaneamente lungo  $z$  e lungo  $r$ , l'interpolazione è ancora lineare ed è ottenuta mediando i tempi letti dalle tabelle più vicine al punto  $(r,z)$  desiderato e pesando la media di questi due tempi con la distanza, in  $(r,z)$ , del punto di nostro interesse da quello di produzione delle tabelle considerate. L'interpolazione, a seconda di come sono distribuite le tabelle in ingresso nello spazio  $(r,z)$ , può coinvolgere due o più tabelle.

Grazie all'uso della classe  $TXYZTab.h$  è possibile estendere il concetto di isocrona nella terza dimensione. Si possono cioè definire dei “tubi isocroni”, che sono superfici chiuse attorno al filo di senso ed estese lungo  $z$ . Ogni deposito di ionizzazione prodotto sulla superficie dello stesso tubo isocrono impiegherà (a meno, come sempre, della diffusione) lo stesso tempo per raggiungere il filo di senso. La forma di un tubo isocrono non si mantiene ovviamente costante lungo  $z$ , a causa della variazione del campo di COBRA; le variazioni maggiori si possono osservare sugli angoli delle isocrone corrispondenti ai tempi più lunghi ( $> 150$  ns). Nonostante la rozza approssimazione del campo magnetico che è stata utilizzata, la variazione di queste isocrone al variare di  $z$  nell'intervallo  $[0,1]$  m risulta più grande (anche se confrontabile) con quella indotta sulla singola isocrona dagli effetti di diffusione. Le figure 4.11 e 4.12 mostrano alcuni esempi di tubi isocroni. Si noti come la variazione della forma del tubo sia sempre più marcata man mano che si considerano tubi relativi a tempi più grandi. La figura 4.12 mostra anche la vista dall'alto del tubo isocrono a 200 ns,

---

<sup>2</sup>Le tabelle in ingresso di default sono Z0R0C, Z25R0C, Z50R0C e Z75R0C indicate nella tabella 4.3.

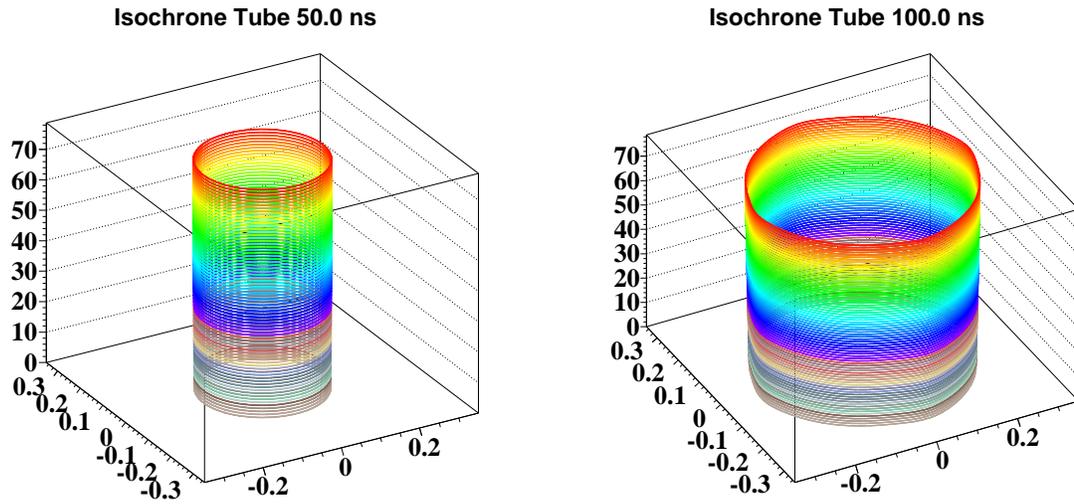


Figura 4.11: Due tubi isocroni, per  $z$  compreso fra 0 e 75 cm, corrispondenti ai tempi 50 ns e 100 ns.

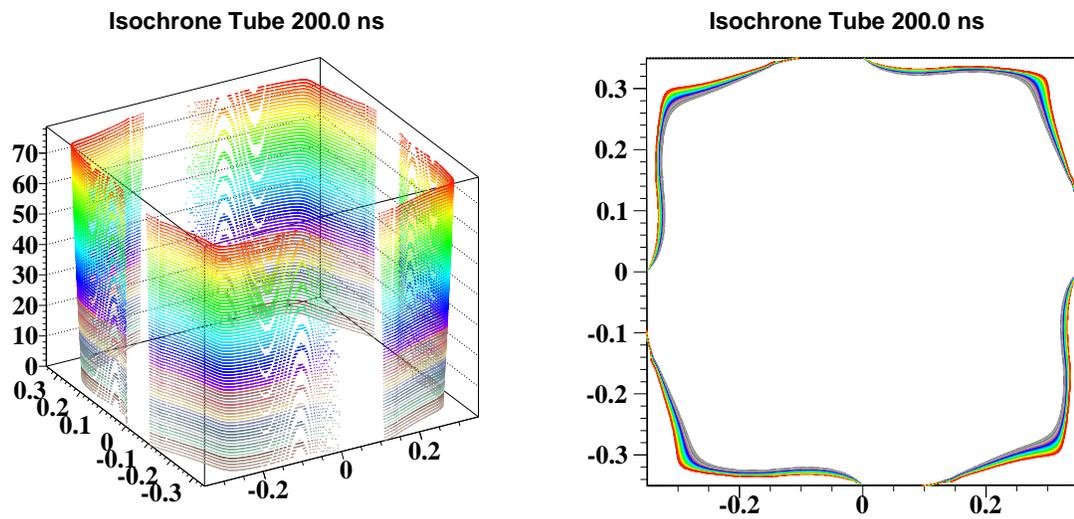


Figura 4.12: Tubo isocrono per  $z$  compreso fra 0 e 75 cm, corrispondente al tempo 200 ns. Vista laterale e superiore.

che permette di apprezzare la variazione complessiva della forma per una variazione totale in  $z$  di 75 cm. Si noti come le parti più deformate siano gli angoli e come in quei punti la differenza di forma dell'isocrona possa essere di circa mezzo millimetro.

### 4.2.3 Inversione delle tabelle

Come già discusso nel paragrafo 2.3.2, la funzione  $t(\vec{P})$  non è iniettiva; è stato proprio a partire da questa constatazione che sono state definite le isocrone. Questo naturalmente implica che non si possa parlare, con rigore matematico, dell'inversione della relazione  $t(\vec{P})$ ; tuttavia, come già è stato notato, senza operare quest'inversione l'unica utilità delle tabelle  $TXY$  sarebbe quella di consentire una simulazione accurata delle forme d'onda, senza poter utilizzare l'informazione in esse contenuta in fase di analisi e ricostruzione degli eventi. Il problema è già stato parzialmente discusso nel paragrafo 2.3.2; in questo paragrafo ci concentreremo sugli aspetti matematici ed informatici della sua soluzione.

