UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

FACOLTÀ DI SCIENZE E TECNOLOGIE

Tesi di Laurea Triennale in Fisica

Sviluppo di un Algoritmo di Allineamento per i detector dell'esperimento FOOT

Relatore: Prof. **Franco Ersilio Camera**
Correlatore: Dr. **Yunsheng Dong**

Tesi di Laurea di
Gabriele Colombo
Matricola: **991069**

Anno Accademico 2023-2024

Indice

Introduzione **v**

1 Fondamenti di Fisica e Biologia **1**
1.1 Interazione delle particelle cariche con la materia 1
1.2 Effetti Biologici della radiazione Ionizzante 8
1.3 Radioterapia 12
1.4 Radioprotezione Spaziale 15

2 L'esperimento FOOT **19**
2.1 Scopo dell'esperimento e metodi di misura 19
2.2 Setup sperimentale 20
2.3 Misure e Performance 26
2.4 Simulazione degli Eventi 30
2.5 Software di Analisi 31

3 Allineamento **37**
3.1 Algoritmi 37
3.2 Codice di allineamento e analisi 41

4 Analisi dei risultati **47**
4.1 Studi Preliminari 49
4.2 Analisi dell'allineamento preliminare 51
4.3 Analisi dell'allineamento Fine 55
4.4 Rotazioni dei layer 68
4.5 Studi futuri 71

Conclusioni **73**

Introduzione

L'adroterapia ricopre al momento un ruolo significativo nel trattamento di tumori solidi. La prima implementazione clinica di fasci di protoni accelerati risale al 1954, mentre gli ioni di carbonio sono stati adoperati dal 1977; da allora, l'adroterapia è stata impiegata in più di 200000 casi [42]. Il principale vantaggio di tali pratiche rispetto alle tecniche convenzionali di radioterapia, consiste nella miglior conformazione della dose e nella maggior efficacia biologica degli ioni di carbonio.

Nell'attuale pratica clinica, vengono usati programmi, detti *'Treatment Planning Systems (TPS)'* per definire il piano di trattamento specifico per ogni paziente. Questi impiegano codici Monte Carlo (MC) per simulare l'interazione della radiazione ionizzante coi tessuti. I codici descrivono l'interazione con modelli fenomenologici e necessitano di accurate misure sperimentali per simulare correttamente, con incertezze tollerabili, l'interazione di particelle cariche con la materia.

Attualmente, una fonte di incertezza per i TPS è costituita dai processi di frammentazione nucleare del proiettile e del target nel range di energie 200-500 MeV/u. Infatti, in questo range di energie sono al momento disponibili solo misure di sezioni d'urto totali, mentre sono state prese misure di sezioni d'urto differenziali solo per fasci di ^{12}C a 95 MeV/u. Alcuni studi [50, 19] hanno mostrato che accurate misure delle sezioni d'urto differenziali dei processi di frammentazione nucleare a queste energie possono migliorare gli attuali TPS.

In questo contesto, l'esperimento FOOT (*'FragmentatiOn Of Target'*) ha come obiettivo quello di integrare gli attuali database di misure sperimentali di riferimento per tali codici e fornire misure di sezioni d'urto doppio differenziali in energia ed angolo dei processi di frammentazione nucleare utili a migliorarne l'accuratezza. Inoltre, l'esperimento vuole esplorare la possibilità di impiegare nuove particelle nella pratica terapeutica, quali ioni di ossigeno e particelle α. A tali fini, l'esperimento utilizza fasci di ^{1}H, ^{2}He, ^{12}C e ^{16}O incidenti su target di PMMA ($C_5O_2H_8$), grafite (C) e polietilene (CH_2) alle energie di interesse per l'adroterapia. I codici di simulazione MC sono inoltre utilizzati per predire i rischi a cui si sottopone l'equipaggio e la strumentazione elettronica delle missioni spaziali e per progettare opportuni materiali di schermatura dalla radiazione cosmica. Nel programma di misure di FOOT si è quindi incluso lo studio dell'interazione di primari di energia iniziale pari a 800 MeV/u.

Nell'ambito dell'esperimento FOOT, è stato assemblato uno spettrometro magnetico atto a studiare i frammenti con numero atomico nel range $3 \leq Z \leq 8$, che a queste energie sono emessi entro un cono con un'apertura di 10°.

Nella presente tesi, viene presentato un possibile metodo per valutare i parametri di allineamento dei detector dello spettrometro magnetico dell'esperimento FOOT che partecipano alla ricostruzione delle tracce. A tale scopo, si è sviluppato un metodo di allineamento articolato in due fasi. Un primo step preliminare fornisce una valutazione delle posizioni di ogni detector usando soltanto le informazioni specifiche dei detector stessi (e.g. per il VT si usa il profilo del fascio misurato), per permettere la ricostruzione delle tracce delle particelle lungo tutto l'apparato di FOOT, utilizzando il codice di ricostruzione tracce già sviluppato nell'ambito della collaborazione dell'esperimento. Un algoritmo iterativo di allineamento fine corregge poi i parametri di geometria per migliorare progressivamente la qualità delle tracce ricostruite. Si sono inoltre testate le performance dell'algoritmo di tracciamento per diverse traslazioni nella geometria dei sensori. Questo studio è stato condotto facendo uso di simulazioni MC eseguite con il codice FLUKA in cui un fascio di carbonio ^{12}C a 200 MeV/u incide su un target di grafite spesso 5 mm.

Nel capitolo 1 vengono presentate fenomenologicamente le interazioni di ioni carichi con la materia e i fondamenti dell'adroterapia e della radioprotezione spaziale. Nel capitolo 2 sono illustrati gli obiettivi dell'esperimento FOOT, la configurazione dello spettrometro magnetico utilizzata e le principali funzioni del codice di ricostruzione delle tracce di FOOT e del codice di simulazione MC FLUKA. Nel capitolo 3, viene presentato il formalismo matematico sottostante all'algoritmo di allineamento fine e i dettagli della sua implementazione. Viene inoltre descritto il metodo di allineamento preliminare. Infine, nel capitolo 4, vengono illustrate le prestazioni del codice sviluppato. In particolare, sono stati valutati gli obiettivi di allineamento da ottenere affinché il tracciamento globale di FOOT possa ricostruire le tracce con le prestazioni ottimali. Si sono quindi studiati i limiti dell'allineamento fine implementato.

Capitolo 1

Fondamenti di Fisica e Biologia

Nell'ambito della fisica medica, la radioterapia ha lo scopo di controllare tumori danneggiando il DNA delle cellule tumorali utilizzando una qualche radiazione ionizzante. Le tecniche più convenzionali impiegano raggi-X, mentre l'adroterapia adopera ioni leggeri, prevalentemente protoni e ^{12}C. L'uso di particelle offre diversi vantaggi clinici rispetto ai trattamenti convenzionali, con un incremento dell'efficacia biologica della radiazione, e un maggior controllo sul volume di somministrazione della dose. Gli attuali piani di trattamento si basano su codici Monte Carlo, che necessitano di ulteriori misure di sezioni d'urto delle reazioni nucleari anelastiche rilevanti, al fine di aumentare l'efficacia del trattamento e ridurne i rischi.

Analogamente, nell'ambito della radioprotezione spaziale, una più dettagliata conoscenza dei processi di frammentazione potrebbe permettere una migliore stima e controllo dei rischi per gli equipaggi di future missioni spaziali.

Nella sezione 1.1 è presentata l'interazione di un fascio di ioni carichi con la materia, seguita dalle sue principali conseguenze biologiche nella sez. 1.2. Lo stato attuale dell'arte della radioterapia è esposto nella sez. 1.3, e gli elementi chiave della radioprotezione sono riportati nella sez. 1.4.

1.1 Interazione delle particelle cariche con la materia

L'interazione di particelle cariche con la materia alle energie tipiche dell'adroterapia (60-450 MeV/u) e della radioprotezione spaziale ($\geq$100 MeV/u) è principalmente di natura elettromagnetica. Lo scattering anelastico con gli elettroni del materiale, che porta alla loro eccitazione o alla ionizzazione degli atomi, costituisce il principale meccanismo di dissipazione energetica. Invece, lo scattering di Coulomb con i nuclei è la principale causa della deflessione delle particelle e dell'allargamento del fascio incidente. Le interazioni elettromagnetiche di carattere radiativo, quali l'emissione della radiazione di Cherenkov e il fenomeno del bremsstrahlung, sono rilevanti ad energie maggiori di quelle dell'adroterapia. Le reazioni nucleari, elastiche e anelastiche, mediate dalla forza forte e debole, possono risultare nella frammentazione del target e/o del proiettile. Indicativamente, la sezione d'urto di un'interazione è proporzionale all'area del bersaglio; dunque, le interazioni delle particelle incidenti con gli elettroni degli atomi dominano su quelle coi nuclei. Qualitativamente, si ha:

$$\frac{\sigma_{nucleo}}{\sigma_{atomo}} \propto \frac{r^2_{nucleo}}{r^2_{atomo}} \sim \left(\frac{10^{-14}m}{10^{-10}}\right)^2 = 10^{-8} \tag{1.1}$$

Nel seguito, sono sinteticamente presentati i modelli rilevanti a comprendere le interazioni di un fascio di particelle con un materiale nelle condizioni tipiche dell'adroterapia e della radioprotezione spaziale.

1.1.1 Bethe-Bloch

La dissipazione di energia per urti anelastici con gli elettroni di un materiale è, per sua natura, un processo stocastico. Tuttavia, la frequenza di queste interazione permette di considerarlo come un processo

continuo per campioni sufficientemente spessi. Si può dunque introdurre lo *"stopping power"*, definito come l'energia dissipata per unità di lunghezza $S = -dE/dx$. L'approccio quantomeccanico risulta nella formula di Bethe-Bloch per il valor medio di S [35]:

$$\langle S \rangle = \left\langle -\frac{dE}{dx} \right\rangle = 2\pi N_a r_e^2 m_e c^2 \rho \frac{Z}{A} \frac{z^2}{\beta^2} \left[\ln\left(\frac{2m_e \gamma^2 v^2 W_{\max}}{I^2} \right) - 2\beta^2 - \delta - 2\frac{C}{Z} \right] \tag{1.2}$$

con:

- r_e il raggio classico dell'elettrone
- m_e la massa dell'elettrone
- I il potenziale di eccitazione medio
- $Z,\ A$ il numero atomico e il numero di massa del materiale assorbente
- ρ la densità del materiale assorbente
- z la carica della particella incidente in unità di carica elementari e
- v la velocità della particella incidente
- δ la correzione di densità rilevante ad alte energie, tiene conto della polarizzazione del materiale ad opera della radiazione incidente
- C la correzione di shell, rilevante a basse energie
- $W_{\max}$ è la massima energia trasferibile in un urto, data da:

$$W_{\max} = \frac{2m_e c^2 \eta^2}{1 + 2s\sqrt{1+\eta^2} + s^2} \tag{1.3}$$

  con $s = m_e/M$, M la massa della particella incidente e $\eta = \beta\gamma$.

Talvolta, risulta conveniente normalizzare lo stopping power per la densità del materiale ρ, ottenendo il *'mass stopping power'*: $\frac{dE}{dx}\frac{1}{\rho}$.

La formula è valida nel range $0.1 < \beta\gamma < 1000$, che comprende quello di interesse dell'adroterapia ($0.34 \leq \beta \leq 0.74$). Ad energie minori, la velocità delle particelle del fascio diventa comparabile con quella degli elettroni del materiale, e cadono le assunzioni del modello di Bethe-Bloch. Fino a ~ 100 KeV/u, la dissipazione energetica è descritta dal modello Anderson-Ziegler [57], e realizza un massimo chiamato " *picco di Bragg*" alla velocità

$$v_p = z^{2/3} v_0 \tag{1.4}$$

dove $v_0 = \frac{e^2}{\hbar}$ è la velocità di Bohr. Per atomi di ^{12}C, il massimo è realizzato a ~ 350 KeV/u [15]. Per energie ≤ 100 KeV, S è descritto dalla teoria di Lindhard-Scharff, e diventa rilevante il contributo dello scattering elastico coi nuclei. Questo "*stopping power nucleare*" ha un effetto trascurabile in adroterapia, in quanto coinvolge solo gli ultimi micrometri del percorso delle particelle [15].

Ad energie maggiori, diventano rilevanti effetti radiativi [25]. La figura 1.1 illustra la dipendenza dello stopping power di un protone in acqua in funzione della propria energia cinetica; atomi diversi mostrano un andamento qualitativamente analogo. La dipendenza $S \propto 1/\beta^2$ determina l'andamento monotono decrescente di S nell'energia cinetica fino a un minimo ($\beta \sim 0.96$) che dipende dalla carica dei proiettili, a questa energia, la radiazione è detta *"minimamente ionizzante"*. Lo stopping power torna poi a salire per la dipendenza logaritmica dalla velocità, smorzata dalla correzione di densità.

Risultato di maggior interesse dell'eq. 1.2 ai fini dell'adroterapia è la previsione del *'Picco di Bragg'* (fig. 1.2) per ioni leggeri ($1 \leq Z \leq 8$) incidenti su un materiale con energie iniziali nel range $200 - 450$ MeV/u. I dati sperimentali sono in buon accordo col modello, e mostrano che le particelle rilasciano la maggior parte della propria energia subito prima di fermarsi.

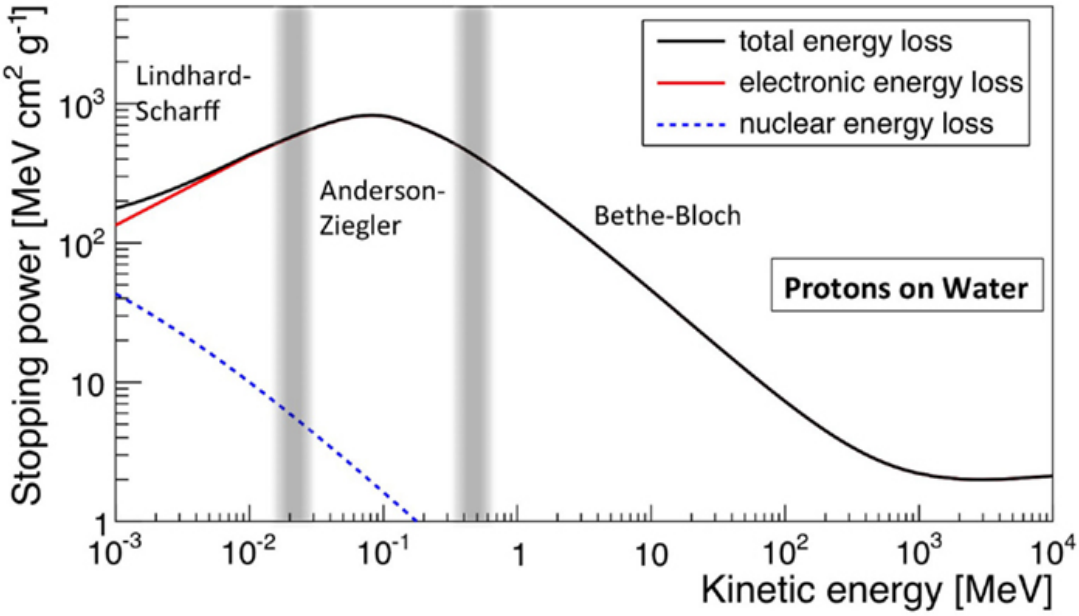


Figura 1.1: Dipendenza dello stopping power S (eq. 1.2) dall'energia di un protone in acqua. [33]

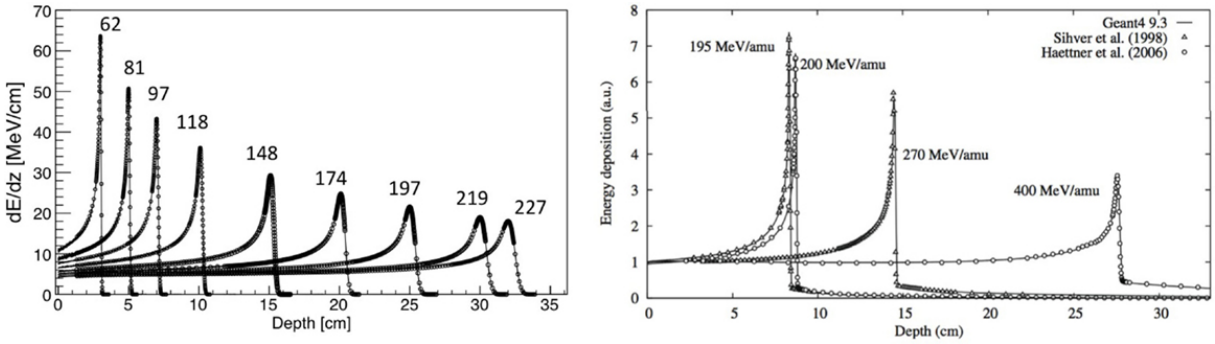


Figura 1.2: I grafici mostrano caratteristici picchi di Bragg per la perdita di energia di ioni in acqua in funzione della profondità. Le linee continue riportano i valori ottenuti da simulazioni Monte Carlo, mentre i punti indicano valori sperimentali. Vicino ad ogni curva, è riportata l'energia delle particelle del fascio in MeV/u. Il grafico di sinistra fa riferimento a protoni in acqua, quello di destra, a ^{12}C in acqua. [33]

1.1.2 Range

Si definisce *'range'* di una particella la distanza che questa percorre in un mezzo prima di fermarsi. Questa quantità è ben definita per ioni carichi, che percorrono una distanza finita in un materiale, mentre non lo è per la radiazione elettromagnetica, che subisce un'attenuazione esponenziale. Considerando, per semplicità, un percorso rettilineo, e continua la perdita di energia (*'Continuous-Slowing-Down-Approximation (CSDA)'*), il range medio R_{CSDA} delle particelle può essere espresso in funzione della loro energia iniziale:

$$R_{CSDA}(E_0) = \int_0^R dx = \int_{E_0}^0 \left(\frac{dE}{dx}\right)^{-1} dE \tag{1.5}$$

L'integrazione della formula di Bethe-Bloch (eq. 1.2) non è semplice; inoltre, sebbene il potenziale medio di Ionizzazione I sia ben definito, non è in generale possibile calcolarlo accuratamente da principi primi, ed è estrapolato da misure del range stesso. I valori di I così ricavati differiscono tra loro dell' $1\% - 2\%$, e portano ad incertezze nell'ordine dei mm per i valori del range, problematici in ambito terapeutico. Si fa dunque comunemente uso di frequenti misure per mezzo di un dosimetro in acqua per stime più accurate, e specifiche per l'apparecchiatura utilizzata. La formula eq. 1.5 si presta tuttavia a diverse semplificazioni. Una di queste è la formula di Bragg-Kleeman [9]:

$$R(E_0) = \alpha E_0^p \tag{1.6}$$

dove α e p sono parametri specifici dello ione e della sua energia iniziale. Differenziando l'energia $E(\beta) = m\gamma(\beta)c^2$ per β nell'equazione 1.5 come $dE = \frac{dE}{d\beta}d\beta = mg(\beta)d\beta$, ed esperimento l'integranda come $\left(\frac{dE}{dx}\right)^{-1} = \frac{1}{z^2}h(\beta)$, si può riscrivere il range medio come

$$R(\beta) = \frac{m}{z^2}f(\beta) \tag{1.7}$$

dove m e z sono rispettivamente la massa e il numero atomico dello ione, ed $f(\beta)$, $g(\beta)$, $h(\beta)$ sono funzioni che dipendono solo dalla velocità iniziale e dai parametri del materiale. L'equazione mostra che, tenendo fissa la velocità iniziale, il range scala linearmente con la massa del proiettile, mentre è inversamente proporzionale al quadrato della sua carica.