La non invertibilità delle tabelle  $TXY$  deriva dal fatto che ogni isocrona è un'orbita, in cui a tutti i punti di cui è costituita corrisponde lo stesso tempo. Consideriamo una traccia che attraversa la cella in direzione rettilinea: questa assunzione è perfettamente giustificata, visto che il cammino all'interno della cella è circa 7 mm, mentre il raggio di curvatura della traiettoria dei positroni varia fra i 10 ed i 15 cm. Conoscendo a priori l'angolo con cui la traccia del positrone attraversa la cella, questa risulterebbe tangente all'isocrona solo in due punti, simmetrici rispetto al centro, a meno che le isocrone non abbiano una forma molto diversa da quella circolare. Questo significa che, definendo l'angolo  $\Theta$  formato dalla traccia con l'asse  $x$  del sistema di riferimento della cella, la relazione  $(t, \Theta) \rightarrow (x, y)$  risulta definita per ognuna delle due metà di un'isocrona. Grazie alle proprietà di simmetria quadrata delle isocrone precedentemente esposta, inoltre, il risultato sarà simmetrico rispetto al centro per le due metà. La discriminazione fra le due metà potrà essere compiuta osservando l'evoluzione spaziale della traccia, cioè la successione delle celle attraversate.

La  $\Theta$  della traccia può essere facilmente ricavata dal suo sviluppo all'interno del rivelatore, ottenuto tramite gli algoritmi di ricostruzione descritti nel capitolo 3. Se è disponibile il fit circolare della traccia sul piano  $(x, y)$  delle coordinate generali, infatti, sarà possibile ricavare l'angolo di incidenza del positrone su ogni cella attraversata, cioè esattamente il  $\Theta$  che ci occorre. In questo modo, tramite la conoscenza dello sviluppo generale della traiettoria percorsa dal positrone, ottenuta tramite i dati di basso livello utilizzati per l'algoritmo di *pattern recognition*, si potrà estrarre l'informazione sul punto della cella effettivamente attraversato ed in questo modo migliorare la conoscenza degli *hit*, e, di conseguenza, la conoscenza del quadrimpulso tramite il filtro di Kalman.

È naturalmente necessario predisporre un algoritmo che operi l'inversione delle tabelle  $TXY$ . In risultato sarà una tabella  $XY\Theta T$  che conterrà, per ogni coppia  $(\Theta, t)$ , il punto  $(x, y)$  in cui una traccia che forma un angolo  $\Theta$  con l'asse  $x$  è tangente all'isocrona corrispondente al tempo  $t$ . Si noti che questa tabella ha molte più righe delle tabelle  $TXY$ ; in particolare se si considerano angoli  $\Theta$  campionati ogni 3 mrad, una tabella  $TXY$  con un

passo in  $x$  ed  $y$  di  $0.1 \mu\text{m}$  ed una differenza fra le isocrone di  $0.2 \text{ ns}$  (tutti valori controllabili da costanti definite ad inizio programma), la tabella complessiva che contiene entrambe le metà di ogni isocrona avrà  $1026060$  righe ( $\approx 50 \text{ Mb}$  di dimensione, pur essendo un file di testo). La generazione completa di questa tabella richiede circa un'ora e mezza.

Ogni riga della tabella invertita finale conterrà  $t, \Theta, x_l, y_l, x_r, y_r$ , dove  $(x, y)_l$  sono i punti in cui la traccia con angolo  $\Theta$  è tangente alla metà sinistra ( $x < 0$ ) dell'isocrona corrispondente al tempo  $t$  e  $(x, y)_r$  sono relative alla metà destra ( $x > 0$ ).

L'inversione è effettuata da tre programmi: *TableInvert*, *TableMerge* e *TableControl*. Il primo di questi programmi legge una tabella *TXY* di GARFIELD++, assume che il massimo ed il minimo dei valori in  $x$  e  $y$  sia  $\pm 0.35 \text{ cm}$  e che la scansione della cella sia di  $0.1 \mu\text{m}$  (questi due valori possono comunque essere modificati dall'utente) e riempie due file: *InvertedL.txy* ed *InvertedR.txy*, corrispondenti alle due metà di ogni isocrona. I file contengono entrambi una tabella organizzata secondo angoli crescenti, e, per ogni angolo, un valore di  $t$  ed  $(x, y)$  senza nessun particolare ordinamento. Il programma genera un fascio di rette parallele per ogni angolo e determina il minimo tempo d'approccio al filo fra tutti i punti di ogni retta. Fino a quando l'angolo si mantiene tale che  $\sin \Theta < \frac{\sqrt{2}}{2}$  (cioè  $\Theta < 45^\circ$ ), le rette parallele vengono generate procedendo dall'alto verso il basso, e successivamente da destra verso sinistra, come mostrato nella figura 4.13. Ogni retta è poi divisa in passi

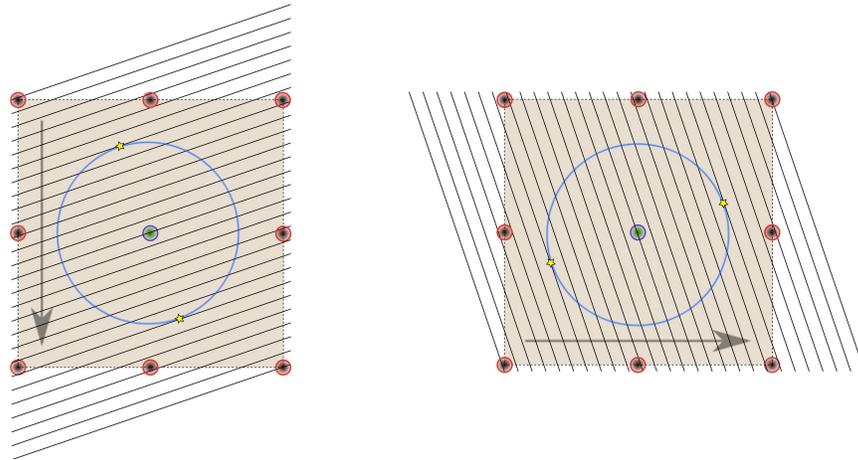


Figura 4.13: Procedura d'inversione delle tabelle *TXY*: generazione di un fascio di rette parallele, scorrimento verticale per angoli piccoli, orizzontale per angoli grandi. Confronto con le isocrone (cerchio azzurro), calcolo del punto di tangenza (minimo tempo: stelle gialle). Nella figura è mostrata una sola isocrona, ma il programma ne individua una per ogni retta generata.

da  $0.1 \mu\text{m}$ ; per ognuno di questi punti (se si trova all'interno della cella) si legge il tempo relativo sulla tabella *TXY* da invertire, e fra questi si sceglie il minimo: l'isocrona così

selezionata risulterà essere quella tangente alla retta che stiamo considerando, per cui il programma trascrive il suo tempo  $t$  ed il punto  $(x, y)$  corrispondenti.

*TableMerge* permette di riunire le tabelle R ed L in un'unica tabella ordinata, chiamata *InvertedLR*, con tempi crescenti da 0 all'isocrona massima ( $\approx 250$  ns). Questo programma per ogni tempo scrive un angolo da  $-\pi/2$  a  $+\pi/2$  e per ogni coppia angolo-tempo scrive la  $x$  e la  $y$  sia sulla metà sinistra che su quella destra. La tabella finale ha la forma:  $t$  (crescenti),  $\Theta$  (crescenti per ogni tempo),  $x_l, y_l, x_r, y_r$ . Il programma controlla anche che i punti  $(x, y)_l$  ed  $(x, y)_r$  siano simmetrici rispetto al centro, entro una piccola tolleranza.

*TableControl* è un codice di controllo dell'intera procedura. Questo programma legge i file *InvertedR.txy* e *InvertedL.txy* creati da *TableInvert* e disegna 15 isocrone (da 10 a 160 ns); per ogni isocrona disegna in nero la metà destra (letta da *InvertedR.txy*) ed in magenta la metà sinistra (letta da *InvertedL.txy*). Per ognuna delle due metà, poi, disegna tre intercette casuali per controllare che gli angoli corrispondenti siano corretti, ed una stellina nei punti di tangenza. Il risultato, per una tabella *TXY* calcolata in assenza di campo magnetico (a cui corrispondono isocrone come quelle della figura 4.5), è visibile nella figura 4.14.

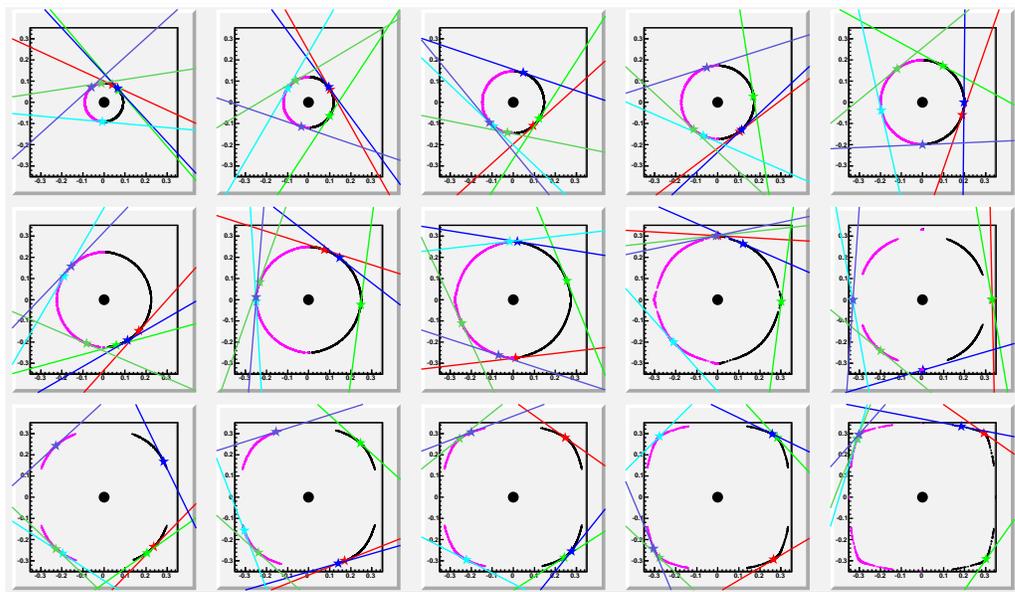


Figura 4.14: Output grafico di *TableControl*.

Le tabelle invertite generate con questi programmi potranno essere utilizzate nei programmi di analisi dati di MEG-2: una volta che la traccia è stata individuata tramite algoritmi come quelli descritti nel capitolo 3, si può infatti ottenere l'informazione sul suo angolo di attraversamento della cella, mentre il tempo di arrivo dei depositi di ionizzazione sul

filo può essere ottenuto dalla decodifica delle forme d'onda. A quel punto, consultando la tabella *InvertedLR* relativa alla configurazione di campo magnetico di quella cella, sarà possibile ricavare il punto  $(x, y)$  dal quale il positrone dovrebbe essere passato, ricordando comunque che i punti letti dalla tabella saranno due e la scelta fra questi sarà basata sull'evoluzione complessiva della traccia.

### 4.3 Cluster Timing

Il *Cluster Timing* [39] è un metodo che permette di stimare il parametro d'impatto  $b$  della traccia basandosi non solo sull'informazione del primo deposito di carica che arriva sul filo di senso, ma anche di tutti i successivi (vedi figura 4.15). Fino a questo momento sono

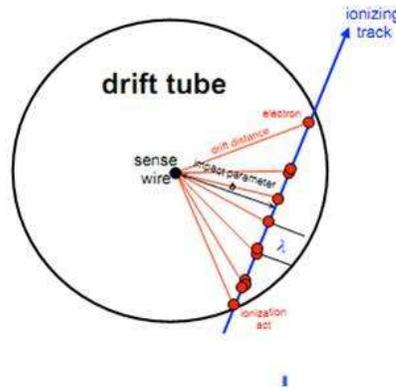


Figura 4.15: Schema del principio del *Cluster Timing*

stati proposti vari algoritmi che permetterebbero di fare uso di questa tecnica, ma non è stata ancora individuata la strategia definitiva da usare in MEG-2, per cui si tratta di un argomento ancora completamente aperto.

Una decodifica delle forme d'onda basata sul *Cluster Timing* dovrebbe fornire una misura di  $b$  più precisa e priva di distorsioni. Infatti per la misura del parametro d'impatto di una traccia non si userebbe più solo un deposito di ionizzazione (e dunque una singola misura di tempo) ma tutti quelli prodotti in una cella (in media 8÷9). Inoltre, ed è l'aspetto forse più importante, la misura basata solo sul tempo di arrivo del primo deposito è affetta a priori da una distorsione (*bias*), per cui il parametro così stimato è sempre necessariamente  $\geq$  di quello esatto.

La possibilità di utilizzare la tecnica del *Cluster Timing* non è stata considerata per le attuali camere di MEG a causa delle proprietà del gas usato. Infatti, in una miscela 50% He 50% C<sub>2</sub>H<sub>6</sub> il libero cammino medio di un positrone da  $\approx 50$  MeV è  $\ll$  delle dimensioni

della cella, ed il numero medio di ionizzazioni/cm è  $\approx 30$ . Questo implica che, da una parte, risulta troppo difficile separare i picchi derivanti dagli istanti d'arrivo dei diversi depositi e dall'altra che ci sia frequentemente un *hit* prodotto nel punto di minima distanza fra filo e traccia, per cui la distorsione è molto piccola e la tecnica del *Cluster Timing* diventa sostanzialmente inutile.

Come sottolineato nella sezione 2.4.1, la nuova DCH dell'esperimento MEG-2 è stata concepita per essere molto più trasparente delle attuali camere; questo ha determinato anche la scelta di un gas meno denso e con un numero atomico medio più basso (90% He, 10%  $iC_4H_{10}$ ), in cui i positroni rilascino meno depositi di ionizzazione per unità di lunghezza ( $\approx 12.5$  al cm). Questo aumento del libero cammino medio, oltre a ridurre la diffusione coulombiana multipla, rende possibile la separazione dei picchi, a patto di avere un'elettronica molto veloce, con risoluzione almeno del nanosecondo e con elevata banda passante, ma contemporaneamente aumenta la distorsione dovuta alla stima del parametro d'impatto basata sul solo tempo di arrivo del primo deposito. L'uso del *Cluster Timing* per DRAGO potrebbe permettere di misurare il parametro d'impatto con una risoluzione inferiore ai  $120 \mu m$ .