1.1.3 Dispersione del Range e dell'Energia

Particelle identiche di un raggio monoenergetico, che attraversano uno spessore finito di materiale, presentano una dispersione in energia e range per via della natura stocastica delle proprie interazioni con gli elettroni del mezzo. Questi fenomeni sono chiamati rispettivamente *'Energy'* e *'Range Straggling'*. La distribuzione di energia dissipata è caratterizzata dal parametro

$$\kappa = \frac{\bar{\Delta}}{W_{\max}} \tag{1.8}$$

dove $\bar{\Delta}$ è l'energia media dissipata nel mezzo, ottenuta integrando il modulo dell'equazione 1.2, e W_{max} è la massima energia che può essere persa in un urto, espressa in eq. 1.3. Per materiali sottili ($\kappa < 10$) dove avvengono poche collisioni, la distribuzione risulta asimmetrica con una lunga coda a destra dovuta alla possibilità di grandi perdite di energia *one shot* per l'emissione di raggi δ. Per $\kappa < 0.01$ viene usata la formula di Landau, a regimi intermedi ($0.01 < \kappa < 10$) si ha la distribuzione di Vavilov [35]. Per spessori elevati ($\kappa > 10$), la distribuzione ben approssima una distribuzione normale, in accodo col teorema del limite centrale. In questo caso, la gaussiana ha una varianza pari a:

$$\sigma_E = 4\pi Z_{eff} Z e^4 N_A \Delta x \left(\frac{1-\beta^2/2}{1-\beta^2}\right) \tag{1.9}$$

Dall'equazione 1.5 segue la relazione

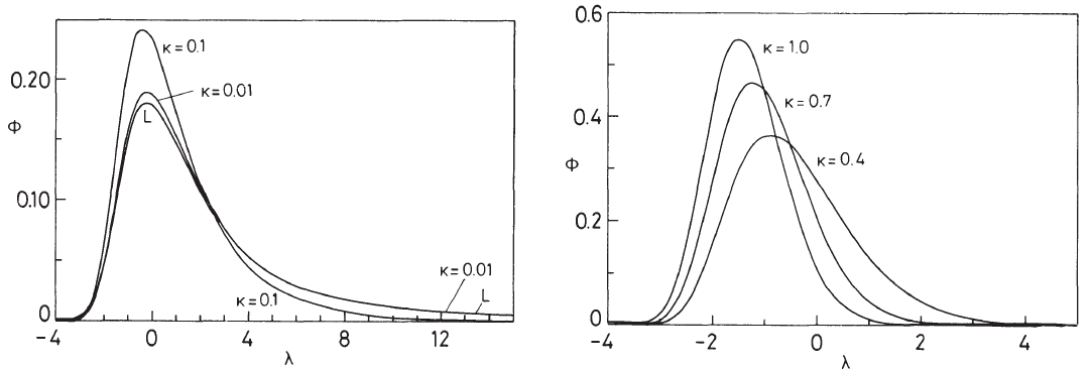


Figura 1.3: Distribuzione di Vavilov al variare del parametro κ (eq. 1.8). Per $\kappa \to 0$, si ottiene la distribuzione di Landau (L). Per grandi valori di κ, la distribuzione approssima una gaussiana. Sull'asse x, λ è proporzionale alla perdita di energia, sull'asse y, Φ è proporzionale alla sua densità di probabilità.[35]

$$\sigma_R^2 = \int_0^{E_0} \left(\frac{d\sigma_E}{dx}\right)\left(\frac{dE}{dx}\right)^{-3} \tag{1.10}$$

Tuttavia, il rapporto

$$\frac{\sigma_R}{R} = \frac{1}{\sqrt{m}} f(\frac{E}{m}) \tag{1.11}$$

risulta quasi costante, quì, m ed E sono rispettivamente la massa e l'energia iniziale delle particelle, ed $f\left(\frac{E}{m}\right)$ varia lentamente, e dipende debolmente dalle caratteristiche del mezzo.

1.1.4 Scattering di Coulomb

Lo scattering di Coulomb delle particelle incidenti con i nuclei del materiale è caratterizzato dalla sezione d'urto di Rutherford [35]:

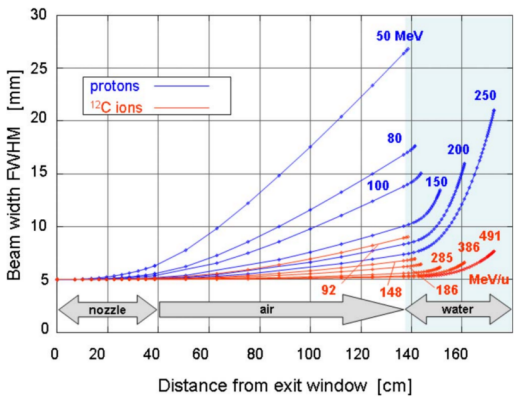
$$\frac{d\sigma}{d\Omega} = z^2 Z^2 r_e^2 \frac{\left(m_e c/\beta p\right)^2}{4\sin^4(\theta/2)} \tag{1.12}$$

- r_e è il raggio classico dell'elettrone
- m_e è la massa dell'elettrone
- z e Z sono, rispettivamente, il numero atomico della particella incidente e di quella bersaglio

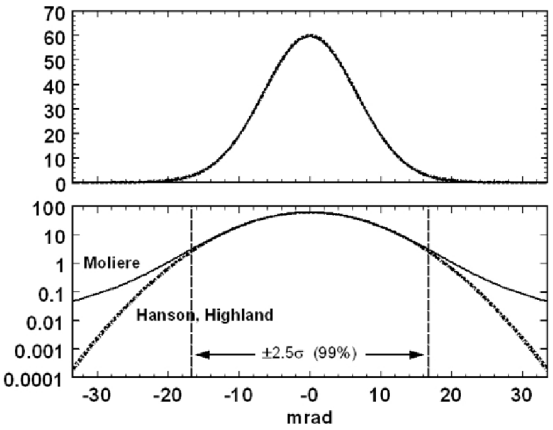
Valida nel caso di un singolo urto elastico, senza effetti di screening della carica del proiettile dovuti alla polarizzazione del mezzo, quando la massa del bersaglio è molto maggiore di quella del proiettile, la cui perdita di energia risulta quindi trascurabile. La dipendenza $\frac{d\sigma}{d\Omega} \propto \frac{1}{\sin^4(\theta/2)}$ fa si che, in un singolo urto, una particella sia deviata con maggior probabilità a piccoli angoli. Se hanno luogo un numero sufficiente di urti indipendenti (>20), si può ottenere la distribuzione di probabilità $F(\theta, x)$ della deflessione totale θ in funzione della distanza percorsa in un mezzo nell'ambito della teoria di Moliére [4]. In prima approssimazione, attraversato un sottile spessore x, la distribuzione risulta gaussiana a piccoli angoli, con deviazione standard data dalla formula di Highland [27]:

$$
\begin{aligned}
F(\theta, x) &= \frac{1}{\pi\sigma_\theta} e^{-\frac{\theta^2}{2\sigma_\theta^2}} \\
\sigma_\theta &= \frac{13.6\text{MeV}}{pv} z \sqrt{\frac{x}{X_0}} \left[1 + 0.0038 \ln\left(\frac{x}{X_0} \right) \right] \\
X_0 &= \frac{A}{4\alpha N_A Z^2 r_e^2 \ln\left(183 Z^{-\frac{1}{3}} \right)}
\end{aligned}
\tag{1.13}
$$

- p, v e z sono, rispettivamente, l'impulso, la velocità e il numero atomico della particella incidente
- α è la costante di struttura fine
- X_0, in g/cm^2, è detta *'radiation lenght'* del materiale, ed è caratterizzato dal suo numero atomico Z e dalla massa nucleare A (in grammi).



(a) Dati presi al centro GSI riguardo allargamento laterale di fasci di protoni e ioni ^{12}C in funzione della distanza percorsa in aria e in acqua a diverse energie [44].



(b) Distribuzione angolare per protoni a 158.6 MeV a 1cm di profondità in acqua. Nel grafico lineare in alto, la distribuzione gaussiana con la varianza data dalla formula di Highland (eq. 1.13). Nel grafico logaritmico in basso, il confronto tra la curva gaussiana, e la distribuzione di Moliére/Fano [24].

Figura 1.4

La formula descrive efficacemente l'allargamento di fasci di particelle ad energie tipiche dell'adroterapia a piccoli angoli. Nella figura 1.4b la distribuzione angolare per protoni in acqua prevista dalla teoria di Moliére risulta analoga alla gaussiana con deviazione standard data dalla formula di Highland a meno di $2.5\,\sigma$; questo intervallo include il 99% dei casi. In figura 1.4a è riportato il progressivo allargamento di fasci di protoni e di ioni ^{12}C in acqua ed in aria a varie energie; si osserva che i secondi sono meno deflessi dei primi a parità di profondità, come previsto dall'equazione 1.13.

1.1.5 Interazioni Nucleari

E' possibile, sebbene con minor probabilità, che particelle incidenti su un materiale diano luogo a interazioni nucleari, elastiche o anelastiche, con i nuclei del target. Le prime portano a un'ulteriore deflessione delle particelle, rilevante a grandi angoli dove domina sullo scattering di Coulomb, con un conseguente allargamento del fascio. Le seconde, possono portare alla frammentazione del target e/o del proiettile, con la produzione di frammenti più leggeri, fotoni, neutroni e protoni. Le interazioni anelastiche sono descritte dalla teoria della cromodinamica quantistica (QCD), che necessita di un approccio perturbativo alle energie dell'adroterapia, e possono essere simulate con diverse tecniche Monte Carlo [15].

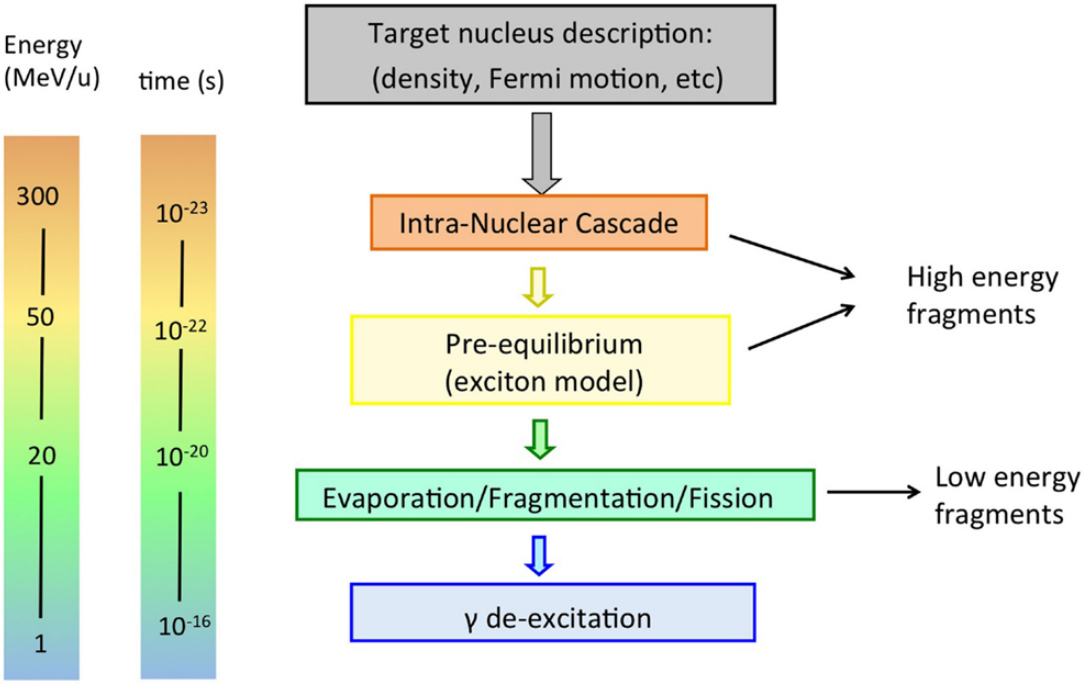


Figura 1.5: Rappresentazione schematica degli step dell'interazione nucleone-nucleo alle energie tipiche dell'adroterapia, con la scala temporale e l'energia del sistema [33].

In generale, gli urti anelastici possono essere descritti col modello *'Abrasion-ablation'*, riassumibile nei seguenti step: l'interazione inizia con una parziale sovrapposizione della particella incidente con quella bersaglio nella zona di reazione (*'abrasion'*, $\sim 10^{-22} - 10^{-23} s$). Si formano dunque un quasi-proiettile eccitato che detiene la maggior parte dell'energia iniziale, un quasi-bersaglio in quiete e diversi frammenti leggeri. Segue la *'slow stage (ablation)'*, in cui vengono evaporati ulteriori frammenti leggeri. Infine, il sistema si diseccita: i prodotti parziali possono emettere frammenti leggeri ($Z \leq 2$) a pochi MeV, scindersi in parti più leggere se l'energia cinetica supera quella di legame (*'Fermi breack-up'*) o emettere raggi gamma; la fissione nucleare non è invece possibile per nuclei leggeri quali quelli impiegati in adroterapia. É rilevante notare che, nel caso in cui il proiettile sia costituito da un solo protone, questo non può frammentare; questa è la tipologia di reazione più semplice, schematizzata in fig. 1.5 [33]. In questo caso, la fase iniziale, dalla durata di $10^{-22} - 10^{-23}$ s può essere modellizzata con l'*'Intra-nuclear cascade (INC)'*: la particella incidente interagisce con i singoli, quasi-liberi nucleoni del bersaglio, trattato come un gas di Fermi, in una serie di interazioni indipendenti a due corpi. Il modello richiede che la lunghezza d'onda di De Broglie del protone incidente sia minore della distanza media tra nucleoni e del suo libero cammino medio; queste ipotesi non sono ovvie alle energie dell'adroterapia, ma sono verificate da peculiari effetti quantistici [33]. Questo processo si ferma quando l'energia scende al di sotto di qualche decina di MeV/u. Il sistema si trova ora in uno stato di pre-equilibrio, descritto dal formalismo *'particle-hole'*. Protoni, neutroni e frammenti leggeri energetici vengono emessi, e l'energia residua è equipartita tra le componenti del nucleo. Durante la successiva *'Slow-stage'*, dalla durata di $\sim 10^{-18}$ s, si ha la diseccitazione del sistema come descritto prima. Per ioni più pesanti, la fenomenologia è generalmente più complicata. L'INC è usata per modellizzare particelle con energia iniziale tra i 100 MeV/u e le centinaia di GeV/u. Il modello *'Quantum Molecular Dynamics (QMD)'* [2] copre il range 50-400 MeV/u,mentre il modello *'Boltzmann-Master-Equation (BME)'* [11] è usato per energie inferiori a 0.1 GeV/u. I modelli implementati nel software MC FLUKA sono brevemente presentati nel paragrafo 2.4.1.

1.2 Effetti Biologici della radiazione Ionizzante

Il DNA è svolge un ruolo essenziale alla sopravvivenza della cellula, ed è presente, a differenza delle altre molecole, solo in due copie, ed è soggetto ad un lento *'turnover'*. La variazione della struttura della macromolecola indotta dalla radiazione ionizzante, se non riparata, può risultare nella morte della cellula. L'interazione di particelle cariche con la materia porta all'eccitazione di elettroni e alla ionizzazione di atomi all'interno delle molecole; ciò risulta nella rottura di legami chimici, e nella formazione di sistemi instabili e altamente reattivi, come i radicali liberi [30]. Di particolare rilevanza sono i danni al DNA nel nucleo delle cellule [53], che possono portare, in diversi modi, alla morte di queste, definita normalmente come la perdita delle proprie capacità riproduttive. Nell'ambito dell'adroterapia, si sfruttano le lesioni al DNA delle cellule tumorali per eliminarle, mentre la radioprotezione spaziale ha come scopo quello di ridurre tali danni, dovuti alle radiazione nello spazio, per evitare l'insorgere di tumori. Le principali tipologie di danni al DNA, e i parametri di maggiore rilevanza clinica sono presentati brevemente nel seguito.

1.2.1 Danni al DNA

Il DNA è continuamente soggetto a danni endogeni ed esogeni, circa 70000 al giorno per ogni cellula [52], che possono essere riparati da diversi meccanismi [30]. I danni possono essere categorizzati come:

- **Base Damages:** consiste in una modifica chimica di una base azotata di un nucleotide. Circa il 25% delle lesioni spontanee sono di questa natura.
- **Single-Strand Breaks (SSBs):** consistono in un danno locale a un solo filamento della doppia elica. Costituiscono circa il 75% delle lesioni spontanee.
- **Double-Strand Breaks (DSBs):** consistono in un danno locale ad entrambi i filamenti della doppia elica. La loro occorrenza naturale è limitata (circa 25/70000 occorrenze al giorno in una cellula), e difficilmente sono riparati. Si ritiene che costituiscano la principale causa di morte delle cellule cancerogene in radio e adroterapia
- **Clustered Lesions:** consistono in due o più lesioni in siti vicini (10-20 coppie di basi azotate). Si verificano molto raramente naturalmente, ma possono essere indotte fasci di radiazione ionizzante [39].

I danni al DNA possono essere diretti o indiretti. Nel primo caso, la radiazione ionizza direttamente la macromolecola, alterandone la struttura chimica, nel secondo, un'altra molecola viene ionizzata, portando alla formazione di un radicale libero che reagisce col DNA alterandolo.

1.2.2 Dose e LET

Nell'ambito dell'adroterapia e della radioprotezione spaziale, l'energia assorbita è quantificata in termini di *'dose (D)'*, definita come l'energia assorbita dE per unità di massa dm:

$$\begin{aligned} D &:= \frac{dE}{dm} \\ [Gy] &= \frac{[J]}{[kg]} \end{aligned} \tag{1.14}$$

L'unità di misura è il *'Gray (Gy)'*. In un trattamento, la dose totale somministrata è dell'ordine di $60 - 70$ Gy in 6-7 settimane. L'efficacia biologica di particelle diverse a parità di dose non è tuttavia la stessa. I raggi-x, ad esempio, alle energie terapeutiche, interagiscono con la materia per effetto Compton e per effetto fotoelettrico, rilasciando la maggior parte della propria energia in una singola ionizzazione

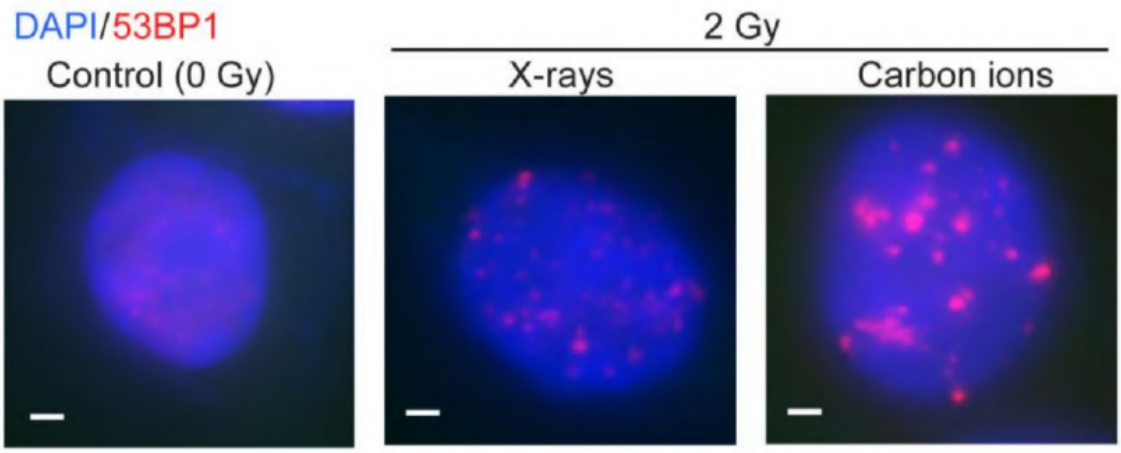


Figura 1.6: Immagini di cellule di un carcinoma in condizioni normali (sinistra), ed irradiata con $2Gy$ di raggi-X (centro) e ioni di carbonio (destra). I nuclei delle cellule sono colorati in blu (DAPI), le lesioni indotte dalla radiazione in rosso (53BP1) [39].

o eccitazione. I danni causati al DNA in questo modo sono più facilmente riparati dalle cellule. Gli ioni pesanti, al contrario, hanno un'elevata densità di ionizzazione, che risulta più facilmente in *'DSBs'* e *'clustered lesions'*. La figura 1.6 mostra le differenze nelle lesioni al DNA di cellule di un carcinoma indotte da una dose di $2Gy$ di raggi-X e di ioni di carbonio.

Per quantificare i danni biologici causati da una radiazione ionizzante vengono comunemente usati diversi parametri. Ad esempio, il *'Linear Energy Transfer (LET_Δ)'* di una particella è definito come la quantità di energia rilasciata dE per unità di lunghezza dx, escludendo l'energia persa in urti con elettroni al di sopra di una soglia arbitraria Δ che depositano la propria energia lontano dalla traccia principale. Tipicamente, è espresso in KeV/μm, ed è definito come:

$$LET_\Delta := \left.\frac{dE}{dx}\right|_\Delta \tag{1.15}$$

Si noti la similitudine dell'eq. 1.15 con la 1.2; se non fosse per la restrizione imposta col parametro Δ, il LET sarebbe uguale all'opposto dello stopping power elettronico. I raggi-γ sono considerati a basso LET, un migliaio di tracce a bassa densità di ionizzazione sono prodotte per una dose di $1Gy$. Particelle pesanti, come i raggi α sono invece considerati ad alto LET, e $1Gy$ corrisponde a solo 4 tracce [30].

1.2.3 Curve di Sopravvivenza ed RBE

Per confrontare l'efficacia biologica di diversi fasci di particelle, sono stati introdotti ulteriori parametri, quali le curve di sopravvivenza, che riportano la frazione di cellule rimaste con capacità riproduttive in funzione della dose somministrata. Le curve sono generalmente parametrizzate col *'Linear Quadratic Model'*:

$$S(D) = e^{-\alpha D - \beta D^2} \tag{1.16}$$

dove S è la frazione di cellule sopravvissute, D la dose rilasciata, α e β parametri fittati sperimentalmente. In figura 1.7 sono riportati alcuni esempi di curve di sopravvivenza per diverse particelle a diversi LET ed energie. Si osserva che particelle con un LET elevato hanno un rapporto α/β elevato, e la curva risulta lineare nel grafico logaritmico. Particelle con LET basso hanno un minor rapporto α/β, e presentano una *'spalla'* a dosi basse. Si osserva inoltre che fasci della stessa particella, ad energie minori, risultano in una minor frazione di cellule superstiti, ciò è spiegato dalla dipendenza $LET_\Delta \sim - < S > \propto \beta^{-2}$; tuttavia, fanno eccezione le le particelle α a 2.5 MeV. Questo fenomeno è chiamato *'overkilling'*, ed è dovuto ad un rilascio eccessivo di energia in una cellula, oltre la dose necessaria per ucciderla; ne

segue una diminuzione del flusso che rilascia una dose minore negli strati successivi. In generale quindi, particelle a LET più elevato causano un maggior numero di lesioni fatali alle cellule (DSBs e clustered lesions), risultando in un minor rate di sopravvivenza di queste. Tuttavia, quando il LET è eccessivo, le lesioni vengono concentrate in un minor numero di cellule che subiscono più danni di quelli necessari ad ucciderle: la dose viene quindi *sprecata*, e un maggior numero di cellule sopravvivono alla radiazione.