Si noti inoltre che la distorsione sulla stima di  $b$  ottenuta usando solo il primo deposito cresce man mano che la traccia si avvicina al filo di senso, a causa della maggiore differenza relativa fra il parametro di impatto ed il punto di ionizzazione più vicino (quindi,  $b$  più piccoli sono affetti da distorsioni maggiori). Questo può essere osservato nella figura 4.16, che mostra come nel caso della camera di KLOE, di concezione simile a DRAGO e

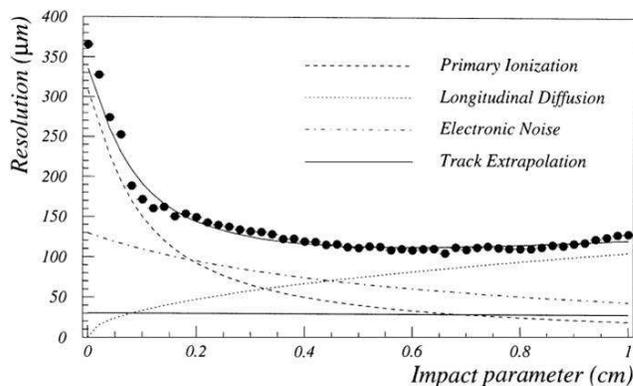


Figura 4.16: Risoluzione sulla misura del parametro d'impatto in funzione del parametro d'impatto stesso misurata nel tracciatore dell'esperimento KLOE [37]. Il contributo stimato delle varie cause che determinano la risoluzione nel parametro d'impatto è mostrato nella figura.

riempita anch'essa con una miscela di gas 90% He, 10%  $iC_4H_{10}$ , per bassi parametri d'im-

patto la perdita di risoluzione sia dominata dall'effetto di ionizzazione primaria, che indica la distorsione di cui si è parlato finora. Dunque questi risultati sembrerebbero indicare che per poter migliorare la risoluzione strumentale della nuova camera a deriva di MEG (specialmente per misurare valori piccoli di  $b$ ) sarà necessario adottare una strategia di ricostruzione del parametro d'impatto che utilizzi la tecnica del *Cluster Timing*.

### 4.3.1 Individuazione dei picchi delle forme d'onda

Il primo problema che si incontra nell'utilizzo del *Cluster Timing* è la necessità di distinguere fra loro i vari picchi. Un tentativo in questo senso è stato compiuto sui segnali raccolti dai prototipi costruiti e testati nei laboratori dell'INFN di Pisa. Il prototipo usato, realizzato principalmente per lo studio dell'invecchiamento della camera, è costituito da una singola cella di lato 7 mm, lunga 20 cm e dotata di fili di tungsteno dorato di diametro 25  $\mu\text{m}$  nel caso del filo di senso e di 80  $\mu\text{m}$  per gli otto fili di campo; la differenza di potenziale fra i due è stata fissata a 1250 V. Il prototipo è stato riempito con una miscela di gas 90% He, 10%  $\text{iC}_4\text{H}_{10}$  ed irraggiato con una sorgente di  $^{241}\text{Am}$  con attività di  $\approx 1$  Bq.

Si è cercato di realizzare un filtro che permettesse di discriminare fra segnale e rumore basato sulla trasformata di Fourier (in particolare la *Fast Fourier Transform*, FFT). È stato osservato che con questo filtro è effettivamente possibile migliorare il rapporto segnale-rumore, ma i picchi individuati sembrano essere in numero inferiore rispetto a quanto atteso, il che fa supporre che alcuni siano sovrapposti e quindi indistinguibili, o siano stati confusi con il rumore. È anche stato notato che alcuni dei picchi osservati sembrerebbero dovuti a riflessioni anomale avvenute all'interno dei cavi, dovute probabilmente ad un'errata impedenza di terminazione (questo problema è stato successivamente corretto, ma lo studio sulle forme d'onda acquisite successivamente alla correzione non è stato ancora ripetuto a causa di altri problemi tecnici). Un ulteriore problema riscontrato è un'anomala variazione della *baseline* del segnale, dovuta ad un qualche malfunzionamento non identificato (probabilmente legato al trasferimento dati tramite USB) nella scheda DRS usata per la presa dati.

Il filtro elaborato prevede anzitutto la selezione di due sezioni della forma d'onda di uguale dimensione (150 ns), come è possibile osservare nella figura 4.17, lato sinistro. Di entrambe viene calcolata la trasformata di Fourier. Vengono poi confrontati i moduli di queste trasformate, come mostrato in figura 4.17, lato destro, e vengono rigettate tutte le frequenze di segnale il cui modulo è pari o inferiore ad  $1/3$  del modulo della trasformata del rumore per quella frequenza (è anche possibile abilitare un secondo controllo che evita di tagliare frequenze con modulo superiore ad una frazione, decisa dall'utente, del modulo della frequenza massima). Vengono inoltre rigettate tutte le frequenze successive ad una frequenza  $\omega'$ , tale che la media sui trenta bin della trasformata del segnale centrata in  $\omega'$  risulta inferiore alla media della trasformata del rumore più la sua RMS.

La FFT così "ripulita" viene poi antitrasformata, ottenendo un risultato come quello che si può osservare nella figura 4.18. È stato notato che le riflessioni di segnale hanno un ritardo

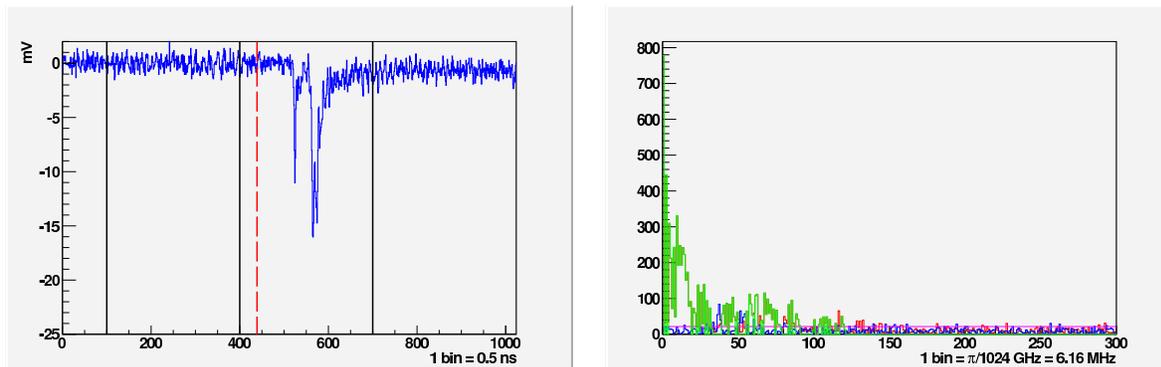


Figura 4.17: A sinistra: una forma d'onda registrata con una scheda DRS nel prototipo per lo studio dell'invecchiamento; la linea rossa è l'istante di *trigger*. Viene selezionata una sezione di solo rumore (dal bin 100 al 400) ed una di rumore più segnale (dal bin 400 al bin 700). A destra: modulo delle trasformate di Fourier. In rosso, la trasformata del rumore; in blu, la trasformata del segnale; in verde, la trasformata del segnale filtrata; in viola, il livello del rumore medio più la sua RMS

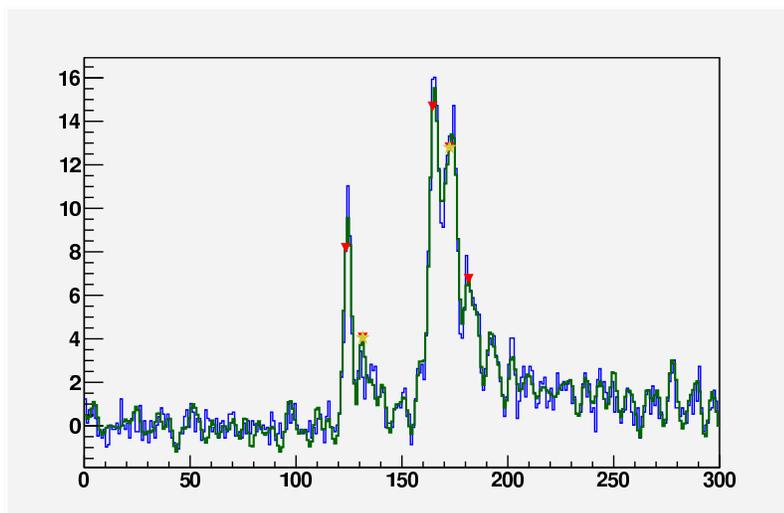


Figura 4.18: La zona di segnale della forma d'onda mostrata in figura 4.17 (rovesciata). La curva verde è il risultato della tecnica di filtraggio. I triangoli rossi sono i picchi individuati, le stelle rappresentano i segnali interpretati come riflessioni

ed un rapporto in ampiezza circa costante rispetto al segnale che le ha generate, il che permette di discriminare i picchi veri da quelli dovuti a riflessioni. Infine le informazioni sulla posizione temporale e sull'altezza dei picchi, non interpretati come riflessioni, vengono salvate in memoria per le eventuali successive analisi.

Nonostante le varie difficoltà esposte, è stato possibile analizzare un campione di 7024 forme d'onda ed individuare la correlazione attesa fra il numero di picchi individuati ed il tempo del primo picco. Questa è dovuta al fatto che la sorgente  $\alpha$  usata per queste misure è posta di fronte ad uno dei vertici del quadrato che costituisce la cella. In questo modo, se la traccia passa sulla diagonale della cella produce più picchi perché il percorso è più grande e, contemporaneamente, il tempo di arrivo del primo deposito di ionizzazione è minore poiché passa in prossimità del filo di senso; viceversa se passa ad una certa distanza dal centro e quindi dal filo di senso, il primo picco arriva più tardi e la lunghezza del cammino all'interno della cella si riduce, con conseguente diminuzione del numero di picchi. L'effetto è visibile nella figura 4.19, lato sinistro.

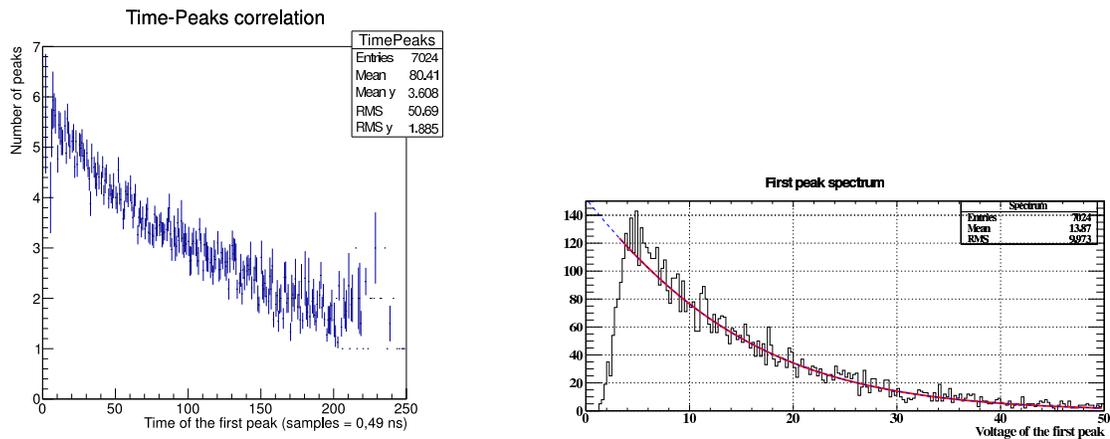


Figura 4.19: A sinistra: correlazione fra il tempo di arrivo del primo deposito ed il numero di picchi individuati per le forme d'onda acquisite con il prototipo per l'invecchiamento. A destra: spettro dell'ampiezza del primo picco individuato in ogni forma d'onda, con fit esponenziale della coda destra.

È stato eseguito uno spettro dell'ampiezza del primo picco individuato in ogni forma d'onda campionata, che è mostrato nella figura 4.19, lato destro. Il fit esponenziale sembra descrivere bene la coda del segnale. Se più tipi di atomi fossero stati ionizzati (ad esempio, sia l'idrogeno che il carbonio), si sarebbero probabilmente potuti distinguere più picchi appartenenti a più poissoniane convolute; dal momento che ciò non avviene, si conclude che probabilmente un solo tipo di atomi è stato ionizzato. Ciò potrebbe essere dovuto alla differenza di potenziale non molto alta usata nel prototipo, che non permette di distingue-

re dal rumore i segnali più piccoli, come quelli prodotti dalla ionizzazione dell'idrogeno. Questo giustificerebbe anche il basso numero di picchi osservati rispetto alle attese.

Il lavoro sul *Cluster Timing* è tutt'ora in corso e verrà ripreso durante l'analisi delle forme d'onda acquisite su un prototipo più lungo (1.8 m), in fase di filatura. L'acquisizione di questi segnali sarà eseguita in modo da evitare le riflessioni nei cavi ed aumentando la differenza di potenziale fra i fili; così facendo si aumenta l'ampiezza dei segnali e conseguentemente si semplifica l'analisi. Ad ogni modo, quelle che sono state presentate sono misure preliminari, utili per capire le potenzialità del metodo, individuare le caratteristiche dell'elettronica e sviluppare le tecniche di filtraggio.



## Capitolo 5

# Conclusioni

L'esperimento MEG si propone di cercare, con una sensibilità al livello di  $10^{-13}$ , il decadimento  $\mu^+ \rightarrow e^+ + \gamma$  che viola la conservazione del sapore leptonic. Allo stato attuale, l'esperimento è riuscito a stabilire il miglior limite superiore sul rapporto di decadimento del processo (1):  $\text{BR} < 5.7 \cdot 10^{-13}$  con un livello di confidenza del 90% [1]. Non è stata finora osservata alcuna evidenza di un eccesso di eventi rispetto al fondo atteso nella regione di segnale.

Per riuscire a migliorare ancora la sensibilità di MEG e permettere di esplorare l'intervallo di BR fra  $10^{-13}$  e  $10^{-14}$  è stata elaborata una proposta di miglioramento dell'apparato, che interesserà tutti e tre i rivelatori che compongono l'esperimento. Questi sono un insieme di camere a deriva per il tracciamento e la misura del quadrimpulso del positrone, un calorimetro a xenon liquido per la misura dell'energia del fotone, del suo tempo di arrivo e del suo punto di interazione ed un sistema di barre scintillanti ("Timing Counter", TC) per la misura del tempo del positrone. La sostituzione delle camere attuali con una nuova camera a deriva, che verrà utilizzata per registrare la traccia dei positroni, costituisce l'aspetto più importante di questo miglioramento e lo studio delle prestazioni di questo nuovo rivelatore è stato l'argomento principale trattato in questo lavoro di tesi.