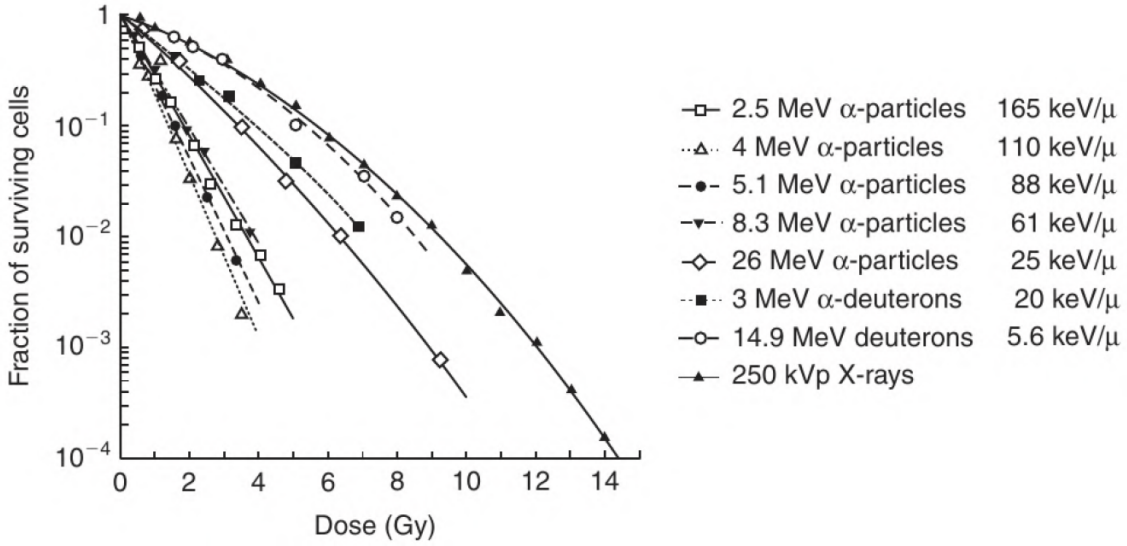
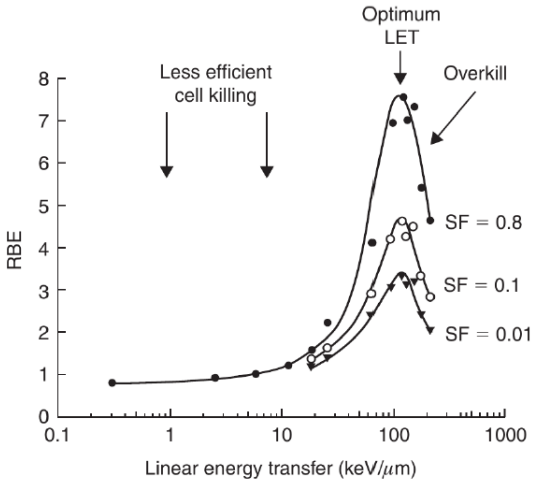
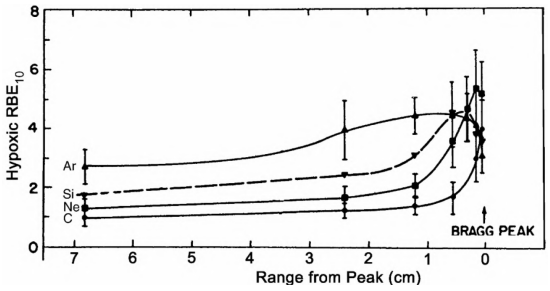


Figura 1.7: Curve di sopravvivenza di diverse particelle a diversi LET ed energie in scala logaritmica [30].



(a) Dipendenza della RBE dal LET della radiazione ionizzante. Le curve sono state calcolate a partire dai dati della fig. 1.7 ad una frazione di cellule sopravvissute di 0.8, 0.1, e 0.01. Si nota il fenomeno dell'overkill per LET elevati [30].



(b) RBE in funzione della distanza dal picco di Bragg in assenza di ossigeno per diversi ioni. Si nota che le RBE realizzano un massimo attorno al picco di Bragg, e che il Carbonio ha il canale d'ingresso con la minor RBE [34].

Figura 1.8

Un parametro più comprensivo degli effetti biologici delle radiazioni ionizzanti è la*Relative Biological Effectiveness (RBE)'*, definita come il rapporto tra una dose di riferimento D_{ref} e la dose della radiazione di interesse D_{test} a parità di cellule superstiti (*'isoeffetto'*):

$$RBE := \left.\frac{D_{ref}}{D_{test}}\right|_{iso} \tag{1.17}$$

Tipicamente, la radiazione di riferimento è costituita da raggi-X a $250kVp$, o dai raggi-γ del ^{60}Co, ed è valutato sfruttando le curve di sopravvivenza imponendo una frazione di cellule superstiti del 10%. Il rapporto dipende da fattori biologici, quali il tessuto bersaglio e il livello di ossigeno, e fisici, quali il tipo di particella incidente e la dose somministrata. La figura 1.8a mostra la dipendenza della RBE dal LET di alcuni fasci di particelle della fig. 1.7. Si osserva che viene realizzato un massimo attorno ai $100KeV/\mu m$, ed il fenomeno dell'*'overkilling'* a LET maggiori. In generale, ioni più pesanti presentano punti di massimo con RBE maggiore e a LET maggiori. Lo scopo dell'adroterapia è quello di causare il maggior numero di lesioni fatali possibile a cellule cancerogene, limitando i danni alle cellule sane presenti nel canale di ingresso del fascio. Questo si traduce in una RBE bassa nel canale di ingresso, con un massimo spiccato nel picco di Bragg. In figura 1.8b si osserva che i diversi ioni raggiungono valori paragonabili di RBE nel picco di Bragg, ma il Carbonio è l'unico, tra gli ioni considerati, ad avere un canale d'ingresso con RBE basso prossimo ad 1. Il grafico mostra inoltre che ioni più pesanti hanno RBE maggiori

1.2.4 Oxigen Enhancement Ratio

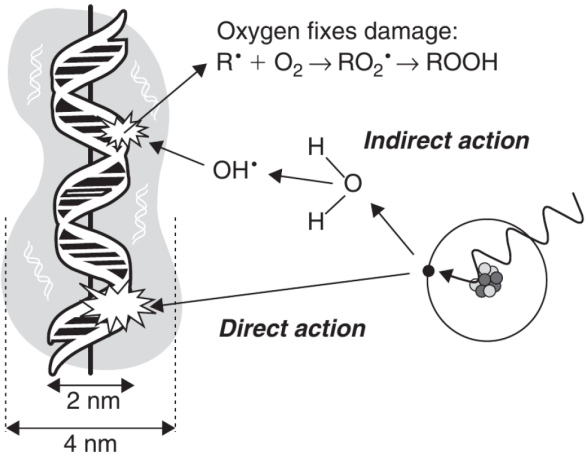


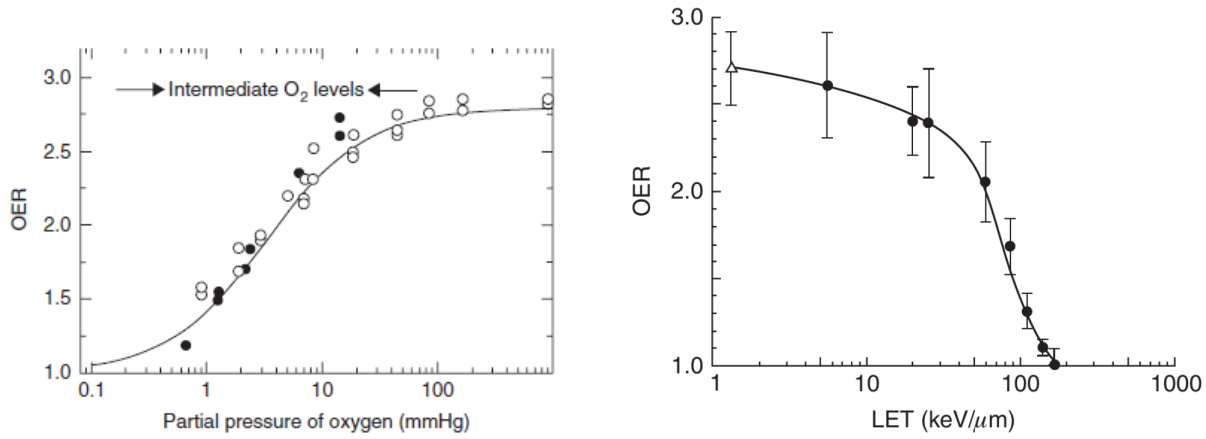
Figura 1.9: Illustrazione schematica dell'*'oxigen fixation hypothesis'*. Un filamento di DNA può essere permanentemente danneggiato direttamente o indirettamente in seguito alla formazione di radicali liberi indotta dalla radiazione ionizzante [30].

La concentrazione di ossigeno gioca poi un particolare ruolo nelle reazioni chimiche successive alla ionizzazione, interpretato secondo l'*'oxigen fixation hypothesis'* (fig. 1.9). Il DNA può essere danneggiato direttamente o indirettamente, a seconda che altri composti siano coinvolti nel processo, dalla radiazione incidente, risultando nella formazione di radicali liberi $R*$. Questi reagiscono facilmente con l'ossigeno, quando presente, portando alla formazione di RO_2*, che si stabilizza acquisendo un atomo di idrogeno, dando $ROOH$. Quando ciò avviene, si produce una modifica strutturale permanente al DNA, difficilmente riparabile.

Si definisce dunque l'*'Oxigen Enhancement Ratio (OER)'* come il rapporto tra dose somministrata in mancanza di ossigeno (*'Hypoxia'*) e quella somministrata in condizioni aerobiche, a parità di effetti biologici (*'isoeffetto'*):

$$OER := \left.\frac{D_{hyp}}{D_{air}}\right|_{iso} \tag{1.18}$$

La presenza di ossigeno influenza in particolare fasci a basso LET, quali i raggi-X e gamma, mentre l'OER è prossimo ad 1 per radiazioni ad alto LET, quali gli ioni utilizzati in ambito terapeutico (fig. 1.10b), che risultano quindi poco influenzati dalla concentrazione di ossigeno. Le DSBs risultano infatti spesso fatali per la cellula anche senza la fissazione dell'ossigeno. Per radiazioni del primo tipo, l'OER risulta



(a) Grafico logaritmico dell'OER in funzione della pressione parziale di O_2 in $mmHg$. I livelli fisiologici sono compresi nell'intervallo $50 - 100mmHg$ [30].

(b) Andamento dell'OER in funzione del LET di fasci monoenergetici di particelle α e di deuterio (cerchi) e di raggi-X a $250kVp$ (triangolo) [30].

Figura 1.10

poi essere una funzione della pressione parziale di ossigeno nel target (fig. 1.10a); è dunque rilevante osservare che i tessuti sani sono per lo più ben ossigenati, mentre le cellule tumorali si trovano in condizioni di ipossia per lo sviluppo ritardato del sistema circolatorio nei tumori. Questo costituisce un notevole svantaggio per le pratiche di radioterapia convenzionale, che fanno uso di radiazione a basso LET come i raggi-X e γ, mentre la RBE degli ioni usati in adroterapia è solo marginalmente incrementata nei tessuti sani dall'OER.

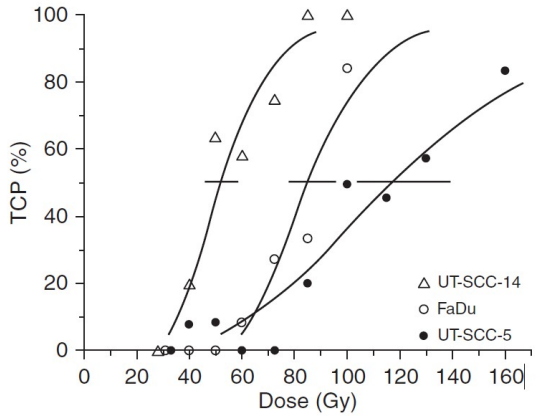
1.3 Radioterapia

La radioterapia è oggi una componente fondamentale per un trattamento oncologico completo, è utilizzata nella maggior parte dei casi in paesi ad alto reddito, spesso in combinazione con altre pratiche come la chirurgia e la chemioterapia. Pertanto, eventuali miglioramenti nella radioterapia avrebbero un impatto significativo sulla cura di milioni di casi di cancro registrati ogni anno. Secondo la World Health Organization [40], nel 2018 sono stati rilevati 18.1 milioni di casi, e se ne prevedono 29.4 milioni per il 2040.

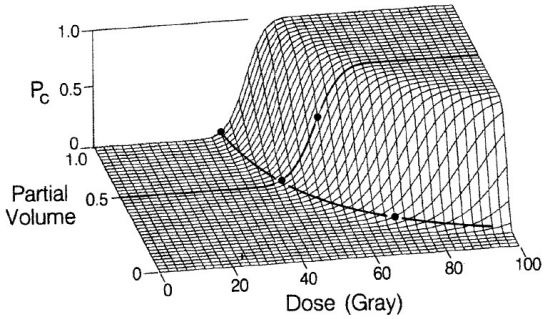
L'obiettivo della radioterapia è quello di somministrare una dose sufficiente al tumore, per limitarne la crescita o ridurne le dimensioni, minimizzando danni ai tessuti sani circostanti. Nella ricerca clinica, l'entità dei danni ai tessuti viene quantificata mediante la *'Tumor Cure Probability (TCP)'* e la *'Normal Tissue Complication Probability (NTCP)'*. La TCP rappresenta la probabilità di controllo del tumore, mentre la NTCP esprime la probabilità di complicazioni dovute al danneggiamento degli organi sani. Degli esempi di curve di questo tipo sono riportati in fig. 1.11.

La radioterapia convenzionale utilizza fasci di raggi-X accelerati tramite acceleratori lineari (*linac*) a energie di qualche MeV. Ogni singolo fascio di fotoni rilascia energia lungo il suo percorso, sia nel tumore bersaglio, che nei tessuti sani che incontra. I fasci vengono quindi diretti da diverse angolazioni e punti d'ingresso, in modo da ridurre i danni ai tessuti sani (1.13a). Una delle tecniche più diffuse è l'*Intensity Modulated Radiation Therapy (IMRT)'*; essa prevede la modulazione dell'intensità dei fasci in piccoli volumi, per avere una migliore copertura della zona tumorale.

L'adroterapia invece fa uso di adroni carichi accelerati da sincrotroni o ciclotroni, in particolare, di protoni e ioni ^{12}C, e la possibilità di adoperare ossigeno ed elio è attualmente oggetto di ricerca [50]. Nel caso del carbonio, questa pratica presenta una maggiore efficacia biologica, quantificata con la RBE (par. 1.2.3). Inoltre, il profilo dose-profondità, caratterizzato dal picco di Bragg (par. 1.1.1), permette di meglio adattare la deposizione della dose al volume specifico del tumore (fig. 1.12a), minimizzando la dose rilasciata nei tessuti circostanti. Visto il ridotto intervallo del picco, è necessario sovrapporre fasci ad

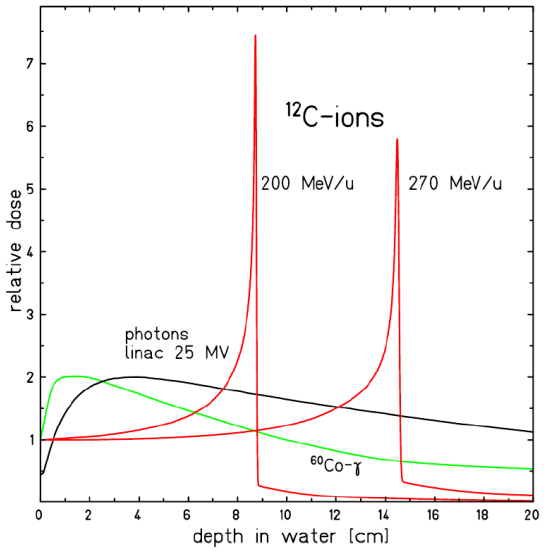


(a) Curve della *'Tumor Cure Probability (TCP)'* in funzione della dose somministrata per tre diversi tipi di cellule carcinogeniche squamose cresciute in esemplari di topo nudo [30].

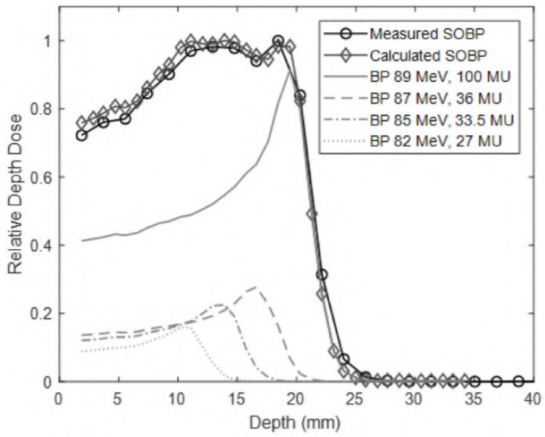


(b) Modello della dipendenza della NTCP (quì indicata con 'P_c') dalla dose somministrata e dal volume parziale coinvolto per complicazioni al cuore [36].

Figura 1.11



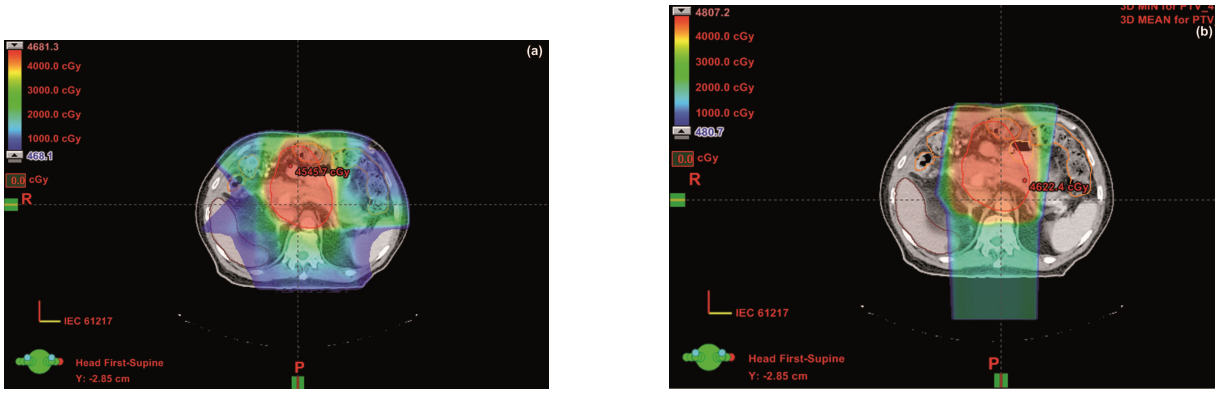
(a) Paragone tra le curve dose-profondità di fotoni ($^{60}Co - \gamma$ e $25MV$ raggi-X) e ioni ^{12}C a diverse energie [44].



(b) Profilo dose-profondità ottenuto sovrapponendo diversi fasci di protoni ad energie diverse in acqua (SOBP) [32].

Figura 1.12

energie diverse per coprire l'intervallo d'interesse, ottenendo un profilo dose-profondità chiamato *'Spread Out Bragg Peak (SOBP)'* (fig. 1.12b). Un esempio di una tipica distribuzione di dose ottenibile con ioni carichi è riportata in fig. 1.13b.



(a) (b)

Figura 1.13: Confronto tra tipiche distribuzioni di dose ottenibili con fotoni (a) e ioni carichi accelerati (b). [14]

Sono stati inoltre sviluppati programmi, noti come *Treatment Planning System (TPS)'*, per simulare la distribuzione della dose somministrata in uno spazio tridimensionale, tenendo conto dell'interazione della radiazione con la specifica anatomia del paziente. Questi programmi si basano su codici Monte Carlo per simulare l'interazione della radiazione ionizzante con i tessuti. Gli effetti delle collisioni anelastiche costituiscono al momento una delle attività di ricerca nell'ambito della adroterapia. Vari studi indicano che è necessaria una migliore comprensione dei processi di frammentazione delle particelle target e proiettile per poter migliorare i TPS attualmente utilizzati nella pratica clinica ed eventualmente sfruttare nuovi ioni per trattare i tumori [50]. L'esperimento FOOT ha l'obiettivo di prendere misure di sezioni d'urto di processi di frammentazione nucleare al momento carenti, al fine di migliorare gli attuali codici di simulazione Monte Carlo.

1.3.1 Effetti delle frammentazioni in adroterapia

Le interazioni nucleari caratteristiche dell'adroterapia hanno effetti rilevanti sul profilo della dose di energia depositata nei tessuti, e sull'allargamento dei fasci di ioni.

Un primo effetti significativo è dato dalla riduzione di primari che raggiungono il picco di Bragg. La il numero di primari sopravvissuti N decade esponenzialmente nel materiale secondo la relazione [26]:

$$N(x) = N_0 e^{-\frac{x}{\lambda}} \tag{1.19}$$

Dove x è lo spessore attraversato del fascio, N_0 è il numero di primari incidenti, e λ è un parametro che rappresenta una lunghezza caratteristica di decadimento. Per ioni di ^{12}C nel range $200 - 400$ MeV in acqua, ad esempio, $\lambda = 259(5)$ mm, e si hanno dunque frazioni di primari che raggiungono il picco di bragg dello 0.7 e 0.3 per fasci di 200 e 400 Mev rispettivamente [26].

La frammentazione del target risulta in particelle a basse velocità e con un elevato LET, tra cui protoni e neutroni evaporati, e frammenti più pesanti del target; questi viaggiano per alcuni μm, rilasciando tutta la propria energia vicino al punto dell'interazione; questo porta ad un significativo aumento della dose somministrata nel canale d'ingresso.

La frammentazione del proiettile genera invece un numero significativo di particelle secondarie con velocità comparabili a quella del primario. Come riportato nel paragrafo 1.1.1, il range è proporzionale a $\frac{m}{z^2}$, questi frammenti viaggiano più a lungo dei primari, depositando energia oltre al picco di Bragg. La maggior parte dei frammenti è emessa a piccoli angoli rispetto alla direzione iniziale del proiettile, ma

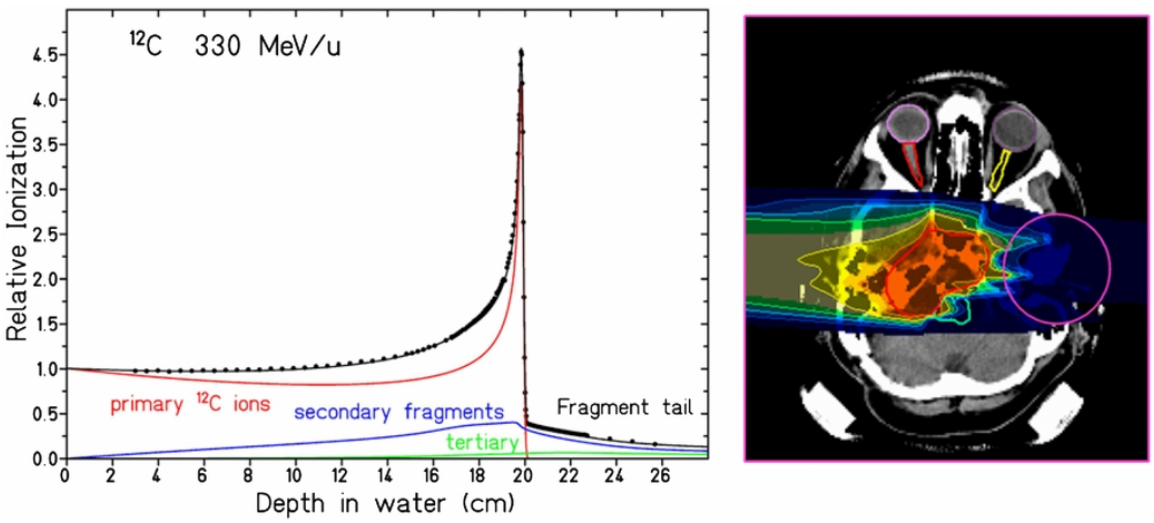


Figura 1.14: A sinistra, la curva dose-profondità di primari, secondari e terziari di un fascio di ^{12}C a 330 MeV/u in acqua. A destra, un esempio di un tipico piano terapeutico con ioni di carbonio alla base del cranio. Si nota la dose rilasciata oltre il target dovuta ai frammenti leggeri risultanti dalle interazioni anelastiche [26].

le particelle più leggere, quali protoni ed elio, possono essere emesse fino a $90°$, depositando la propria energia a grandi angoli.

I processi di frammentazione impediscono l'utilizzo di ioni pesanti in adroterapia. Nonostante il picco di Bragg si restringa all'aumentare della carica, l'elevato numero di frammenti prodotti rilascia, nel canale d'ingresso, una dose di energia paragonabile a quella depositata nel picco di Bragg. Inoltre, anche la produzione di frammenti leggeri aumenta all'aumentare della carica nucleare, risultando in una maggiore dose di energia rilasciata oltre al picco di Bragg dei primari. Per questi motivi, ioni più pesanti di ^{16}O sono considerati inadatti a fini terapeutici. Ulteriori misure di sezioni d'urto dei processi di frammentazione del target e del proiettile, quali quelle eseguite dall'esperimento FOOT, potrebbero migliorare l'accuratezza delle previsioni sulla dose rilasciata dai frammenti sia nel canale d'ingresso, che nella coda oltre il picco di Bragg.

1.4 Radioprotezione Spaziale

La radioprotezione è un aspetto cruciale per la salute degli equipaggi delle missioni spaziali, e per il corretto funzionamento dei dispositivi elettronici nello spazio. In assenza del campo magnetico terrestre infatti, l'esposizione a diversi tipi di radiazione aumenta di più di cento volte che sulla superficie terrestre [55].

1.4.1 Fonti di radiazioni

Le fonti principali di radiazione sono la *'Galactic Cosmic Radiation (GCR)'* e i *'Solar Particles Events (SPEs)'*. La radiazione del primo tipo è generata al di fuori del sistema solare, ed incide sulla Terra isotropicamente. Presenta un ampio spettro di energie (fig. 1.15), fino a 10^{20} eV, con un massimo nel range $0.1 - 1$ GeV. La sua componente barionica (98%) è costituita perlopiù da protoni (85%) ed elio (14%), e nuclei più pesanti, chiamati *'HZE'* (*High Z and Energy*) (1%), il restante 2% consiste in elettroni. É importante ricordare che la dose depositata scala col quadrato della carica, e che gli ioni pesanti hanno elevati LET ed efficacia biologica; di conseguenza, la dose rilasciata dalla componente HZE della radiazione risulta significativa, e si stima ammonterebbe al $30-40\%$ del totale in un viaggio su Marte [18].

Generalmente, la radiazione emessa dal sole coi venti solari, perlopiù protoni con energia nell'intervallo 100 eV-3.5 KeV a corto range, viene facilmente schermata e non costituisce un problema per la radioprotezione. Tuttavia, nei propri picchi di attività, il sole può generare intense onde radio e raggi-X

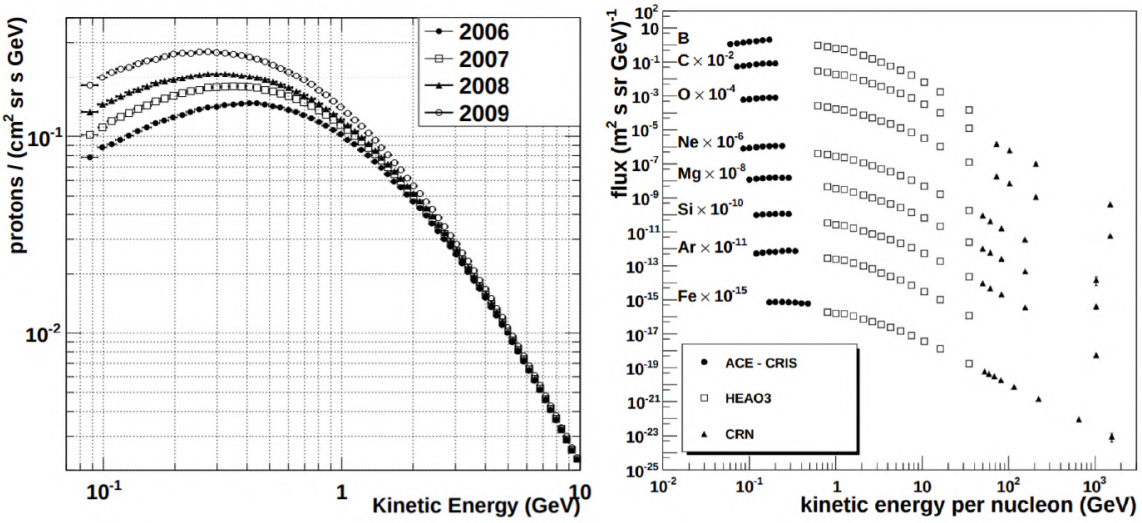


Figura 1.15: A sinistra, spettri di energia dei protoni nei GCR misurati nell'esperimento PAMELA. A destra, spettri di energia degli ioni pesanti nei GCR misurati negli esperimenti CRN, HEAO-3 e ACE-CRIS. Quì, gli spettri sono stati shiftati per evitare sovrapposizioni [7].

che accelerano le particelle, che vengono emesse ad energie di diversi GeV. Questi sono gli SPEs, che si verificano con una cadenza di 5-10 volte l'anno. Presentano grande variabilità nello spettro di energia e possono risultare pericolosi per l'equipaggio di una missione spaziale. In figura 1.16 sono riportati gli spettri integrali di energia per alcuni intensi SPEs.

1.4.2 Schermatura dalle radiazioni

L'energia della radiazione cambia mentre attraversa uno strato di materiale, dissipando energia (par. 1.1.1). Inoltre, le interazioni nucleari anelastiche (par. 1.1.5) ne possono variare la composizione, generando frammenti più leggeri. Sebbene i frammenti prodotti abbiano un range maggiore rispetto alle particelle primarie, possiedono un LET e un RBE inferiori, risultando quindi generalmente meno pericolosi [56]. L'obiettivo della radioprotezione è sfruttare entrambi questi meccanismi per ridurre il danno biologico all'equipaggio durante una missione spaziale, e per proteggere la strumentazione nello spazio.

Dalla formula di Bethe-Bloch (eq. 1.2), si osserva che lo stopping power è proporzionale al rapporto Z/A del target. Di conseguenza, gli elementi leggeri, in particolare l'idrogeno, dissipano una maggiore quantità di energia della radiazione incidente per unità di lunghezza. Inoltre, questi elementi favoriscono un numero maggiore di reazioni nucleari, poiché la sezione d'urto associata è proporzionale ad $A^{2/3}$, mentre il numero di nuclei per unità di massa scala con A^{-1}. Materiali ricchi di protoni, come il polietilene, risultano pertanto ideali per schermare la radiazione incidente.

Le attuali valutazioni dei design di schermatura si basano su codici di trasporto di particelle Monte Carlo, la cui accuratezza dipende fortemente dai dati sperimentali. La principale fonte di incertezza è la mancanza di misure accurate delle sezioni d'urto differenziali in funzione dell'energia e dell'angolo di emissione nelle interazioni nucleari per ioni ad energie prossime agli 800 MeV/u, dove la radiazione cosmica galattica ha il suo picco. Un approfondimento su queste grandezze potrebbe migliorare significativamente la valutazione e il controllo dei rischi associati all'esposizione alla radiazione nello spazio.

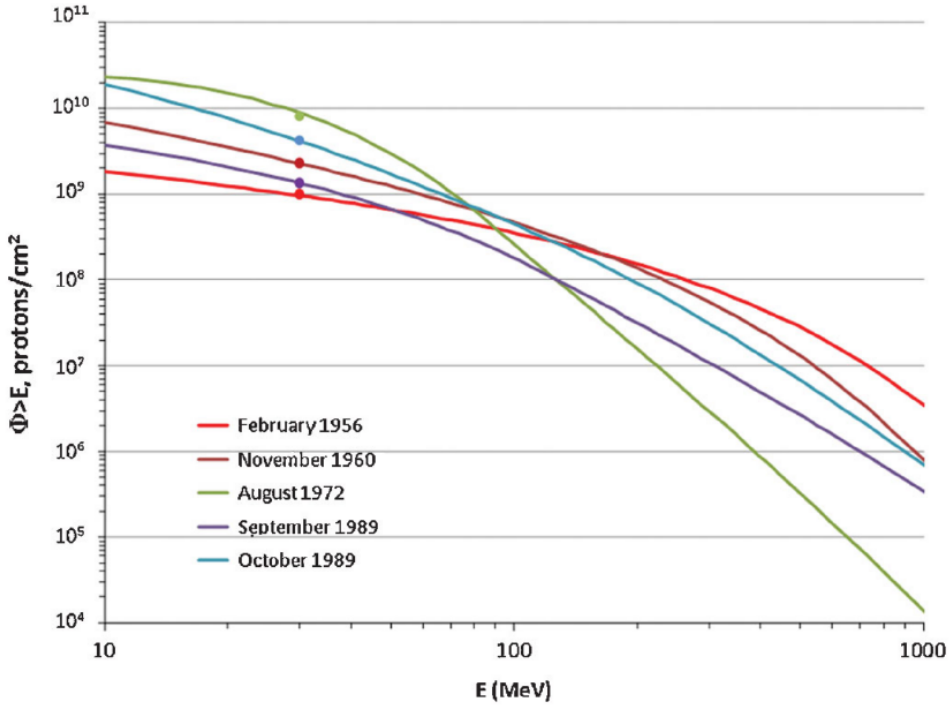


Figura 1.16: Spettri integrali di energia di intensi SPEs in funzione dell'energia delle particelle [17]

CAPITOLO 2

L'ESPERIMENTO FOOT

L'esperimento FOOT (*'FragmentatiOn Of Target'*) ha l'obiettivo di prendere misure di sezioni d'urto differenziali riguardanti reazioni nucleari, risultanti nella frammentazione del target e/o del proiettile, di rilevanza per l'adroterapia e la radioprotezione spaziale. Nello specifico, saranno impiegati fasci di ioni leggeri ($Z \leq 8$) ad energie nel range 200-800 MeV/u, con l'obiettivo di ottenere una risoluzione migliore del 5% per le misure della sezione d'urto differenziale doppia in energia ed angolo $d\sigma/d\Omega dE$ per i processi di frammentazione del proiettile, e migliori del 10% per le misure delle sezioni d'urto differenziali in energia $d\sigma/dE$ dei processi di frammentazione del target.

I fasci di ioni sono forniti da diverse strutture, in particolare dal CNAO (Centro Nazionale di Adroterapia Oncologica, Pavia, Italia), dal GSI (Darmstadt, Germania), ed dal centro HIT (Heidelberg Ion Therapy, Germania). Di conseguenza, l'apparato sperimentale sviluppato deve essere facilmente trasportabile, ed il codice di analisi deve potersi adattare agilmente a diverse configurazioni.

Lo scopo e le metodologie dell'esperimento sono presentate nella sez. 2.1. Nella sez. 2.2 è presentato lo spettrometro elettronico dell'esperimento FOOT, adoperato per gli ioni più pesanti ($Z \geq 3$). Le misure eseguite da quest'ultimo sono illustrate nella sez. 2.3. Il software di simulazione MC FLUKA, usato per i test preliminari dell'esperimento, e per caratterizzare l'algoritmo di allineamento presentato nel cap. 3, è presentato nella sez. 2.4. Infine, la ricostruzione globale delle tracce è spiegata nella sez. 2.5.

2.1 Scopo dell'esperimento e metodi di misura

Come riportato in precedenti sezioni (1.3 e 1.4), c'è una carenza di dati sulle sezioni d'urto differenziali in energia ed angolo delle reazioni nucleari inelastiche per particelle alle energie tipiche dell'adroterapia e della radiazione cosmica. Lo scopo principale dell'esperimento FOOT è quello di misurare tali sezioni d'urto, al fine di una corretta implementazione delle reazioni di interesse nei codici MC usati nei rispettivi ambiti. Nello specifico, i dati presi saranno utilizzati dall'esperimento MoVe-IT (Modelling and Verification for Ion beam Treatment) per migliorare gli attuali TPS, sviluppare un modello ad RBE variabile per i protoni, ed esplorare la possibilità di implementare raggi di ^4He e ^{16}O in adroterapia [19]. Inoltre, i dati saranno usati come benchmark per gli attuali codici di simulazioni MC, e potranno migliorare gli odierni modelli di interazione nucleare beneficiando diverse branche della fisica.

Il programma dell'esperimento è riassunto in tab. 2.1. Il corpo umano è composto principalmente da ossigeno (61%), carbonio (23%) e idrogeno (10%), che sono stati quindi scelti come componenti dei fasci di particelle e dei target. Non è però possibile produrre ed utilizzare bersagli gassosi di ossigeno ed idrogeno puri, in quanto la loro bassa densità ridurrebbe eccessivamente la probabilità delle interazioni nucleari, e risulterebbero facilmente infiammabili. Si sono dunque adoperati materiali ad alto contenuto di ossigeno e idrogeno (PMMA ($C_5O_2H_8$) e C_2H_4), sottraendo poi la sezione d'urto del carbonio, misurata separatamente, secondo gli opportuni coefficienti stechiometrici, per ottenere quella del rispettivo elemento puro come riportato in [16]. Ad esempio, si può risalire alla sezione d'urto di una reazione che ha per bersaglio l'idrogeno ($\sigma(H)$) a partire da misure eseguite con bersagli di C_2H_4 e C secondo la formula

Frammentazione	Ambito	Fascio	Energia [MeV/u]	Target	Cinematica
Proiettile	Adroterapia	^4He	250	C, C_2H_4, $PMMA$	diretta
Proiettile	Adroterapia	^{12}C	400	C, C_2H_4, $PMMA$	diretta
Proiettile	Adroterapia	^{16}O	500	C, C_2H_4, $PMMA$	diretta
Proiettile	Radioprotezione	^4He	800	C, C_2H_4, $PMMA$	diretta
Proiettile	Radioprotezione	^{12}C	800	C, C_2H_4, $PMMA$	diretta
Proiettile	Radioprotezione	^{16}O	800	C, C_2H_4, $PMMA$	diretta
Target	Adroterapia	^{12}C	200	C, C_2H_4	inversa
Target	Adroterapia	^{16}O	200	C, C_2H_4	inversa

Tabella 2.1: Sintesi del programma di prese dati dell'esperimento FOOT [55].

$$\sigma(H) = \frac{1}{4}\Big(\sigma(C_2H_4) - 2\sigma(C)\Big) \tag{2.1}$$

Considerazioni analoghe valgono anche per sezioni d'urto differenziali.

Non era poi possibile misurare direttamente le quantità cinematiche dei frammenti del target, emessi a pochi MeV, per il loro range limitato. In questi casi, si è quindi invertito il ruolo del proiettile e del bersaglio, realizzando il processo inverso. Ricostruire accuratamente le quantità cinematiche in queste condizioni, permette di risalire alle quantità del processo diretto tramite le trasformazioni di Lorentz. Da queste, è poi possibile calcolare le sezioni d'urto differenziali desiderate.

2.2 Setup sperimentale

Per l'esperimento FOOT sono stati sviluppati due setup sperimentali per prendere misure di sezioni d'urto di ioni leggeri ($Z \leq 3$) e pesanti ($Z \geq 3$), a fronte delle diverse proprietà dei dei frammenti di Z diverso. La figura 2.1 mostra ad esempio che gli ioni più pesanti sono emessi perlopiù ad angoli minori di $10°$, mentre è significativa la frazione di frammenti più leggeri emessi a grandi angoli. Per i primi, è stato progettato uno spettrometro elettronico, con un'accettanza angolare di $10°$, per i secondi, un'*'Emulsion Cloud Chamber (ECC)'*. Nell'ambito di questa tesi, si è sviluppato un algoritmo di allineamento per la prima delle due configurazioni, presentata nel seguito.

2.2.1 Spettrometro Elettronico

La disponibilità di spazio nei diversi centri in cui lo spettrometro elettronico deve essere adoperato ne limita la lunghezza nel range $1.5 - 3.5$ m, a seconda dell'energia del fascio utilizzato. In figura 2.2 è riportata una rappresentazione schematica dello spettrometro elettronico.

L'apparato è diviso in tre parti:

- **Regione pre target:** è composta da uno scintillatore plastico chiamato *'Start Counter (SC)'* e da una drift chamber detta *'Beam Monitor (BM)'*. Questi sono adoperati nel sistema di trigger, nella misura del tempo di volo (TOF) delle particelle e nella ricostruzione delle tracce dei primari.

- **Spettrometro Magnetico:** ricostruisce le tracce e gli impulsi dei frammenti mediante l'uso di due magneti permanenti (PMs), e tre detector posti dopo il target, chiamati *'Vertex Detector (VT), Inner Tracker (IT),'* e *'Microstrip Silicon Detector (MSD)'*.

- **Downstream region:** quì si trovano uno scintillatore, detto *'Tof-Wall (TW)'*, che misura la perdita di energia $\Delta E/\Delta x$ e, assieme allo SC, il tempo di volo, e un calorimetro, che misura l'energia cinetica.

Di seguito sono esposte la struttura e le le caratteristiche dei detector, e il loro ruolo nel contesto dello spettrometro elettronico dell'esperimento FOOT.