Nel capitolo 3 si è affrontato il problema dell'identificazione delle tracce, vale a dire quello della distinzione e dell'associazione dei segnali prodotti nella camera e nel TC da molti positroni che li attraversano nella stessa finestra di trigger. Questo studio, che prende in considerazione la camera nella sua interezza senza focalizzarsi sulla formazione dei segnali nelle singole celle, considera i dati *prompt* "di primo livello" che possono essere ottenuti senza la decodifica completa delle forme d'onda, i quali forniscono una stima iniziale dei punti dove sono avvenuti i rilasci di energia (*hit*) prodotti dall'attraversamento della camera e del TC da parte di ogni singolo positrone. Per elaborare gli algoritmi di identificazione sono stati utilizzati dei dati MC, per cui sono stati predisposti dei passaggi preliminari di simulazione, lettura, deterioramento e mescolamento dell'informazione, in modo da strutturarli in maniera simile ai dati sperimentali. L'algoritmo di analisi è organizzato in tre

blocchi: associazione degli *hit* nella camera, associazione degli *hit* nel TC e individuazione della corretta associazione fra camera e TC. Il primo di questi tre compiti è il più ampio e complesso perchè gli *hit* nella camera sono molte ( $10 \div 70$ ) volte più numerosi dei gruppi di *hit* nel TC; inoltre l'informazione temporale è assente, e la conoscenza spaziale degli *hit* nella camera a questo livello può risultare meno precisa di quella misurata dal TC, specialmente se l'incertezza  $\sigma_z$  sulla coordinata longitudinale lungo il filo è molto alta. Sono stati dettagliatamente analizzati e misurati i vari tipi di errore di associazione al variare di  $\sigma_z$  (1 cm, 5 cm, 10 cm) ed il tempo richiesto per l'analisi; tutti questi parametri, per quanto preliminari e forse suscettibili di miglioramento, risultano accettabili ai fini dell'introduzione del programma sviluppato nel *software* generale di analisi dati di MEG.

Nel capitolo 4 sono stati invece presi in considerazione alcuni metodi per migliorare la conoscenza spaziale degli *hit* sul piano trasverso al filo, cioè la coordinata radiale ed azimutale dei punti di attraversamento del positrone, concentrandosi sulla formazione del segnale nelle singole celle; questo studio è complementare a quello sopra presentato. Lo scopo è cercare di descrivere il comportamento degli elettroni prodotti durante la ionizzazione in modo da poter utilizzare il loro tempo di deriva per raggiungere risoluzioni al livello di  $\approx 100 \mu\text{m}$ . Lo studio è stato articolato su tre punti: simulazione dei processi di deriva con il programma GARFIELD++ [38], studio delle tabelle *TXY* (generazione, interpolazione ed inversione) che “mappano” la cella in base alle configurazioni di campo elettrico e magnetico, per la corretta gestione dei tempi di deriva in fase di simulazione e di analisi, ed una breve appendice sulle tecniche di *Cluster Timing* [39], che potrebbero consentire di sfruttare l'informazione sul tempo di arrivo di tutti i depositi di ionizzazione per migliorare la stima del parametro d'impatto della traccia che li ha prodotti. Anche questi studi sono da considerare preliminari e si applicano principalmente allo studio dei prototipi, ma costituiscono un utile punto di partenza per le prime simulazioni e lo sviluppo di algoritmi di analisi più complessi.

L'intero studio sulle strategie di miglioramento complessivo di MEG è tutt'ora in corso, per cui tutto il lavoro fin qui presentato potrebbe essere soggetto a variazioni, raffinamenti e modifiche. Si è potuto constatare comunque che molte di queste (ad esempio nel caso di un cambio della geometria dei fili della camera o della forma delle celle) avrebbero un'influenza abbastanza ridotta sulla struttura e sulle prestazioni dei programmi presentati.

Quest'anno sarà l'ultimo in cui l'esperimento prenderà dati nella sua attuale configurazione, mentre l'inizio della presa dati con il nuovo apparato è prevista per l'inizio del 2016.

# Bibliografia

- [1] J. Adam et al. (MEG Collaboration). *Phys. Rev. Lett.*, **110**(20), 2013.
- [2] G. Aad et al. (Atlas Collaboration). *Phys. Lett. B*, **716**(1), 2012.
- [3] S. Chatrchyan et al. (CMS Collaboration). *Phys. Lett. B*, **716**(30), 2012.
- [4] Y. Kuno and Y. Okada. *Rev. Mod. Phys.*, **73**(151), 2001.
- [5] J. Beringer et al. (Particle Data Group). *Phys. Rev. D*, **86**(010001), 2012.
- [6] B. Cleveland et al. (Homestake Collaboration). *Ap. J.*, **496**(505), 1998.
- [7] Q. R. Ahmad et al. (SNO Collaboration). *Phys. Rev. Lett.*, **89**(011301), 2002.
- [8] Y. Fukuda et. al. (Super-Kamiokande Collaboration). *Phys. Rev. Lett.*, **86**, 2001.
- [9] N. Agafonova et al. (OPERA Collaboration). *Physics Letters B*, **691**(3):138 – 145, 2010.
- [10] C. Arpesella et al. (Borexino Collaboration). *Phys. Lett. B*, **658**(101), 2008.
- [11] M. Ambrosio et al. (MACRO Collaboration). *Phys. Lett. B*, **434**(451), 1998.
- [12] M. H. Ahn et al. (K2K Collaboration). *Phys. Rev. Lett. D*, **74**(072003), 2006.
- [13] K. Abe et al. (T2K Collaboration). *Phys. Rev. Lett.*, **107**(041801), 2011.
- [14] K. Eguchi et al. (Kamland Collaboration). *Phys. Rev. Lett.*, **90**(021802), 2003.
- [15] J. Bonn et al. (Mainz Collaboration). *Physics of Atomic Nuclei*, **63**(6):969–974, 2000.
- [16] D. G. Michael et. al. (MINOS Collaboration). *Phys. Rev. Lett.*, **97**(191801), 2006.
- [17] M. Apollonio et. al. (CHOOZ Collaboration). *Eur. Phys. J. C*, **27**(3):331–347, 2003.
- [18] Y. Abe et al. (Double Chooz Collaboration). *Phys. Lett.*, **B723**:66–70, 2013.
- [19] J. K. Ahn et al. (Reno Collaboration). *Phys. Rev. Lett.*, **108**(191802), 2012.