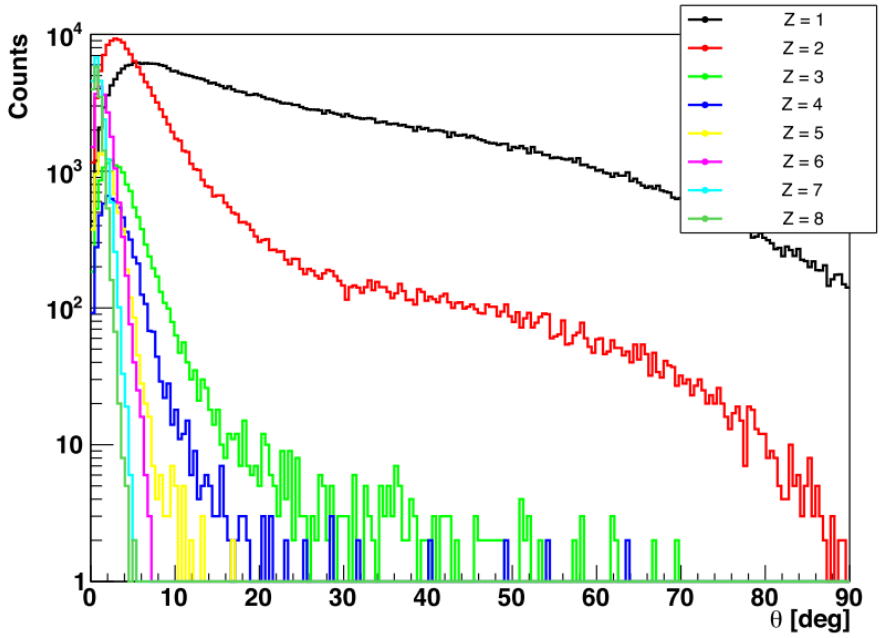


Figura 2.1: Distribuzione angolare dei frammenti generati da un fascio di ioni di ossigeno a 200 MeV/u incidente su un target di 2mm di spessore di C_2H_4. I dati sono stati generati col software FLUKA [15].

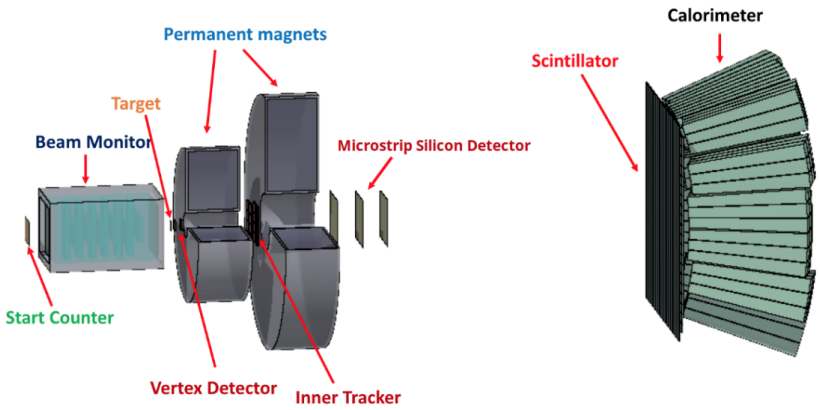


Figura 2.2: Rappresentazione schematica dei detector dello spettrometro elettronico dell'esperimento FOOT.

Start Counter (SC)
Lo Start Counter è uno scintillatore plastico che misura il flusso di primari, fornisce il segnale di trigger per il sistema di acquisizione e determina il momento di inizio per la misura del TOF. É formato da un foglio di scintillatore plastico (EJ-228) [54, 49] spessi $250\,\mu$m, e con una sezione quadrata di lato di $5cm$ fissato in una cornice di alluminio e montato in una camera scura, dotata di finestre di mylar alluminato spesse $4\mu m$ (fig:2.3). La luce di scintillazione è letta da 48 SiPMs laterali, divisi in 8 canali. Il sistema *'WaveDAQ'* [22] alimenta i fotomoltiplicatori e ne legge il segnale. Le analisi del detector condotte al CNAO e al GSI hanno determinato una risoluzione temporale di $60ps$ per un fascio di ioni ^{12}C a $700MeV/u$.

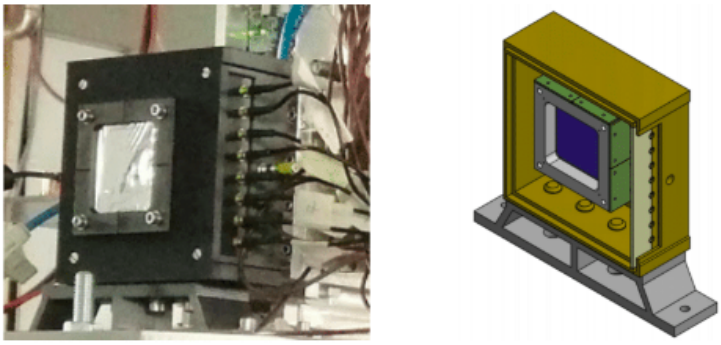


Figura 2.3: A sinistra, un'immagine dello SC. A destra, una sua rappresentazione schematica.

Beam Monitor (BM)
Il Beam Monitor è una drift chamber sviluppata per l'esperimento FIRST [51] ed usato in entrambe le configurazioni dell'apparato. Ha lo scopo di misurare la direzione del fascio incidente e il punto in cui esso incide sul target. Inoltre, permette di scartare i casi in cui un primario frammenta prima del target grazie alle sue capacità di ricostruzione di tracce multiple. É formato da sei piani di celle, ognuno composto da due layer di celle ortogonali tra loro e rispetto alla direzione del fascio, ed è delimitato da due fogli di 100 di mylar dallo spessore di 100 μm. Ogni layer è composto da tre celle rettangolari ($1.6cm \times 1cm$), e due layer consecutivi con la stessa orientazione sono shiftati di mezza cella l'uno rispetto all'altro per risolvere l'ambiguità destra-sinistra insita nella misura. Ogni cella è delimitata da otto fili di campo dal diametro di $90\mu m$ a 0 V, e ha al centro un anodo in tungsteno placcato in oro dal diametro di $25\mu m$, collegato all'alimentazione e all'elettronica di lettura. Il detector ha un'area attiva di $4 \times 4cm^2$, e una lunghezza complessiva di $21cm$ (fig:2.4). Le celle contengono una miscela Ar/CO_2 in rapporto $80/20\%$ ad una pressione di $0.9bar$ ed un flusso di gas di $1l/h$. Un'analisi del detector ha trovato che ha un'efficienza del 90%, una risoluzione spaziale nell'ordine delle centinaia di micrometri nella parte centrale della cella, e una risoluzione angolare di pochi milliradianti.

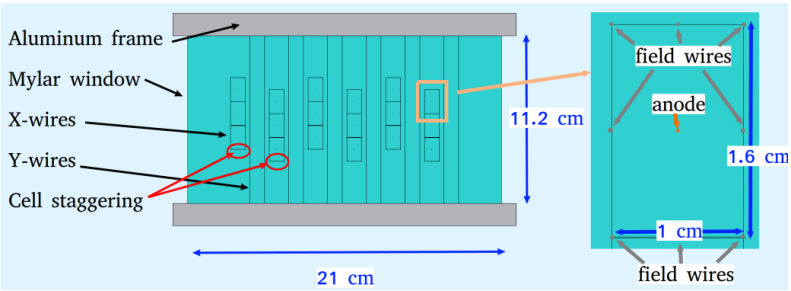


Figura 2.4: A sinistra, una rappresentazione schematica del Beam Monitor. A destra, la struttura di una singola cella.

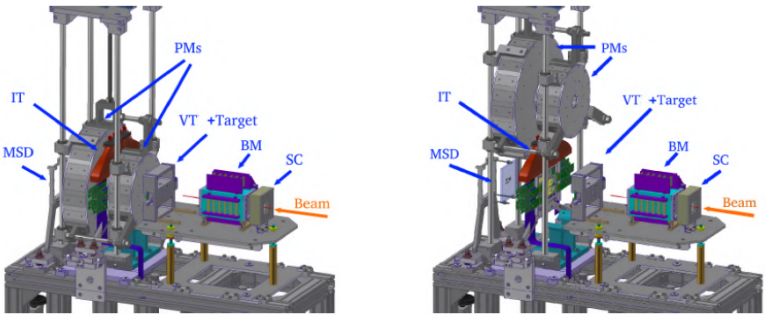


Figura 2.5: A sinistra, una foto del VT e del target. A destra, una schematica della regione upstream (SC, BM) insieme al target e al VT.

Vertex Detector (VT)
Il Vertex Detector si compone di quattro layer di rivelatore pixelato di silicio, è posto pochi millimetri dopo il target e ha una risoluzione angolare di $40°$ (fig. 2.5). Partecipa alla ricostruzione delle tracce e degli impulsi delle particelle. Inoltre, ricostruisce la posizione dell'interazione delle particelle del fascio nel target con l'aiuto del BM. I quattro layer, spessi $50\mu m$, distanziati $2-3$ mm l'uno dall'altro, e con un'area attiva complessiva di 2.022×2.271 cm^2, sono composti di 928×960 chip di MIMOSA-28 (M28) Monolithic Active Pixel Sensors (MAPS), disposti con un passo di $20.7\mu m$. I pixel sono caratterizzati da un tempo di acquisizione del frame di $185.6\mu s$, ed il detector ha un rate massimo di circa $1-2kHz$ per evitare pile up delle tracce generate da più ioni primari incidenti; questa è la componente più lenta dell'intero setup, assieme all'Inner Tracker (IT). Complessivamente, il detector ha una risoluzione dell'ordine di pochi micrometri sulle misure di posizione.

Magneti Permanenti (PMs)
Due magneti permanenti (PMs) sono posti dopo il target e il VT in configurazione di *'Halbach'*, scelta per coniugare la portabilità dell'apparato con i requisiti di risoluzione delle misure del momento [15]; questa, infatti, permette l'inserimento di una stazione di misura (quì, l'Inner Tracker (IT)) tra i due magneti. Il magnete più vicino al vertice ha un diametro interno di $5cm$ e genera un campo magnetico massimo di 1.4 T. L'altro, ha un diametro interno di $10.6cm$ ed un campo magnetico massimo di $0.9T$. Il sistema ha complessivamente un'accettanza angolare di $10°$. L'intensità del campo ha un profilo gaussiano in una direzione perpendicolare all'asse del fascio, come mostrato in fig. 2.6. Una supporto meccanico regge i magneti, di massa complessiva di $250Kg$, e ne bilancia la repulsione di $2000N$, permettendo inoltre il loro allineamento.

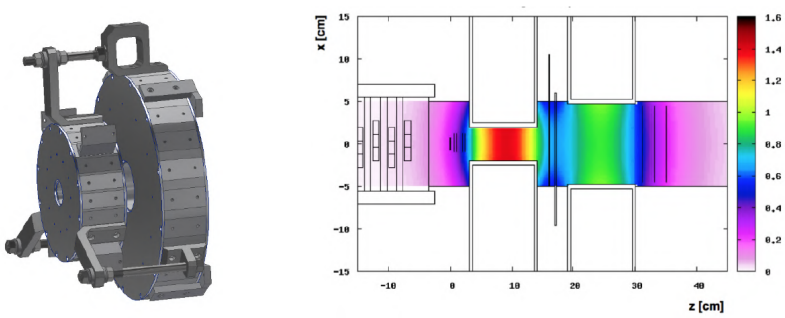


Figura 2.6: A sinistra, un disegno tecnico dei magneti permanenti in configurazione di Halbach. A destra, la mappa dell'intensità del campo magnetico calcolata.

Inner Tracker (IT)
L'Inner Tracker (IT), situato tra i due PMs, adopera gli stessi sensori M28 del VT nei propri due layer e

costituisce la seconda stazione di misura dello spettrometro magnetico. La configurazione a piani sfasati (fig. 2.7) dei sensori ne massimizza la superficie attiva che risulta di 8×8 cm^2. Ogni piano è formato da due componenti, ed ogni scala ha otto sensori M28, quattro per lato, montati su una struttura di 2 mm di carburo di silicio (SiC) a bassa densità. La configurazione ottenuta presenta un'area morta tra due sensori consecutivi di 30 μm, ed un budget di materiale $x/X_0 \sim 0.3\%$ per ogni scala.

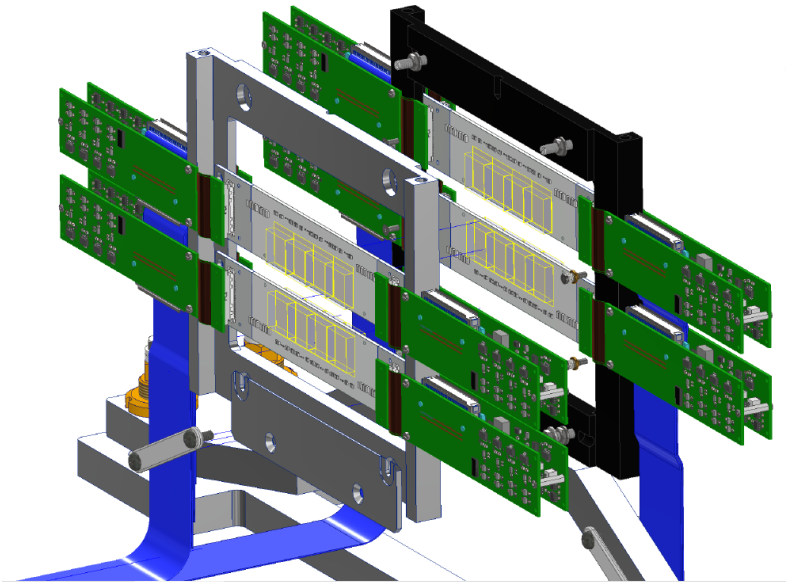


Figura 2.7: Disegno tecnico dell'Inner Tracker.

Microstrip Silicon Detector (MSD)
Il Microstrip Silicon Detector (MSD) è formato da tre layer di microstrip detectors di silicio posti a circa 35 cm dal target. Costituisce l'ultimo detector dello spettrometro magnetico ed è in grado di misurare l'energia rilasciata dalle particelle. Il detector è fondamentale per associare le tracce ricostruite dallo spettrometro alle hit del Tof-Wall. I layer, posti a circa 2 cm l'uno dall'altro, sono costituiti da due Single-Sided Silicon Detectors (SSSD) montati perpendicolarmente l'uno rispetto all'altro su una Printed Circuit Board (PCB), che presentano un'area attiva di 9.6×9.6 cm^2 (fig. 2.8). I sensori di ogni SSSD hanno uno spessore di 150 μm e hanno una pitch di 50 μm. Il segnale di ogni SSSD è letto da dieci chip VA1140 con una pitch di lettura di 150 μm. Questa viene migliorata dalla lettura digitale del segnale, che presenta una risoluzione spaziale di 40 μm.

Tof-Wall (TW)
Il Tof-Wall (TW) è un detector è formato da due layer di barre di scintillatore plastico EJ-200 [49], che permettono di misurare l'energia depositata dalle particelle, la loro posizione e tempo di volo. Le barre sui due layer sono ortogonali tra loro e alla direzione del fascio. Ogni layer è formato da 20 barre parallele, ognuna di dimensioni 44 cm $\times$ 2 cm $\times$ 0.3 cm, ed ha un un'area attiva di 40 cm $\times$ 40 cm (fig. 2.9), con un'accettanza angolare di 10° ad 1 m dal target. Le dimensioni delle barre garantiscono una frequenza di pile-up limitata (<1%), una buona risoluzione dell'energia rilasciata ($\sigma(\Delta E)/\Delta E \sim 6 - 14\%$ per protoni, e $\sim 5 - 7\%$ per ioni ^{12}C [38]). Il segnale di ogni barra è letto da otto SiPMs alle due estremità di essa. I test eseguiti sul detector hanno mostrato che ha una risoluzione temporale di 120-180 ps e 30-40 ps rispettivamente per protoni e ioni di carbonio, che permettono una ricostruzione della posizione delle hit con una precisione di $\sigma_{pos} \leq 8$ mm [38].

Calorimetro (CALO)
Il calorimetro, posto immediatamente dopo il TW, è l'ultimo detector del setup elettronico. É ereditato

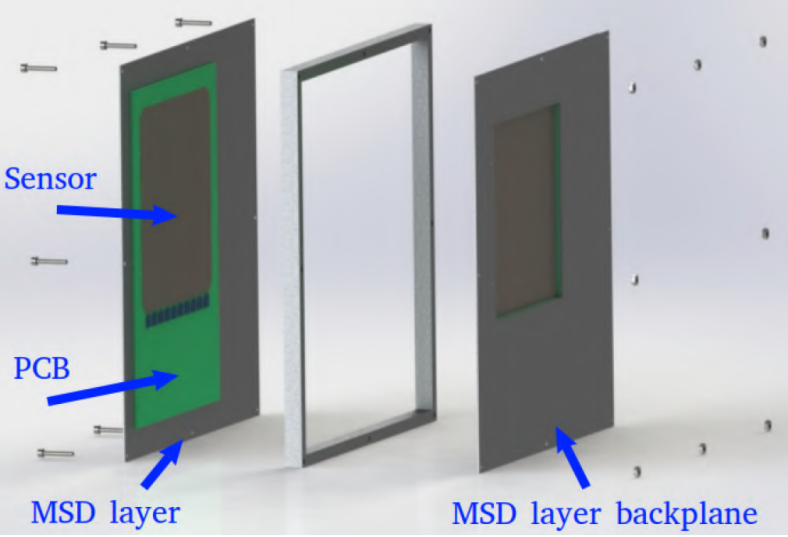


Figura 2.8: Disegno tecnico di due layer dell'MSD.

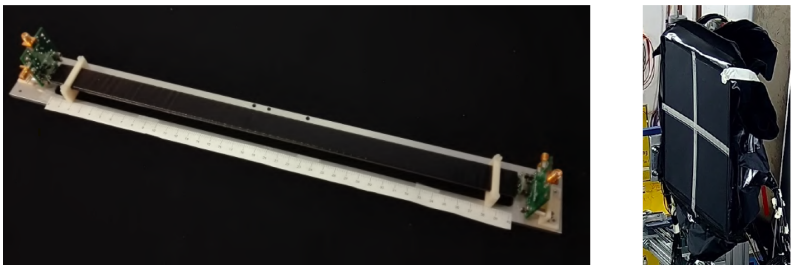


Figura 2.9: A sinistra, una barra di scintillatore plastico del TW. A destra, l'intero detector durante un test eseguito al GSI.

dall'esperimento L3 al CERN [1], i suoi 320 cristalli di $Bi_4Ge_3O_{12}$ hanno la funzione di misurare l'energia cinetica dei frammenti. I cristalli, disposti ad emisfera in moduli 3 $\times$ 3, hanno la forma di piramidi troncate a base quadrata. Le due basi, diverse per i diversi cristalli, hanno aree di circa 3 cm $\times$ 3 cm e 2 cm $\times$ 2 cm rispettivamente (fig. 2.10). Il segnale di ogni cristallo è letto da 25 SiPMs, ed è poi digitalizzato. Misure dell'energia depositata dai frammenti, eseguite al CNAO con ioni di carbonio a diverse energie, mostrano distribuzioni gaussiane con lunghe code a sinistra dovute alla produzione di neutroni all'interno dei cristalli stessi che sfuggono all'apparato di misura. Anche usando il solo picco delle distribuzioni, si ha quindi una sottostima dell'energia media depositata. Alle energie di interesse per la radioprotezione spaziale ($E_{kin} \sim$ 700 MeV/u), diversi frammenti sfuggono alla misura, questo, insieme a fenomeni quali la produzione di pioni e cascate adroniche, degrada le prestazioni del detector. Per ioni pesanti (Z$\geq$2) alle energie dell'adroterapia (70-400 MeV/u) invece, il detector ha una risoluzione percentuale $\sigma(E_{kin})/E_{kin}$ migliore del 2%.

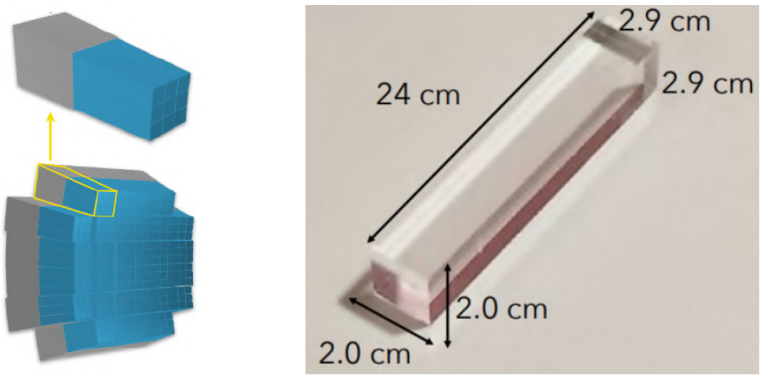


Figura 2.10: A sinistra, una rappresentazione schematica del Calorimetro. A destra, una foto di un cristallo BGO

2.3 Misure e Performance

2.3.1 Requisiti Sperimentali

L'esperimento MoVe-IT ha determinato i requisiti sulle stime delle sezioni d'urto differenziali necessari per poter migliorare gli attuali TPS. Per i processi di frammentazione del target, l'incertezza sulle sezioni d'urto differenziali nell'energia $d\sigma/dE$ dovrebbe essere del 10%. La sezione d'urto differenziale doppia nei processi di frammentazione del proiettile $d\sigma/d\Omega \cdot dE$ deve essere determinata con incertezze dell'ordine del 5%. Per soddisfare i requisiti radiobiologici, la capacità di identificazione della carica e dell'isotopo dei frammenti deve essere di circa il 2-3% e il 5% rispettivamente.

Per soddisfare questi requisiti, vengono utilizzati diversi metodi di misura della carica e della massa delle particelle. Lo spettrometro elettronico misura l'energia depositata (ΔE), l'energia cinetica (E_{kin}), la velocità (β) e l'impulso (p) dei frammenti al fine di identificarne la massa e la carica, risalire, quando necessario, alle quantità cinematiche dei processi diretti, e valutare le sezioni d'urto differenziali. Le performance di questo setup sono valutate sulla base delle simulazioni Monte Carlo eseguite col software FLUKA (par. 2.4.1).

2.3.2 Misure dello spettrometro elettronico

Nel seguito, sono riportate le quantità misurate dallo spettrometro elettronico con le loro incertezze.

Energia Persa (ΔE): è misurata dal MSD e dal TW, ed è fondamentale per l'identificazione della carica. Si è valutato l'incertezza sulla misura $\sigma(\Delta E)/E$ è nel range del $\sim 3 - 10\%$. Inoltre, la risoluzione della

misura eseguita dal TW segue l'andamento

$$\sigma(\Delta E) \sim a + \frac{b}{\Delta E}$$

con a=0.904 MeV, e b=18.6 MeV [38].

Energia Cinetica (E_{kin}): è data dalla somma dell'energia depositata nei detector dello spettrometro magnetico e nel calorimetro, che dà il maggior contributo alla misura, e ne determina la risoluzione, stimata come:

$$\frac{\sigma(E_{kin})}{E_{kin}} = \frac{a}{\sqrt{E_{kin}}} \oplus \frac{b}{E_{kin}} \oplus c$$

dove $\frac{a}{\sqrt{E_{kin}}}$ è il termine stocastico dovuto alle fluttuazioni nella misura dell'energia rilasciata dallo sviluppo di uno sciame di particelle, $\frac{b}{E_{kin}}$ è il contributo del rumore elettronico del circuito di lettura, e la costante c è dovuta ad incertezze sulla calibrazione dello strumento. Il simbolo $\oplus$ indica quì la somma in quadratura degli addendi. Per ioni di carbonio e ossigeno ad energie di 80-400 Mev/u, si è trovata una risoluzione $\sigma(E_{kin}E_{kin}) \leq 2\%$. La misura è poi affetta da una sottostima sistematica, dovuta alla fuga di neutroni ed altri frammenti dal detector.

Velocità (β): è data dal rapporto

$$\beta = \frac{L}{c \cdot TOF} \tag{2.2}$$

dove L è la lunghezza della traiettoria del frammento dal sito di produzione al TW, che, con lo SC, fornisce la misura del tempo di volo (TOF). Il valore di L è ottenuto dalla ricostruzione globale delle tracce eseguita dal filtro Kalman (par. 2.5.3), tiene conto della curvatura delle tracce dovuta al campo magnetico, ed ha un'incertezza nell'ordine di qualche millimetro. L'incertezza sul TOF è calcolata come $\sigma_{TOF} = \sqrt{\sigma_{SC}^2 + \sigma_{TW}^2}$. Dei test eseguiti al GSI e al CNAO hanno mostrato che la la risoluzione temporale del TOF è di circa 70 ps per ioni di carbonio e ossigeno, migliore di quella richiesta di $\sim$100 ps, per i protoni invece, l'incertezza è stimata nel range 140-250 ps a causa del loro minor effetto ionizzante. Complessivamente, l'incertezza sulla velocità β è dovuta prevalentemente al contributo del TOF:

$$\sigma(\beta) \sim \frac{L}{c \cdot TOF^2} \cdot \sigma(TOF) \sim 0.006$$

Impulso (p): è calcolato a partire dalle misure dello spettrometro magnetico. I dati forniti dai diversi detector sono elaborati dal Filtro Kalman (par. 2.5.3), che può raggiungere una risoluzione di circa $\sigma(P)/P \sim 5\%$, compatibile con i requisiti posti per l'esperimento.

2.3.3 Identificazione della Carica

La carica delle particelle è calcolata a partire dal loro rilascio di energia nei detector dello spettrometro elettronico. Questo principio è declinato in due modi. Il primo fa uso delle misure di energia depositata ΔE nel MSD e nel TW, comparandole con le previsioni della formula Bethe-Bloch (eq. 1.2), che può essere scritta come

$$\frac{dE}{dx} \sim z^2 \cdot f(\beta) \tag{2.3}$$

dove dE è l'energia depositata in uno spessore dx da un frammento di carica z, che viaggia ad una velocità β, ed $f(\beta)$ è una funzione di tale velocità. Entrambi i detector forniscono una misura dell'energia ΔE depositata al loro interno; se ora si approssima la distanza Δx percorsa dai frammenti in ogni detector allo spessore di questi, si ottiene il rapporto $\Delta E/\Delta x \sim dE/dx$, che, con la misura di β, permette di stimare la carica delle particelle a partire dall'eq. 2.3. Il secondo metodo usa la dimensione dei cluster

di pixel accesi al passaggio di un frammento attraverso i detector del VTX e dell'IT. Il numero di pixel accesi in un cluster dipende infatti dall'energia depositata dalla particella che lo ha generato, e quindi dalla sua carica. Nel contesto dell'esperimento FIRST è stato sviluppato un modello semiempirico che lega il numero di pixe all'energia rilasciata ΔE [46]:

$$n_p = 2\pi r_s \log\left(\frac{\Delta E}{2\pi E_g T_s}\right) \tag{2.4}$$

dove n_p è il numero medio di pixel, E_g è l'energia media per la creazione di portatori di carica, r_s e T_s sono parametri liberi. Questo permette di calcolare l'energia rilasciata ΔE nel detector, e conseguentemente, mediante l'eq. 2.3, la carica dei frammenti.

Il TW fornisce le misure più accurate della carica dei frammenti con una risoluzione nell'ordine del 3-10%, attribuendo la carica sbagliata in meno del 4% dei casi secondo le simulazioni MC. Il secondo metodo presentato è usato invece per verificare tale misura, misurare la carica dei frammenti in altri punti della traccia ed identificare eventi di frammentazione fuori dal target.

2.3.4 Identificazione della Massa

Diverse strategie sono state implementate per la misura, più difficoltosa, della massa isotopica dei frammenti, combinando misure del TOF, dell'impulso e dell'energia cinetica.

1. **TOF e impulso p:**

$$\begin{aligned} p = m\gamma\beta \Rightarrow m = \frac{p\sqrt{1-\beta^2}}{\beta} \\ A_1 = \frac{m}{u} = \frac{1}{u}\frac{p\sqrt{1-\beta^2}}{\beta} \end{aligned} \tag{2.5}$$

   dove u = 931.494 MeV/c^2 è l'unità di massa atomica.

2. **TOF ed energia cinetica E_{kin}:**

$$\begin{aligned} p^2 = E_{tot}^2 - m^2 \Rightarrow m^2\gamma^2\beta^2 = \left(E_{kin}+m\right)^2 - m^2 \\ A_2 = \frac{m}{u} = \frac{E_{kin}}{u}\frac{1+\sqrt{1+\gamma^2\beta^2}}{\gamma^2\beta^2} \end{aligned} \tag{2.6}$$

3. **Impulso p ed energia cinetica E_{kin}:**

$$\begin{aligned} E_{tot}^2 = p^2 + m^2 \Rightarrow \left(E_{kin}+m\right)^2 = p^2 + m^2 \\ A_3 = \frac{m}{u} = \frac{E_{kin}^2 - p^2}{2E_{kin}} \end{aligned} \tag{2.7}$$

La misura più precisa è quella ottenuta a partire da momento e velocità, vista l'incertezza sulla misura di energia cinetica dovuta alla produzione e fuga di neutroni nel calorimetro. Le tre stime sono poi combinate in due modi diversi per eliminare errori sistematici.

1. **Algoritmo di minimizzazione del χ^2**: minimizza la funzione

$$\chi^2 = f(\vec{x}) + A^T(CC^T)^{-1}A \tag{2.8}$$

   dove:

$$f(\vec{x}) = \frac{(TOF - \overline{TOF})^2}{\sigma^2(TOF)} + \frac{(p-\overline{p})^2}{\sigma^2(p)} + \frac{(E_{kin} - \overline{E_{kin}})^2}{\sigma^2(E_{kin})} \tag{2.9}$$

TOF, p e E_{kin}, $\sigma(TOF)$, $\sigma(p)$ e $\sigma(E_{kin})$ sono le quantità ricostruite e le rispettive incertezze. $A = (A_1 - \overline{A}, A_2 - \overline{A}, A_3 - \overline{A})$ è il vettore di massa, dove A_1, A_2 e A_3 sono le stime della massa isotopica ricavate coi tre metodi sopra illustrati. Le quantità barrate ($\overline{TOF}$, $\overline{p}$, $\overline{E}_{kin}$, $\overline{A}_1$, $\overline{A}_2$, $\overline{A}_3$) sono i parametri del fit. C è detta matrice di correlazione ed è definita come:

$$C = \begin{bmatrix} \frac{\partial A_1}{\partial TOF} \cdot \sigma(TOF) & \frac{\partial A_1}{\partial p} \cdot \sigma p & 0 \\ \frac{\partial A_2}{\partial TOF} \cdot \sigma(TOF) & 0 & \frac{\partial A_2}{\partial E_{kin}} \cdot \sigma E_{kin} \\ 0 & \frac{\partial A_2}{\partial p} \cdot \sigma p & \frac{\partial A_3}{\partial E_{kin}} \cdot \sigma E_{kin} \end{bmatrix} \tag{2.10}$$

2. **Metodo di lagrangiana aumentata**: è un algoritmo iterativo che consiste nella minimizzazione della funzione lagrangiana $\mathcal{L}$:

$$\mathcal{L}(\vec{x}, \overline{\lambda}, \mu) = f(\vec{x}) + \sum_{i=1}^{3} \lambda_i c_i(\vec{x}) + \frac{1}{2\mu} \sum_{i=1}^{3} c_i^2(\vec{x}) \tag{2.11}$$

dove $f(\vec{x})$ è la funzione presentata nell'eq. 3.10, $c_i(\vec{x}) = (A_i - \overline{A})$ sono i vincoli, A_i sono i valori di massa stimati con i rispettivi metodi, $\overline{A}$ è la massa fittata, λ_i sono i moltiplicatori di Lagrange e μ un peso positivo, che moltiplicato coi $c_i^2(\vec{x})$ costituisce il termine di aumento.

I risultati dei due algoritmi sono simili. Considerando i valori aspettati di TOF ~70 ps, $\sigma(p)/p$ ~3.7%, e $\sigma(E_{kin})/E_{kin}$ ~1.5%, è possibile distinguere i picchi degli isotopi del carbonio ^{11}C, ^{12}C, ^{13}C, come mostrato in fig. 2.11.

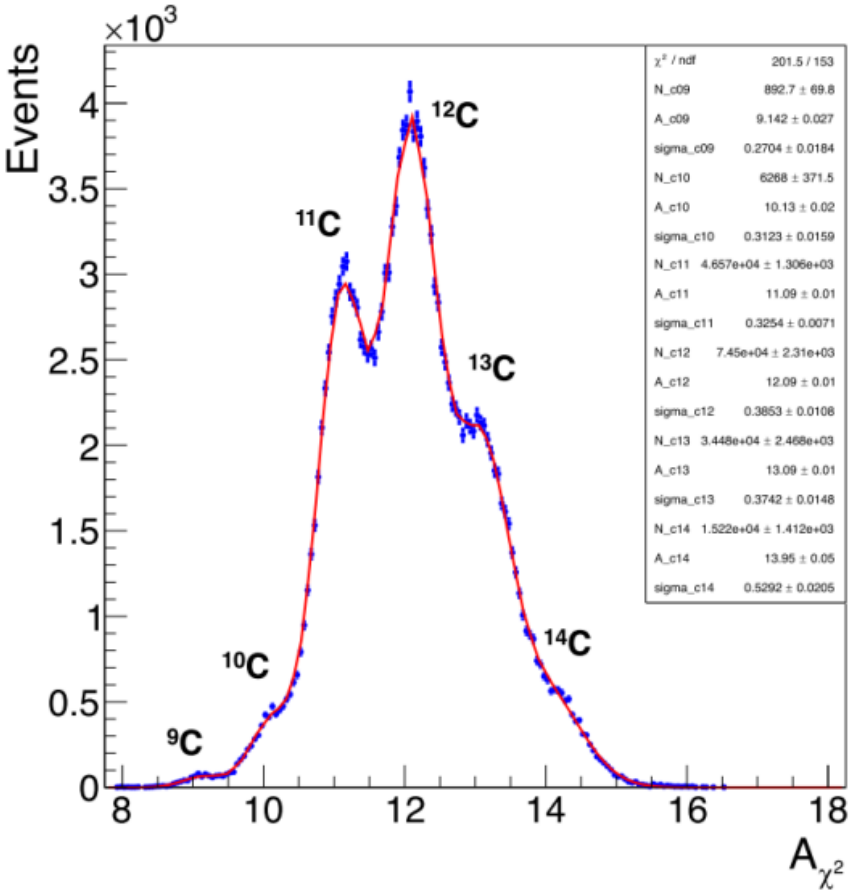


Figura 2.11: Esempio di identificazione della massa eseguita su dati MC minimizzando il χ^2 (eq. 2.8), assumendo i seguenti valori: TOF ~70 ps, $\sigma(p)/p$ ~3.7%, e $\sigma(E_{kin})/E_{kin}$ ~1.5%.

2.4 Simulazione degli Eventi

Il software di simulazione Monte Carlo FLUKA è stato adottato per eseguire studi preliminari per l'esperimento FOOT. É inoltre stato adoperato per caratterizzare l'algoritmo di allineamento presentato nel capitolo 3. Nel seguito, è riportata una breve presentazione del codice.

2.4.1 FLUKA

L'esperimento FOOT fa uso del software FLUKA (*'FLUktuierende KAskade'*) [48, 20] per eseguire simulazioni Monte Carlo. Il codice è scritto in fortran77, ed è adoperato in vari ambiti della fisica visto l'ampio range di particelle ed energie che è in grado di simulare. Di seguito sono riportati i principali metodi, implementati nel codice, per simulare le interazioni di un fascio di particelle con la materia di rilevanza per l'esperimento FOOT, e la terminologia adoperata nell'ambito delle simulazioni.

Evento
Un evento è la collezione delle informazioni riguardanti tutte le particelle e le loro interazioni generate da un primario del fascio.

Charged particle transport
Le particelle cariche (ioni e leptoni) sono propagati nei diversi materiali con un algoritmo basato sulla teoria di Moliére, che tiene conto del *'Multiple Coulomb Scattering (MCS)'*, del backscattering di elettroni, gestisce la deposizione di energia in spessori sottili, e simula la dissipazione di energia in accordo con la teoria di Bethe-Bloch (eq. 1.2), a cui sono aggiunte le correzioni di Barkas, Bloch e Ziegler.

Interazioni adrone-nucleo
Le interazioni adrone-nucleo sono simulate con due modelli diversi a seconda dell'impulso delle particelle. Per l'adroterapia, il modello di riferimento è il **PreEquilibrium Approach to Nuclear Thermalization (PEANUT)**, adoperato per particelle con energia cinetica inferiore a 3-5 GeV/c, utilizza il modello *'Generalized Intra-Nuclear Cascade (GINC)'* per lo stage iniziale delle interazioni anelastiche, seguito dall'emissione o assorbimento di frammenti pesanti. La diseccitazione del sistema per emissione di frammenti leggeri (A<5) è descritta dal modello della fase di pre-equilibrio.

Interazioni nucleo-nucleo
Per simulare le interazioni nucleo-nucleo, FLUKA utilizza tre diversi modelli a seconda del range di energia.

- **Boltzmann-Master Equation:** adoperato ad energie inferiori a 0.1 GeV/u. Descrive la termalizzazione di nuclei composti tramite interazioni a due corpi ed emissione di frammenti secondari [11].
- **Relativistic Quantum Molecular Dynamic (rQMD):** descrive la dinamica di particelle ad energie nel range 0.1-5 GeV/u. Ai singoli nucleoni, considerati liberi, viene associata una funzione d'onda gaussiana nella buca di potenziale generata dagli altri nucleoni. La collisione è simulata minimizzando l'Hamiltoniana di interazione nucleone-nucleone [2].
- **Dual Parton con JETs:** usato ad per energie maggiori di 5 GeV/u, tipicamente, per i raggi cosmici. Unisce il formalismo DPB a quello di Glauber [10].

Output di FLUKA
Per ricostruire gli eventi simulati, l'output di FLUKA viene modificato con alcune routines sviluppate all'interno della collaborazione FOOT, e convertito in un file ASCII contenente le informazioni di ogni detector, particella per particella ed evento per evento. Il file è poi convertito in un file *.root*, organizzato nei seguenti blocchi:

- **Blocco delle particelle:** contiene le informazioni di tutte le particelle prodotte durante la simulazione, come la loro massa, carica, posizione ed impulso alla loro nascita e morte.

- **Blocco dei detector:** ogni detector ha un blocco dedicato che ne contiene tutte le informazioni che lo riguardano, come la sua segmentazione, le hit simulate su di esso ed eventuali tracce locali. Ad esempio, il blocco del MSD contiene le posizioni, l'energia persa e i relativi errori delle misure del detector, e le tracce locali (*tracklets*) ricostruite con esse. Con hit si indica, in generale, l'insieme delle informazioni associate alla misura di un detector (eg. per il VT, la posizione del cluster di pixel accesi).

- **Blocco dei crossing:** contiene informazioni sulle particelle al loro passaggio da una *regione* all'altra di FLUKA, quali la loro posizione e impulso. Con *regione* si intende, nel contesto di FLUKA, un volume definito nei file di geometria caricati nel software.

2.5 Software di Analisi

Il software di analisi sviluppato per l'esperimento FOOT è chiamato SHOE (*Software for Hadrontherapy Optimization Experiment*). Esso fornisce i file di geometria sia per FLUKA, che simula gli eventi, che per GENFIT, che esegue il tracciamento; ciò assicura che la geometria usata per la simulazione MC sia coerente con quella della successiva ricostruzione. L'impiego di file esterni ASCII rende la gestione della geometria dei detector più agevole; questo permette di adattare più velocemente i codici di analisi alle nuove specifiche dell'apparato di misura nel passaggio tra una campagna di presa dati e l'altra.

L'analisi inizia con la ricostruzione locale, nella quale sono elaborati i dati di ogni detector per estrapolarne le quantità di interesse, come l'energia depositata, posizione, in coordinate locali, e tempo (SC, TW) delle hit. Per il VT e il MSD è inoltre ricostruita una traccia locale (*tracklet*); quella del VT è di particolare importanza per identificare il punto d'interazione dei primari all'interno del target. In questa fase, SHOE può inoltre riprodurre la risoluzione, il pile up, il rumore elettronico e l'efficienza dei detector per rendere i dati simulati più simili a quelli reali.

Segue quindi la ricostruzione globale, che combina i dati di tutti i detector per identificare le tracce dei frammenti, misurarne l'impulso, l'energia cinetica e quella dissipata. L'analisi si conclude quindi con l'identificazione della carica e della massa dei frammenti (par. 2.3.3, 2.3.4), e con la misura delle sezioni d'urto.

SHOE dà inoltre la possibilità di applicare gli stessi metodi di analisi a dati simulati e sperimentali; ciò permette di sviluppare e testare i codici di analisi dati, e di valutare le performance dei detector.

L'algoritmo di allineamento presentato nel capitolo 3 agisce sui parametri di allineamento dei detector della regione downstream dell'apparato sperimentale (par. 2.2.1), sfruttando, ad ogni iterazione, la ricostruzione globale delle tracce.

2.5.1 Ricostruzione delle tracce

La ricostruzione globale consiste nell'identificazione, classificazione e fit di tutte le tracce delle particelle generate in un evento, dal primo punto di interazione, alla regione downstream dell'apparato [55]. La ricostruzione di divide in due step successivi:

- **Track finding:** nel primo step, vengono raggruppati gli hit dei diversi detector che sono stati verosimilmente generati dalla stessa particella. Ciò è ottenuto per processi di *pattern recognition* e *track following*, descritti in [55]. Vista la limitata molteplicità delle tracce nel contesto dell'esperimento FOOT, si utilizza un semplice criterio di prossimità, aggiungendo, detector per detector, la hit più vicina al punto estrapolato dalla traccia ricostruita fino a quel momento.

- **Track fitting:** per le tracce identificate allo step precedente vengono stimati i parametri di traccia più probabili sulla base delle hit di tutti i detector coinvolti, tenendo conto delle loro incertezze, e

dell'interazione delle particelle coi materiali lungo il loro percorso. Tra gli algoritmi disponibili in GENFIT, la ricostruzione globale di FOOT utilizza il filtro Kalman, presentato nel par. 2.5.3.

Ricostruire una traccia significa, in questo contesto, calcolarne i parametri e la loro covarianza lungo la traiettoria della particella. In fig. 2.12 è riportato un esempio di una traccia globale ricostruita con i detector dell'esperimento FOOT.