- [20] F. P. An et al. (Daya Bay Collaboration). *Phys. Rev. Lett.*, **108**(191802), 2012.
- [21] Seth H. Neddermeyer and Carl. D. Anderson. *Phys. Rev.*, **51**(884), 1937.
- [22] Bruno Pontecorvo. *Phys. Rev.*, **72**(246), 1947.
- [23] G. Aad et al. (Atlas Collaboration). arxiv:1210.4826, arxiv:1210.4813, arxiv:1210.4457, arxiv:1210.2852, arxiv:1210.1314, arxiv:1209.4186, arxiv:1209.2102, arxiv:1209.0753, arxiv:1208.4688, arxiv:1208.4350, arxiv:1208.3144, arxiv:1208.4305, arxiv:1208.3144, arxiv:1208.2884, arxiv:1208.2590, arxiv:1208.0949, arxiv:1207.4686, arxiv:1206.1760.
- [24] S. Chatrchyan et al. (CMS Collaboration). arxiv:1210.2052, arxiv:1209.6620, arxiv:1207.1798, arxiv:1207.1898, arxiv:1206.3949, arxiv:1205.6615, arxiv:1205.3933, arxiv:1204.5341, arxiv:1204.3774.
- [25] Mu2E Collaboration. Proposal to Fermilab. 2008.
- [26] Mu3e Collaboration. Research proposal to P.S.I. 2012.
- [27] COMET collaboration. Proposal to JPARC. 2008.
- [28] SINDRUM Collaboration. *Nucl. Phys. B*, **299**(1), 1988.
- [29] SINDRUM II Collaboration. *NOON03 Conference Proceedings*, 2003.
- [30] B. Aubert et al. (BaBar Collaboration). *Phys. Rev. Lett.*, **104**(021802), 2010.
- [31] K. Hayasaka K et al. (Belle Collaboration). *Phys. Lett. B*, **666**(16), 2008.
- [32] U. Hartmann S. Ritt, R. Dinapoli. *Nucl. Instr. Meth. A*, **623**(486), 2010.
- [33] <http://garfield.web.cern.ch/garfield/>. Garfield - simulation of gaseous detectors. 2010.
- [34] A. Baldini et al. *Nucl. Instr. Meth.*, **A565**:589–598, 2006.
- [35] J. Adam et al. (MEG Collaboration). *Nucl. Instr. Meth.*, **A641**:19–32, 2011.
- [36] A. Baldini et al. *Nucl. Instr. Meth.*, **A545**(753), 2005.
- [37] M. Adinolfi et al. (KLOE Collaboration). *Nucl. Instr. Meth. A*, **488**:51 – 73, 2002.
- [38] <http://garfieldpp.web.cern.ch/garfieldpp/>. Garfield++ – simulation of tracking detectors. 2012.
- [39] G. F. Tassielli et. al. *Nucl. Instr. Meth. A*, **617**(199-201), 2010.
- [40] Richard J. Meinhold and Nozer D. Singpurwalla. *The American Statistician*, **37**(2):123–127, 1983.

- [41] F. Cei P.W. Cattaneo, R. Sawada and M. Schneebeili. *Eur. Phys. J. Plus*, **126**(60), 2011.
- [42] <http://geant4.cern.ch>. Geant 4: a toolkit for the simulation of the passage of particles through matter.
- [43] <http://root.cern.ch>. Root: a data analysis framework.
- [44] <http://wwwasd.web.cern.ch/wwwasd/geant>. Geant - detector description and simulation tool.



# Ringraziamenti

Bene bene, eccoci all'unica parte della tesi che molti di voi leggeranno davvero. Era da un bel po' che pensavo a cosa scrivere qui dentro, ed alla fine ho deciso di farvi un favore: vi dico in tre parole cosa c'è scritto nelle 160 pagine prima, così potete fare bella figura con tutti e darvi un'aria da fisici (un po' come faccio io da circa sette anni). In pratica, c'è questo aggeggio che si chiama MEG (già, come la figlia di Peter Griffin, esatto) e che serve a misurare una probabilità piccina picciò (quanto picciò esattamente nessuno lo sa... Fate conto che è parecchio più bassa della probabilità di trovare un idraulico competente in un sabato sera d'Agosto mentre c'è la finale dei mondiali). L'aggeggio in questione si trova in Svizzera ma NON AL CERN, NON AL CERN SANTO CIELO! Ce ne sono anche ALTRI di laboratori per le elvetiche lande, e non siete autorizzati ad ignorarli solo perché Dan Brown non ci ha ambientato nessuno dei suoi romanzi. Tale laboratorio è a nord, in canton Argovia, dove la gente parla tedesco, mangia gordon bleu da settanta centimetri e ti saluta dicendo GRUTZI, che sembra più che altro un rumore da post digestione (che dopo un gordon bleu da settanta centimetri ci può anche stare).

Insomma, per farla breve, nell'aggeggio deve essere infilato un bricco nuovo, che se volete fare bella figura potete chiamare camera a deriva (anche se non c'entra nulla né con un letto, né con una barca a vela, frenate l'entusiasmo). Questo bricco bisogna capire se funziona bene o male, e per capirlo uno fa finta di averlo già costruito ed analizza i segnali che saltano fuori, anche se non ce l'ha per davvero. I fisici sono persone fantasiose.

Bene, veniamo quindi ai doverosi ringraziamenti. Primo della lista deve necessariamente essere il mio relatore Fabrizio Cei, che mi ha guidato con estrema pazienza e precisione, con cui ho sempre avuto modo di confrontarmi a lungo ed approfonditamente e con il quale (posso dirlo sinceramente) è stato bello discutere delle strategie da seguire, degli errori da evitare e di come fare a tirare fuori qualcosa di utile e sensato dai dati. Per cui se questa tesi è scritta in modo comprensibile lo devo a lui (infatti, questi ringraziamenti non me li ha corretti... È per questo che non ci si capisce nulla!).

Un grazie sincero anche a Giovanni Signorelli ed a Simeone Dussoni, che mi hanno guidato ed istruito in quella (piccola) attività di laboratorio che ho svolto strada facendo e che si sono interessati al mio lavoro con attenzione e simpatia. E naturalmente, a tutto il resto della collaborazione MEG di Pisa: Alessandro Baldini, Marco Grassi, Donato Nicolò, Francesco Tenchini (al quale in teoria devo ancora una partita a Magic). Un ringraziamento speciale

a Luca Galli (sì insomma dai, il gallaccio. . .) per la sua amicizia, la sua disponibilità ed i suoi consigli, sia universitari che “di vita”.

Ma MEG è anche oltre Pisa (ci mancherebbe!). Un saluto grandissimo va a Matteo De Gerone, per l’ospitalità, le risate ed i barbecue, ed ad Emanuele Ripiccini (per gli amici “er Pappo”), che. . . Non si può raccontare, il Pappo va conosciuto. E come dimenticare Francesco Renga (in MEG abbiamo VIP che voi nemmeno potete sospettare), Angela Papa ed Elisabetta Baracchini, i miei guru di quest’estate passata al P.S.I., fra un vuoto che non si riesce a fare, un salto al *time out* ed una cenetta in vista della torre di Brugg. Ed anche le amicizie che lì ho avuto modo di stringere, in particolare con quei due amorosi mattacchioni romani (di nascita o d’adozione) di Valentina e Giuliano, che spero di poter incrociare di nuovo prima o poi.

Ma veniamo al centro nevralgico delle mie fatiche, al teatro di gioie e dolori, a quelle quattro mura con una sola ROOT color wheel ed un sacco di cancelleria di CMS, al punto turistico più importante di Pisa dopo la torre, al tempio dell’ora del trash: la straziante, stupefacente, odiata, amata e soprattutto condizionata #Aulaureandi. Primi della lista i miei colleghissimi, Marco ed Emanuele, che come me si sono discretamente spaccati la schiena e rotti le ossa su questo lavoro, che insieme a me hanno commentato, riso, confrontato, ragionato, inveito contro ROOT e bevuto caffè mentre cercavamo di fornire il nostro contributo alla sciiiiienza. Ma non sono certo da meno Filippo (Pi), Stefania e Luca, che. . . Poffarbak! Hanno proprio la testa nelle stelle. Ci sono poi gli ospiti più o meno fissi: Scotty (il dr. Evanescete), Alberto, Camilla, Adele e le sue torte meravigliose. E cosa dire degli occupanti storici ed ABUSIVI? Quel brontolone di Davide, il “lucchese di campagna” (mah. . .) che ha sempre qualcosa da ridire sul mio Mac, ed Irene-Warry-Guerri, compagna di corsi ed esami dall’inizio alla fine e soprattutto generale in comando degli Warriors del laboratorio di interazioni fondamentali, in questa lunga traversata che è stata la laurea all’Unipi.