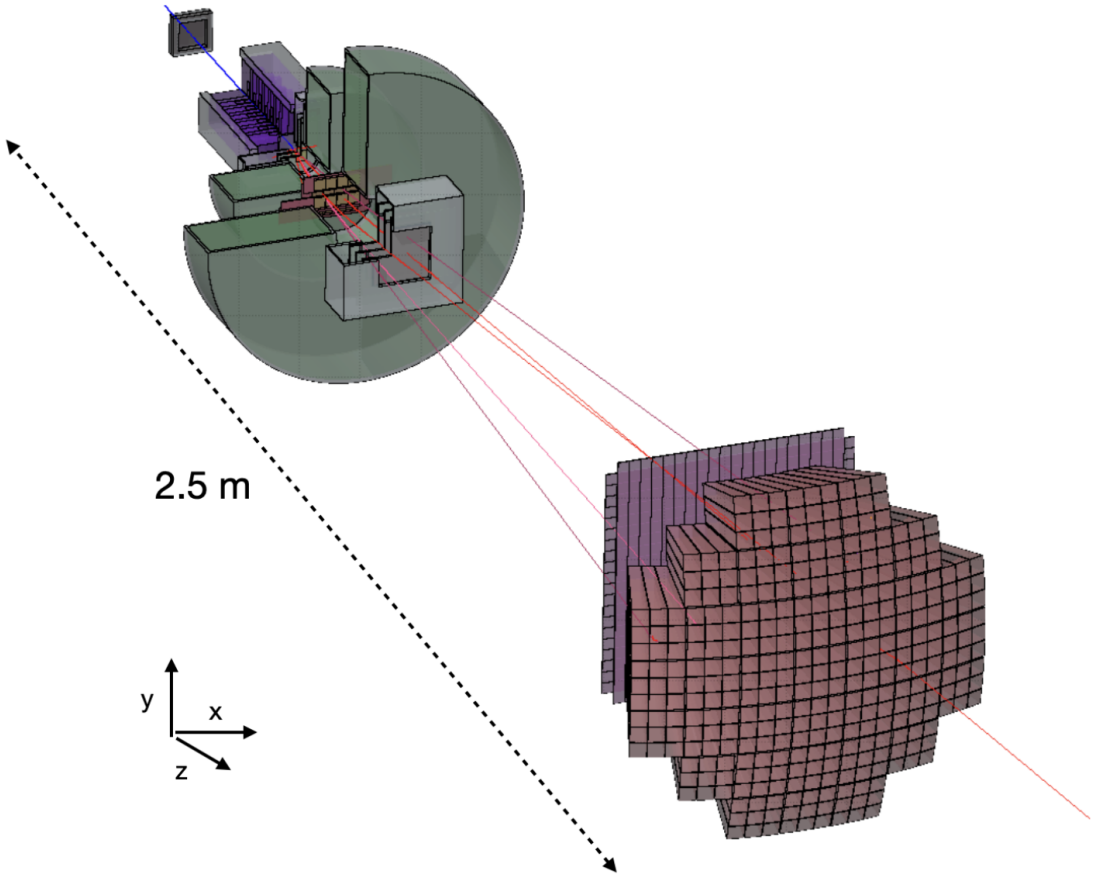


Figura 2.12: Esempio di una traccia globale ricostruita con i detector dell'esperimento FOOT.

Per l'allineamento presentato nel capitolo 3, si è sfruttato l'algoritmo di tracciamento sviluppato dal gruppo di Bologna, basato sul software di GENFIT [43, 29], presentato brevemente nel prossimo paragrafo.

2.5.2 GENFIT

GENFIT è un codice di ricostruzione tracce open source, basato su un filtro Kalman, sviluppato dall'esperimento PANDA [43, 29]. É costituito da tre blocchi principali: misure, rappresentazioni delle tracce, ed algoritmi di fitting. In questo codice, le tracce sono oggetti composti da liste di misure e rappresentazioni.

Misure
Le misure sono oggetti che contengono le coordinate delle hit sui detector, espresse nelle coordinate locali di un piano virtuale associato. Tutti i detector del setup elettronico forniscono misure bidimensionali, tranne i layer a strip del MSD, che forniscono misure monodimensionali.

Rappresentazioni delle tracce

Le rappresentazioni delle tracce sono oggetti che contengono le informazioni circa la loro parametrizzazione ed estrapolazione. Nella ricostruzione globale di FOOT, uno stato $\mathbf{x}$ di una traccia è parametrizzato nelle coordinate locali u e v nel sistema di riferimento di un piano come:

$$\begin{aligned} \mathbf{x} &:= \left(\frac{q}{p}, u', v', u, v\right) \\ u' &:= \frac{\vec{a}\cdot\hat{u}}{\vec{a}\cdot\hat{n}} \\ v' &:= \frac{\vec{a}\cdot\hat{v}}{\vec{a}\cdot\hat{n}} \\ u &:= (\vec{r}-\vec{o})\cdot\hat{u} \\ v &:= (\vec{r}-\vec{o})\cdot\hat{v} \end{aligned} \tag{2.12}$$

dove: $\vec{r}$, $\vec{a}$, q, p sono, rispettivamente, la posizione (in coordinate *globali*), la direzione, la carica e l'impulso della particella, $\hat{u}, \hat{v}$ sono le due direzioni tangenti al piano, $\hat{n} := \hat{u} \times \hat{v}$ è il versore normale al piano, e $\vec{o}$ è l'origine del piano. Uno schema di questa parametrizzazione è riportato in fig. 2.13.

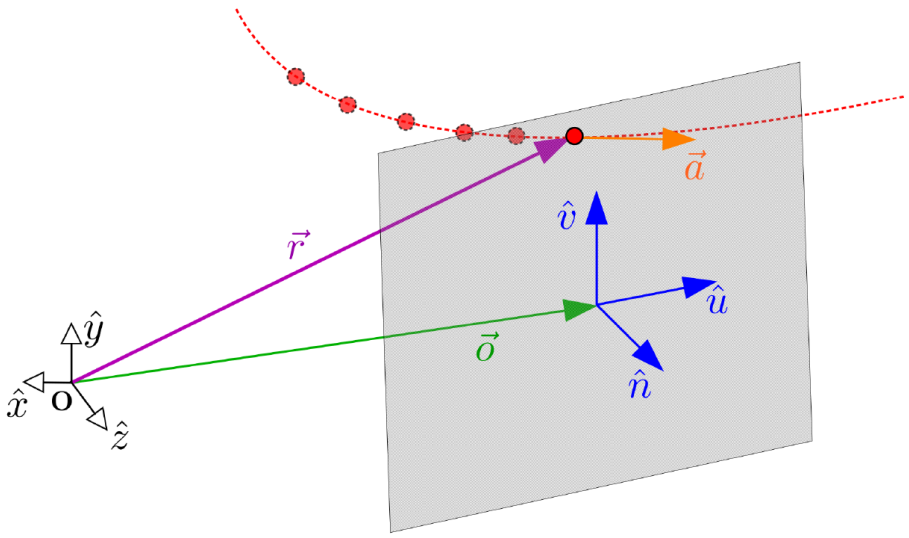


Figura 2.13: Schema della parametrizzazione di uno stato di una traccia in GENFIT. $\vec{r}$ è la posizione della particella nel sistema di riferimento globale O, $\vec{a}$ è la sua direzione, $\hat{u}$, $\hat{v}$ e $\hat{n}$ sono, rispettivamente, le direzioni tangenti e la normale al piano.

Per gli algoritmi di track finding e track fitting, occorre un modello che permetta di estrapolare i parametri di traccia a punti arbitrari lungo la traiettoria delle particelle da uno stato noto. Trascurando in un primo momento le interazioni delle particelle con la materia, la loro traiettoria è descritta da un'opportuna equazione del moto. In presenza del campo magnetico $B(\vec{r})$, si ha:

$$\frac{d^2\vec{r}}{ds^2} = \frac{q}{p}\left(\frac{d\vec{r}}{s} \times \vec{B}(\vec{r})\right) \tag{2.13}$$

Viste le disomogeneità del campo magnetico, di cui è nota la mappa nello spazio, l'equazione 2.13 è integrata col metodo Runge-Kutta-Nyrstöm (RKN). Le deviazioni laterali delle particelle, dovute allo scattering multiplo per l'interazione elettromagnetica e forte coi nuclei, e la loro perdita di energia lungo la traccia, non possono essere comprese nel modello di estrapolazione per la loro natura stocastica, ma vengono incluse nell'algoritmo di fitting come incertezze aggiuntive nella propagazione degli stati (par. 2.5.3).

Algoritmi di Fit
Gli algoritmi di fit hanno accesso a tutte le informazioni delle tracce: utilizzano le misure e le funzioni di estrapolazione delle rappresentazioni contenute in esse per calcolare i parametri del fit.

2.5.3 Filtro Kalman

Il filtro Kalman [31] è un algoritmo che aggiunge progressivamente le informazioni delle misure di un singolo detector alla valutazione dei parametri di traccia, con un modello di propagazione quasi lineare. A passo k, l'algoritmo trova la miglior stima del vettore di stato $\vec{x}_k$ e la sua matrice di covarianza C_k a partire dalle informazioni raccolte ai passi precedenti, con un processo diviso in una fase di predizione ed una di aggiornamento. Il vettore di stato previsto $\tilde{\vec{x}}_k$ è ottenuto da un modello di estrapolazione esterno $f(\vec{x})$, fornito dalla rappresentazione della traccia (par. 2.5.2) nel caso dell'esperimento FOOT. La matrice di covarianza $\tilde{C}_k$ predetta è data dalla somma di una matrice di rumore $N_{k-1|k}$, e la propagazione della covarianza C_{k-1} attraverso la Jacobiana di propagazione dell'errore $J_{k-1|k}$:

$$\begin{aligned} \tilde{\vec{x}}_x &= f(\vec{x}_{k-1}) \\ \tilde{C}_k &= J_{k-1|k} C_{k-1} J^T_{k-1|k} + N_{k-1|k} \\ J_{k-1|k} &:= \left.\frac{\partial f(\vec{x})}{\partial \vec{x}}\right|_{\vec{x}=\vec{x}_{k-1}} \end{aligned} \tag{2.14}$$

Si definiscono quindi il residuo $\vec{r}_k$ e il *'Kalman Gain'* K_k come

$$\begin{aligned} \tilde{\vec{r}}_k &:= \vec{m}_k - H_k \tilde{\vec{x}}_k \\ K_k &:= \tilde{C} H_k^T \left(H_k \tilde{C}_k H_k^T + V_k \right)^{-1} \end{aligned} \tag{2.15}$$

dove $\vec{m}_k$ è la misura k-esima, V_k la sua matrice di covarianza, e H_k è la matrice che proietta il vettore $\tilde{\vec{x}}_k$ nello spazio di $\vec{m}_k$. Vengono quindi aggiornati il vettore di stato k-esimo e la sua matrice di covarianza:

$$\begin{aligned} \vec{x}_k = \tilde{\vec{x}}_k + K_k \tilde{\vec{r}}_k &= (\mathbb{I} - K_k H_k)\tilde{\vec{x}}_k + K_k \vec{m}_k \\ C_k &= (\mathbb{I} - K_k H_k)\tilde{C}_k \end{aligned} \tag{2.16}$$

In eq. 2.16 si osserva che K_k determina il peso della misura $\vec{m}_k$ nell'espressione del parametro di stato $\vec{x}_k$. In questo formalismo, i gradi di libertà del fit $n_{d.o.f.}$ sono:

$$n_{d.o.f.} = \sum_k \big(dim(\vec{m}_k) \big) - n_{par} \tag{2.17}$$

dove n_{par} è il numero di parametri di uno stato, nel caso della parametrizzazione in eq. 2.12, $n_{par} = 5$. Il contributo al χ^2 della traccia della hit k-esima è:

$$\begin{aligned} \chi^2_k &= \vec{r}_k^T \big(V_k - H_k C_k H_k^T \big)^{-1} \vec{r}_k \\ \chi^2 &= \sum_k \chi^2_k \end{aligned} \tag{2.18}$$

e il χ^2 ridotto di una traccia $\tilde{\chi}^2$ è dato dall'espressione

$$\tilde{\chi}^2 = \chi^2 / n_{d.o.f.} \tag{2.19}$$

Il principale vantaggio del filtro di Kalman rispetto a un tradizionale metodo di minimizzazione del χ^2 risiede nella capacità di tenere conto in modo dinamico della deviazione laterale delle particelle, dovuta allo scattering con i nuclei, e della loro perdita di energia. Questo avviene mediante l'introduzione della matrice di rumore $N_{k-1|k}$ (eq. 2.14), implementata nell'aggiornamento della covarianza e del vettore di stato. Invece, il fit dei parametri di traiettorie elicoidali, mediante la minimizzazione del χ^2, non terrebbe

conto delle deviazioni sopra menzionate. Alla fine della prima iterazione, i vettori di stato $\vec{x_k}$ possono essere biased dalla scelta del vettore di stato iniziale fornito all'algoritmo $\vec{x_0}$. Per ovviare al problema, il filtro è iterato nella direzione diretta e inversa alternatamente fino a un massimo di venti volte. Ad ogni iterazione, lo stato finale di quella precedente è preso come stato iniziale, e gli elementi della sua matrice di covarianza sono moltiplicati di un fattore $\mathcal{O}(1000)$, per evitare di includere più volte la stessa informazione più volte. Questo processo è chiamato *'smoothing'*, e rende l'algoritmo più robusto. Alla fine di questo procedimento, viene eseguita una media pesata dei vettori di stato, che fornisce la miglior stima dei vettori di stato ad ogni punto della traiettoria. Una più dettagliata descrizione dell'implementazione del filtro Kalman nella struttura di GENFIT è riportata in [28].

Capitolo 3

Allineamento

Durante le prese dati, le posizioni dei detector dell'esperimento FOOT sono misurate con una precisione dell'ordine dei mm. É dunque necessario stimarne accuratamente i parametri di allineamento per poter giovare dell'elevata risoluzione dei tracciatori posizionati lungo la linea del fascio. Questo può essere eseguito in due step: in un primo momento, è necessaria una valutazione dei parametri di allineamento che utilizzi unicamente informazioni locali dei detector, come posizione delle hit e tracklets locali, affinché il codice di ricostruzione delle tracce globali possa ricostruire un numero sufficiente di tracce, tale da poter sfruttare il secondo metodo di allineamento, che permette di valutare la posizione dei detector in modo più preciso. In tal modo, si può eseguire una valutazione più accurata dei parametri di allineamento dei layer dei detector più precisi, in particolare, di quelli del VT, dell'IT e del MSD. Nella sez. 3.1 sono riportati due possibili algoritmi per l'allineamento fine di detector planari. Tra questi, si è scelta la risoluzione delle equazioni normali del χ^2 associato ai residui delle tracce, adattata alle specifiche dell'attuale output del tracciamento globale. Nella sez. 3.2, è presentata nel concreto l'implementazione dell'allineamento preliminare e dell'algoritmo di allineamento fine che utilizza le equazioni normali del χ^2.

3.1 Algoritmi

In letteratura [6], sono riportati diversi metodi di allineamento per sensori planari quali quelli dei tracciatori dell'esperimento FOOT. Tra questi, sono stati presi in considerazione un'estensione del filtro Kalman, presentato nel par. 3.1.1, e la minimizzazione del χ^2 dei residui, presentata nel par. 3.1.2.

L'approccio basato sul filtro Kalman sembra il più promettente: esso permetterebbe di tener conto del *'Multiple Coulomb Scattering'* delle particelle, e di valutare simultaneamente i parametri di traccia e di allineamento. Tuttavia, una modifica del codice di tracciamento di SHOE attualmente utilizzato andrebbe ben oltre i tempi previsti per la presente tesi. La minimizzazione del χ^2 dei residui risulta invece più versatile, e si presta a notevoli semplificazioni quando si è interessati ai soli parametri di allineamento. Permette inoltre l'utilizzo dei parametri di traccia ricostruiti dal tracciamento globale che utilizza il filtro Kalman di GENFIT. La problematica maggiore di questo approccio risiede nella valutazione separata dei parametri di traccia e di geometria, che introduce inevitabilmente dei bias nella ricostruzione dei primi; si è dunque scelto di applicare questo metodo iterativamente per correggere i bias iniziali del tracciamento. L'implementazione di un simile algoritmo risulta indubbiamente più semplice rispetto alle possibili alternative, e presenta tempi di esecuzione contenuti.

3.1.1 Filtro Kalman modificato

Un primo metodo di allineamento consiste in un'estensione del filtro Kalman presentato nel paragrafo 2.5.3 [6]. In questa versione vengono valutati, per ogni detector k, i rispettivi vettori di stato della traccia $\vec{x}_k$ e di allineamento $\vec{a}_k$, con le rispettive matrici di covarianza C_k ed E_k. Di seguito, è tralasciato il pedice $_k$ per alleggerire la notazione. Si può esprimere la dipendenza di una misura m dai parametri di allineamento e di traccia con una funzione $\vec{f}(\vec{x}, \vec{a})$, ottenendo, nella sua approssimazione lineare:

$$
\begin{aligned}
\vec{m} &= \vec{f}(\vec{x},\vec{a}) + \vec{\epsilon} = \vec{f}(\tilde{\vec{x}},\tilde{\vec{a}}) + A(\vec{x}-\tilde{\vec{x}}) + H(\vec{a}-\tilde{\vec{a}}) + \vec{\epsilon} = \vec{c} + A\vec{x} + H\vec{a} + \vec{\epsilon} \\
\vec{c} &:= \vec{f}(\tilde{\vec{x}},\tilde{\vec{a}}) - A\tilde{\vec{x}} - H\tilde{\vec{a}} \\
A &= \frac{\partial \vec{f}}{\partial \vec{x}}\Big|_{\{\tilde{\vec{x}},\tilde{\vec{a}}\}} \\
H &= \frac{\partial \vec{f}}{\partial \vec{a}}\Big|_{\{\tilde{\vec{x}},\tilde{\vec{a}}\}}
\end{aligned}
\tag{3.1}
$$

Dove $\vec{\epsilon}$ è il vettore di incertezze sulla misura m con matrice di covarianza V assunta nota, A e H sono le jacobiane di $\vec{f}$ rispetto a $\vec{x}$ e $\vec{a}$ rispettivamente, $\tilde{\vec{x}}$ e $\tilde{\vec{a}}$ sono i parametri di traccia e di allineamento attesi, con le rispettive matrici di covarianza $\tilde{C}$ e $\tilde{E}$, quì assunte note, come i vettori di riferimento. L'aggiornamento dei vettori è analogo a quanto viene fatto per il filtro Kalman standard:

$$
\begin{aligned}
W &:= (V + H\tilde{C}H^T + A\tilde{E}A^T)^{-1} \\
\vec{x} &= \tilde{\vec{x}} + \tilde{C}H^T W(\vec{m} - \vec{f}(\tilde{\vec{x}},\tilde{\vec{a}})) \\
C &= \tilde{C} - \tilde{C}H^T W H\tilde{C} \\
\vec{a} &= \tilde{\vec{a}} + \tilde{E}A^T W(\tilde{\vec{x}},\tilde{\vec{a}}) \\
E &= \tilde{E} - \tilde{E}A^T W A\tilde{E}
\end{aligned}
\tag{3.2}
$$

$\tilde{C}H^T W$ è quì l'analogo del Kalman Gain dell'eq. 2.15. Anche in questo caso, l'informazione è accumulata progressivamente nei vettori $\vec{x}$ e $\vec{a}$. Nella prima iterazione nella direzione diretta e inversa del filtro, i vettori di allineamento non vengono modificati, ma le informazioni accumulate su di essi vengono utilizzate nell'aggiornamento dei vettori di stato. Nel successivo processo di smoothing, i vettori di traccia e di allineamento vengono continuamente aggiornati, con un processo di '*annealing*', che aumenta progressivamente il peso delle misure rispetto alle predizioni dell'algoritmo per evitare che questo converga a soluzioni non ottimali [21].

L'algoritmo sopra presentato darebbe, probabilmente, la miglior stima dei parametri di allineamento, presentando i vantaggi del filtro Kalman (par. 2.5.3), e limitando efficacemente i bias delle prime iterazioni dovuti alla particolare scelta dei parametri iniziali. Tuttavia, la valutazione delle nuove matrici di covarianza, e la modifica dell'attuale tracciamento avrebbero richiesto significativamente più tempo rispetto alla soluzione scelta, presentata nel prossimo paragrafo.