Non certo l’unica compagna di viaggio, però. Un ringraziamento dovuto e sentito va a Nachi, con cui ho affrontato mille esami e molte ore passate a studiare e ad interrogarsi sulle regole dell’universo, ed a Francesco Torre; non fosse stato per lui con cavolo che davo analisi 4 (o che conoscevo BloodBowl). Ma grazie anche ad Anna, a Riccardo, a Sapiens, a Livia, al Lupi, al Lanzo, a Lapo, a Davide, a Filippo (compagni di laboratorio forever), a Claudia, a Maria Teresa, a Francesco (che completa la rosa degli Warriors) ed a tutti gli altri.

Non di sola fisica vive l’uomo, però. Almeno, io no di sicuro. Chi mi conosce lo sa, la mia vita si consuma anche (almeno nella tesi non fatemi scrivere “soprattutto”) sul palco, c’ho questa brutta malattia. Per fortuna che attorno a me c’è la più meravigliosa compagnia che l’uomo possa desiderare, i miei Postumi infiniti ed immensi, i miei amici e compagni di mille avventure, i Postumi che furono, che sono e che saranno, tutti, ma proprio tutti: Ale13, che come me ci crede, che quanto me si sbatte, che più di me emoziona, che insieme a me scrive e che è uno dei migliori amici che si possa desiderare di avere; Alfredo, menestrello contemporaneo, poeta estemporaneo, istrionico geniale artista che riempie il tempo

di significato, di citazioni e di musica intelligente, perchè per formarla usa testa e cuore; Costa, dalla notte dei tempi compagno di copione, ma anche di film, di filosofie circonvenute e di visioni del futuro; Simone, con cui tutto è iniziato e dal quale posso solo sperare di imparare qualcosa; Chica con le sue battute taglienti, le sue disavventure tragicomiche e la sua dolcezza; Martina con le sue splendide creazioni di tela e magia la sua forza d'animo che già la sta portando lontano; Matteo con le sue trovate geniali; Elena con la sua attenzione ai dettagli; Chiara a cui voglio un gran bene; Michele (Miguel! Miguel!) meglio noto come ilbuoncarignani; Francesco (NUUUTIIINIIII!) e la sua passione; Ciuffo ed i suoi impagabili "oohhhhwww"; il Barso con le sue mille trovate; Lorenzo ed i suoi messaggi fuori contesto; Eleonora che trova sempre un sorriso per tutti; Laura e la sua intraprendenza; Marco con le sue storie strampalate; Guia con la sua empatia e la sua determinazione; Anna con le sue incredibili architetture, la sua millimetrica precisione e la sua stupefacente efficienza; Giulia G con il suo entusiasmo illimitato che trasforma ogni cosa che accade in un evento grandioso; e ancora l'UmileRe, Azzurra, Giada, Chiara Platypus, Nanou, Arja, Diletta, il Giorgi, il Paradossi, Maria, Elisabetta, Ermanno, Jessica, Vittorio, Tommaso, Anna Solinas, Federica Cecchi, Giulia Dianda, Federica Bove, Marta Lera e non dimentichiamoci del fondamentale contributo di Igli. Ma anche tutti gli altri coi quali sono salito su palchi diversi: Ade, Diego, Jacopo, Matteo, il Pesciaccio, Veronica, Luca e tutti i Pezzenti, ed anche Giovanni, Tiziana, Filippo, Massi, Maria, Roberto, Valeria e tutti i Cattivi Compagni, e poi Angelo, Marika, Paolo, Giovanni, Erika e tutte le altre infinite persone con cui ho potuto condividere la joya del palcoscenico (incluso Angelo Biondi, che per primo mi ha trasmesso questa grande passione, tutte le persone che lavorano a Fuoricentro e tutti gli allievi).

Se da una parte c'è il teatro, dall'altra c'è il nerdismo, e non lo si può trascurare solo per fare biicamente la parte del tipo sociale e mondano. I miei super-compagni di mille avventure disegnate sulle dieci facce di un dado o su un rettangolo di cartoncino plastificato meritano un posto d'onore in questi ringraziamenti: Fabio e Steve, i compagni del più ambizioso, grandioso ed infinito progetto GDRistico che il mondo abbia mai avuto modo di vedere (special thanks a Stefano anche per aver realizzato un paio di immagini per questa tesi, dal momento che detiene la sapienza auocaddistica); Riccardo, meglio noto come il capitano Fava, il basso bassista, il migliore oscuro signore che il mondo possa desiderare ed anche uno dei migliori amici che si possano avere; il Girle che riesce a conciliare solidarietà ed omoni che si picchiano per finta; Nicola, Matteo, Daniele, Luigi e tutti coloro che, almeno con la fantasia, hanno imputano una spada e si sono gettati urlando alla mattanza orchesca.

Non posso certo dimenticare tutti gli altri amici sparsi sù e giù per l'Italia. Il mio primo pensiero va a tutti quelli che hanno popolato le mie estati più belle, i miei amici di Casoli, quel ridente, piccolo, fresco ritaglio di nirvana incastrato fra l'Abetone e la Lima. Un grazie particolare, con tutto il mio cuore, a due persone che quì ho incontrato, e che hanno influenzato la mia vita più di quanto loro stessi, probabilmente, possano immaginare: grazie Alessandro, grazie Silvia. Ma anche grazie a Giuliano, ad Angelo, a Claudia, a Dario, a

Tilvy, a Chiara, a Matteo, a Sasha, a Camilla e Bodril... ehm, Grace, a Emy, ad Ambra, all'altra Chiara, a Irene, a Virginia, ad Andrea, a Elisa, a Mario, a Sara, alle canadesi (non le tende), a Marina e Franco (che ci guarda da lassù), a Tony e Marilù, a Vobevo ed a tutti gli altri. E spostandosi dalla Toscana verso il veneto, un grazie speciale a Wiwo, che avrà sempre un posticino speciale nel mio cuore tutto per sé, ma anche a Dom, a Ilaria, a Veronica, a Michael, a Francesca.

Ci avviciniamo alla fine, restano ancora poche persone da inserire in questo elenco. È il momento, più che doveroso, di ringraziare la mamma ed il babbo (non il papà, perché, come noto, i papi stanno a Roma, e da ultimo c'è un papi anche in parlamento). Spero non ci sia bisogno di spiegare perché i miei splendidi genitori siano uno pilastri della mia vita. Così come spero non ci sia bisogno di giustificare i ringraziamenti a mia nonna, ai miei zii, ai miei cugini e procugini ed a tutto il resto della banda.

E per concludere, secondo quella logica largamente diffusa per cui si lascia in fondo la parte più importante, non posso che ringraziare quella bimba dalle gotine rosse che mi ha tenuto per mano durante gli ultimi due anni, con cani tipici, orsetti svizzeri ed orsi grizzly, letteratura fantasy, facce buffe e qualcosa d'altro, che non ha eguali in tutto quello che conosco.