3.1.2 Equazioni normali del χ^2

Un'alternativa è quella di minimizzare il χ^2 associato ai residui delle tracce [13, 12]. In questo contesto, con *misura* (m_i) si intende il valore misurato da un detector lungo una direzione, x o y nel caso dell'esperimento FOOT, di una hit di una particella. Per ogni misura, si può calcolare il suo valore atteso in funzione dei parametri di traccia e di allineamento, con un'opportuna funzione $f_i(\vec{x})$. In un approccio iterativo alla correzione del vettore di parametri $\vec{x}$, all'iterazione k-esima, il χ^2 associato ai residui è dato dall'espressione [13, 12]:

$$
\chi^2(\vec{x}_k) = \sum_{i=0}^{N_{meas}} \frac{(m_i - f_i(\vec{x}_k))^2}{\sigma_i^2} \tag{3.3}
$$

dove σ_i è l'incertezza associata al termine i-esimo, e N_{meas} indica il numero complessivo di misure m_i associate alle tracce ricostruite. Si nota che, anche in questo caso, è necessario uno step precedente di *'track finding'*, che associ le misure alle rispettive tracce. Nel seguito, si omettono gli estremi della sommatoria sugli indici $_i$ per alleggerire la notazione. Dato un vettore di parametri $\vec{x}_{k-1}$ noto, si scrive $\vec{x}_k$ come la somma di tale vettore con un vettore di correzioni $\vec{\Delta x}$:

$$
\vec{x}_k = \vec{x}_{k-1} + \vec{\Delta x} \tag{3.4}
$$

Si approssimano quindi al primo ordine in serie di taylor le funzioni $f_i(\vec{x})$ in un intorno di $\vec{x}_{k-1}$:

$$f_i(\vec{x}_k) = f_i(\vec{x}_{k-1}) + \sum_j \frac{\partial f_i}{\partial x_j}\Big|_{\vec{x}_{k-1}} \Delta x_j \tag{3.5}$$

e le si sostituiscono nell'eq. 3.3, ottenendo:

$$\chi^2(\vec{x}_k) = \sum_i \frac{(m_i - f_i(\vec{x}_{k-1}) - \sum_j \frac{\partial f_i}{\partial x_j}\big|_{\vec{x}_{k-1}} \Delta x_j)^2}{\sigma_i^2} = \sum_i \frac{(r_i - \sum_j \frac{\partial f_i}{\partial x_j}\big|_{\vec{x}_{k-1}} \Delta x_j)^2}{\sigma_i^2} \tag{3.6}$$

dove si è definito il residuo i-esimo come

$$r_i := m_i - f_i(\vec{x}_{k-1}) \tag{3.7}$$

Nel seguito, si omette la notazione $|_{\vec{x}_{k-1}}$ per le derivate al fine di alleggerire la notazione. Annullando il gradiente dell'eq. 3.6 nei parametri di correzione Δx_n si ottiene un sistema di equazioni lineari, dette *equazioni normali del* χ^2:

$$\frac{\partial \chi^2(\vec{x}_k)}{\partial \Delta x_n} = 0 \tag{3.8}$$

che possono essere riscritte come:

$$\begin{aligned} \Gamma \vec{\Delta x} &= \vec{\beta} \\ \Gamma_{nj} &= \sum_i \left(\frac{\partial f_i}{\partial x_n}\right)\left(\frac{\partial f_i}{\partial x_j}\right)\left(\frac{1}{\sigma_i^2}\right) \\ \beta_n &= \sum_i \frac{\partial f_i}{\partial x_n}\frac{r_i}{\sigma_i^2} \end{aligned} \tag{3.9}$$

In generale, con questo metodo è possibile eseguire un fit simultaneo dei parametri di traccia e di allineamento. In questo contesto, i primi sono chiamati anche parametri *locali* ($\vec{q}$), i secondi, *globali* ($\vec{p}$). Lo spazio di parametri da minimizzare può essere in generale molto grande, per ventimila tracce ad esempio, se ogni traccia è rappresentata da un vettore di cinque componenti come in GENFIT, si hanno centomila parametri di traccia. L'inversione di matrici di tali dimensioni avrebbe un'elevato costo computazionale. É tuttavia possibile elaborare ulteriormente la formula per ridurre drasticamente la dimensione delle matrici da invertire dividendo in blocchi la matrice Γ, e sfruttando il fatto che blocchi fuori diagonale che mischiano parametri locali di tracce diversi sono nulli [13]. In questo modo, l'unica approssimazione eseguita consiste nella linearizzazione delle funzioni $f_i(\vec{x})$, e un approccio iterativo è necessario unicamente se queste non sono lineari, come avviene tenendo conto, ad esempio, delle rotazioni dei layer.

Nel caso specifico dell'esperimento FOOT, una valutazione dei parametri di traccia è già fornita dall'algoritmo di tracciamento globale. Inoltre, l'assenza di misure nella direzione del fascio z rende problematica la valutazione delle correzioni delle coordinate z dei detector, e la stima delle loro rotazioni attorno agli assi x e y. Per semplicità, si è dunque limitato il problema alla valutazione delle traslazioni lungo gli assi x e y dei singoli layer dei detector coinvolti nel tracciamento. Questo permette di semplificare notevolmente il problema, in quanto il sistema di equazioni (eq. 3.9) si disaccoppia layer per layer e per coordinate, come mostrato nel seguito. Siano m_{ik}^x e m_{ik}^y rispettivamente le misure delle coordinate x e y eseguite dal k-esimo layer per la i-esima traccia, e $\sigma_{ik}^{x/y}$, $f_{ik}^{x/y}(\vec{p})$ i rispettivi errori e predizioni. La particolare traiettoria delle particelle è ininfluente ai fini del'allineamento dei detector, in quanto la dipendenza delle predizioni delle misure in coordinate locali dei detector f_i dalla posizione (x_k, y_k) di questi è introdotta unicamente dalla trasformazione di coordinate dal sistema di riferimento globale a quello locale. A scopo illustrativo, si possono considerare traiettorie localmente rettilinee nei pressi dei detector,

descritte, localmente, nel sistema di riferimento globale, da un punto in tre dimensioni $\vec{v}_{ik}$ e dalla loro direzione, espressa in termini della loro pendenza nei piani $x-z$ e $y-z$ $S_{ik}^{x/y}$. La predizione della misura può dunque essere scritta nelle coordinate locali del layer k-esimo, in posizione $\vec{x}_k^T = (x_k, y_k, z_k)$ come

$$\begin{aligned} f_{ik}^x &= (v_{ik}^x + S_{ik}^x(z_k - v_{ik}^z)) - x_k \\ f_{ik}^y &= (v_{ik}^y + S_{ik}^y(z_k - v_{ik}^z)) - y_k \end{aligned} \tag{3.10}$$

dunque,

$$\begin{aligned} \frac{\partial f_{ik}^x}{\partial y_n} &= 0 \ \ \forall n \\ \frac{\partial f_{ik}^y}{\partial x_n} &= 0 \ \ \forall n \\ \frac{\partial f_{ik}^x}{\partial x_n} &= -\delta_{k,n} \\ \frac{\partial f_{ik}^y}{\partial y_n} &= -\delta_{k,n} \end{aligned} \tag{3.11}$$

Cioè, in questo contesto, le misure nelle coordinate x e y di un layer dipendono unicamente dalla rispettiva coordinata del layer stesso. Considerando il blocco lungo la diagonale di Γ associato al layer k-esimo, e le rispettive componenti del vettore $\vec{\beta}$, si ha:

$$\Gamma = \begin{bmatrix} \Gamma_0 & \dots & 0 & \dots & 0 \\ \vdots & \ddots & & & \vdots \\ 0 & & \Gamma_k & & 0 \\ \vdots & & & \ddots & \vdots \\ 0 & \dots & 0 & \dots & \Gamma_N \end{bmatrix} \qquad \Gamma_k = \begin{bmatrix} \sum_{i_x} \frac{1}{\sigma_{i_x}^2} & 0 \\ 0 & \sum_{i_y} \frac{1}{\sigma_{i_y}^2} \end{bmatrix}$$

$$\vec{\beta} = \begin{pmatrix} \vec{\beta}_0 \\ \vdots \\ \vec{\beta}_k \\ \vdots \\ \vec{\beta}_N \end{pmatrix} \qquad \vec{\beta}_k = \begin{pmatrix} -\sum_{i_x} \frac{r_{i_x}}{\sigma_{i_x}^2} \\ -\sum_{i_y} \frac{r_{i_y}}{\sigma_{i_y}^2} \end{pmatrix} \tag{3.12}$$

da cui

$$\begin{pmatrix} \Delta x_k \\ \Delta y_k \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\frac{\sum_{i_x} r_{i_x} w_{i_x}}{\sum_{i_x} w_{i_x}} \\ -\frac{\sum_{i_y} r_{i_x} w_{i_x}}{\sum_{i_x} w_{i_x}} \end{pmatrix} \tag{3.13}$$

Dove

- $i_{x/y}$ indicizza le misure del layer k lungo la rispettiva coordinata
- $w_i = \frac{1}{\sigma_i^2}$ indica il peso del contributo i-esimo.

- L'incertezza $\sigma_{i_{x/y}} = \sqrt{\sigma^2_{i_{x/y}}(m) + \sigma^2_{i_{x/y}}(f)}$ è dato dalla somma in quadratura dell'incertezza della misura $\sigma_{i_{x/y}}(m)$ e della posizione della traccia sul layer $\sigma_{i_{x/y}}(f)$ corrispondenti.
- I residui $r_{i_{x/y}} = m_{i_{x/y}} - f_{i_{x/y}}$ sono calcolati come la differenza tra la coordinata della hit misurata dal layer $m_{i_{x/y}}$ e quella della posizione della traccia ricostruita da GENFIT sul piano corrispondente $f_{i_{x/y}}$.

Dunque, la stima delle correzioni dei parametri di allineamento lungo le direzioni x e y di layer planari può essere eseguita valutando le rispettive medie dei residui pesati con la propria incertezza totale.

É importante notare che in questo modo i parametri di allineamento vengono valutati successivamente a quelli di traccia. I secondi subiscono quindi inevitabilmente un bias dovuto alla poco accurata stima iniziale dei primi. Questo bias viene poi propagato alla valutazione delle correzioni dei parametri di allineamento. Si rende dunque necessario un approccio iterativo, in cui si aggiornano progressivamente i parametri di traccia e di allineamento. La convergenza di un tale algoritmo non è garantita, e dipende dalla scelta dei parametri iniziali di allineamento, ed è indispensabile uno step precedente il tracciamento affinché questo funzioni.

Selezione delle tracce

Per algoritmi di questo tipo si pone il problema della selezione delle tracce, al fine di ridurre l'impatto di tracce *spurie*, ricostruite con misure appartenenti a diverse particelle, sulla correzione dei parametri di geometria. Da un lato, si vogliono escludere le tracce ricostruite *peggio*, cioè, quelle con un $\tilde{\chi}^2$ più elevato. Tuttavia, come si osserva in eq. 2.18, queste sono quelle coi residui di modulo maggiore. L'esclusione di questi può portare a una sottostima sistematica delle correzioni delle posizioni dei layer, che dovrebbe tuttavia venire arginata dal processo iterativo. Invece che escludere le tracce con $\tilde{\chi}^2$ più elevato, è possibile definire diversamente i pesi $w_i = 1/\sigma_i^2$ dell'eq. 3.3 in funzione dell'ampiezza dei residui, per ridurre il contributo di quelli maggiori come riportato in [13]. Anche in questo caso, tuttavia, è possibile una sottostima sistematica delle correzioni dei parametri di geometria. L'adozione di funzioni custom per la valutazione dei pesi dei residui avrebbe tuttavia richiesto ulteriori analisi, al di là degli scopi della presente tesi. Si è quindi scelto di implementare l'alternativa più semplice, selezionando le tracce con un $\tilde{\chi}^2$ inferiore ad un valore di soglia intermedio, pari a 2.5, in modo da considerare solo le tracce ricostruite correttamente, senza scartare quelle con un $\tilde{\chi}^2$ elevato dovuto al disallineamento dei detector.

3.2 Codice di allineamento e analisi

L'allineamento è stato eseguito per mezzo di macro scritte in linguaggio C++ interagenti coi file *.root* contenenti le informazioni sulla ricostruzione locale e globale delle tracce. Sono stati inoltre sviluppati script di bash e in linguaggio python per garantire la corretta gestione dei file di geometria.

3.2.1 Gestione della geometria

Ai fini dell'allineamento, si sono considerate in modo indipendente le diverse parti di ogni detector libere di muoversi, in modo significativo, l'una rispetto all'altra. Per il *'Vertex Detector'* (VT) ed il *'Microstrip Silicon Detector'* (MSD), ogni piano è stato considerato in modo indipendente dagli altri. Si consideri inoltre che i piani dell'MSD così definiti forniscono misure monodimensionali lungo il rispettivo asse, e vengono allineati, nel presente lavoro, solo lungo tale direzione. Per l'*'Inner Tracker'* (IT), i sensori montati sulla stessa striscia (fig. 2.7) sono considerati solidali tra loro, ma non con le altre file di sensori. Quindi, l'allineamento dell'IT consiste nella valutazione dei parametri di geometria delle sue strisce di sensori. Per il *'Tof-Wall'* (TW), tutte le barre di entrambi i piani sono incollate tra loro, e risultano dunque solidali. Viene quindi allineato l'intero detector nelle due direzioni x e y.

Nel seguito, si fa riferimento alle componenti da allineare sopra menzionate come *'layer'*.

Dati i file di simulazione MC, si è prima eseguita la ricostruzione locale delle misure dei detector, in cui sono salvate le informazioni delle hit e delle tracce locali. In questa fase, è stata utilizzata la

geometria corretta dell'apparato; nel seguito, si fa riferimento a questa configurazione come a quella di *base*. Per simulare un disallineamento dei detector, vengono modificati i file di geometria rilevanti e viene eseguita la ricostruzione globale. In questo modo, i parametri di allineamento iniziali sono diversi dalle reali posizioni dei layer. Le configurazioni così ottenute sono nel seguito chiamate *traslate*. Questo processo simula quanto avviene nelle prese dati. Le posizioni nominali dei detector sono in generale diverse da quelle reali, che determinano la posizione delle misure sui layer nei sistemi di coordinate locali. Per eseguire il tracciamento, viene eseguito un cambio di coordinate tra i sistemi di riferimento locali e quello globale dell'intero apparato, con origine nel centro del target. Le coordinate globali delle misure sono quindi affette dagli errori commessi sulla valutazione delle posizioni dei layer, e, di conseguenza, il tracciamento globale risente di tali errori.

Le correzioni dei parametri di allineamento, calcolati col metodo descritto nel par. 3.2.3, sono salvati ad ogni iterazione in un file di testo. Vengono quindi aggiornati i file di geometria opportuni, e viene eseguita una nuova ricostruzione globale a partire dalla stessa ricostruzione locale, usata in precedenza, con la nuova geometria.

La gestione manuale dei file di geometria avrebbe consumato molto tempo ed esposto il progetto ad un elevato rischio di incorrere in errori umani nell'aggiornamento dei file. Si sono quindi sviluppati degli script di bash che ne assicurassero la corretta gestione, e dei codici in linguaggio python che li aggiornassero tra un'iterazione e l'altra.

3.2.2 Allineamento preliminare

Un primo allineamento viene eseguito dopo la ricostruzione locale delle misure dei detector, ed utilizza unicamente le posizioni delle hit e le *tracklets* locali del VT ricostruite. Questo step è necessario per garantire la ricostruzione di un numero sufficiente di tracce globali da parte del tracciamento globale, necessaria per l'esecuzione dell'algoritmo di allineamento fine. Prima delle prese dati, infatti, le componenti del setup sono montate con incertezze dell'ordine di qualche millimetro; questo non permette la ricostruzione delle tracce da parte del tracciamento di SHOE.

Allineamento del VT, MSD e IT

Per ogni layer di ogni detector, viene ricostruito il profilo del fascio incidente su di esso in coordinate globali, e viene calcolato il valore medio delle hit nelle coordinate x e y. Un fit gaussiano fornisce un'ulteriore stima del centro del fascio su ogni layer (fig. 4.4).

Si impone il centro del fascio sia centrato in $\tilde{\vec{r}} = (0, 0)$ nel piano $x - y$ nel sistema di riferimento globale. Trascurando le rotazioni dei detector, la posizione del centro del fascio in coordinate globali è data dall'espressione:

$$\tilde{\vec{r}} = \tilde{\vec{r}}_0 + \vec{r}_{loc} \tag{3.14}$$

dove $\tilde{\vec{r}}_0$ è la posizione reale del layer in coordinate globali, e $\vec{r}_{loc}$ è il centro del fascio nelle coordinate locali del piano. La media ed il fit gaussiano delle hit restituiscono misure in coordinate globali del centro del fascio $\vec{r}$, esprimibile come:

$$\vec{r} = \vec{r}_0 + \vec{r}_{loc} \tag{3.15}$$

dove $\vec{r}_0$ è l'attuale posizione del layer in coordinate globali. Sottraendo membro a membro le eq. 3.15, 3.14, e risolvendo per $\tilde{\vec{r}}_0$, si ottiene:

$$\tilde{\vec{r}}_0 = \vec{r_0} + (\tilde{\vec{r}} - \vec{r}) = \vec{r_0} - \vec{r} \tag{3.16}$$

Si ha quindi una stima della posizione corretta del layer data dalla differenza tra l'attuale posizione di questo, e la misura, in coordinate globali, del centro del fascio.

Allineamento del TW

Nel caso del TW, il metodo illustrato sopra non permette in generale una stima accurata della posizione

del detector per via della larghezza di 2 cm delle barre di scintillatore plastico di cui è composto. É stato usato quindi un metodo apposito per allineare questo detector. Innanzitutto, vengono considerati unicamente gli eventi in cui il VT ha ricostruito un'unica traccia, ed il TW ha registrato una sola hit. Si calcolano quindi le proiezioni delle tracce locali del VT sul TW nel sistema di coordinate di questo. Per ciascuno dei due assi x e y, si hanno quindi due istogrammi: quello delle hit del TW, con bin di larghezza pari a quella delle barre di 2 cm, e quello delle proiezioni delle tracce locali del VT, con una granularità molto più fine. Per ciascuno dei due assi j, si calcola la differenza $\Delta^j = X^j_{hit} - X^j_{proj}$ tra i centri dei bin con massimo numero di conteggi dell'istogramma delle hit e delle proiezioni lungo l'asse j. Si cerca quindi nell'intervallo $\left[\Delta^j - 1\text{ cm}, \Delta^j + 1\text{ cm}\right]$, a passi di 1 mm, la traslazione della distribuzione delle proiezioni che dia la miglior corrispondenza con quella delle hit. Per fare ciò, dopo che l'istogramma delle proiezioni viene traslato, si esegue un rebinning, in modo che la larghezza dei nuovi bin corrisponda a quella dell'istogramma delle hit del TW di 2 cm. In questo modo, la distribuzione delle proiezioni delle tracce del VT può essere confrontata con quella delle hit registrate, avendo le due la stessa granularità.

Si cercano dunque le traslazioni $\tilde{\Delta}^{x/y}$ che minimizzino la quantità $H^{x/y}$ definita come:

$$H^{x/y} := \sum_{k=0}^{N=20} |Hit_k^{x/y} - Proj_k^{x/y}| \tag{3.17}$$

dove $Hit_k^{x/y}$ e $Proj_k^{x/y}$ sono, rispettivamente, il numero delle hit e delle proiezioni nel bin k-esimo nella rispettiva coordinata x/y. Infine, la posizione del TW viene corretta sottraendo le quantità $\tilde{\Delta}^{x/y}$ così trovate alle sue attuali coordinate. In fig. 3.1 sono riportati gli istogrammi delle hit registrate dal TW, e delle proiezioni delle tracklets ricostruite dal VT nella campagna CNAO2023_ MC lungo l'asse y.

Questo metodo, tuttavia, allinea il TW rispetto al VT invece che al sistema di riferimento globale. Quindi, se il secondo non è allineato, anche il primo risulterà disallineato alla fine di questa procedura. Dunque, il TW deve essere allineato al VT solo dopo che questo è stato allineato al sistema di riferimento globale dell'intero setup. Dopo aver allineato VT, MSD, IT e TW con i metodi illustrati, è possibile eseguire l'algoritmo di allineamento fine presentato nel prossimo paragrafo per i primi tre detector, ed allineare nuovamente il TW rispetto al vertice.

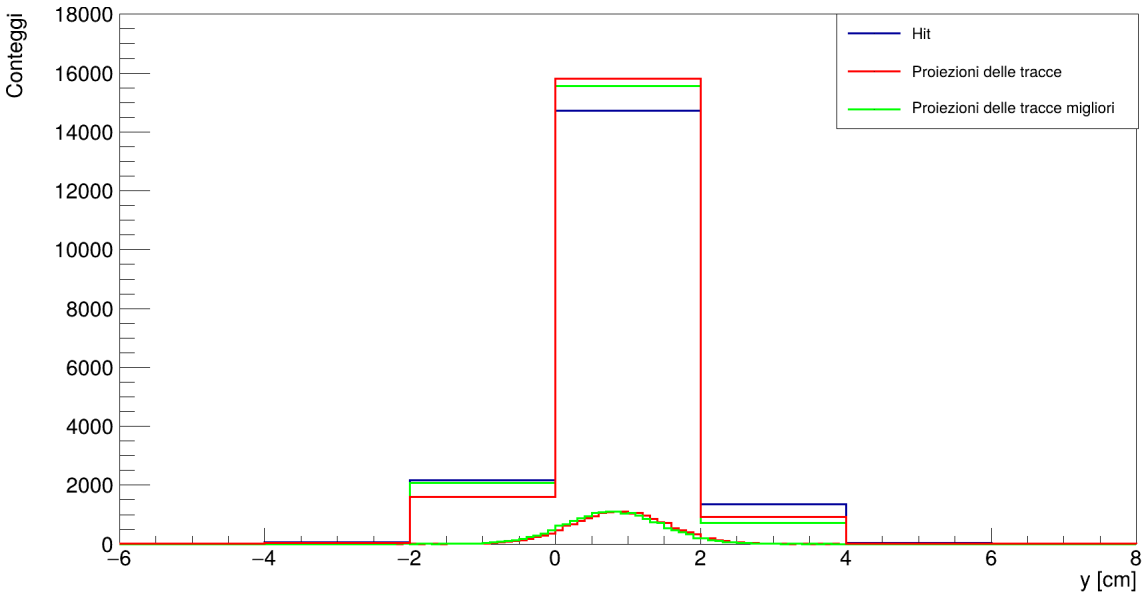


Figura 3.1: Distribuzioni in coordinate locali della coordinata y delle hit sul TW, e delle proiezioni delle tracklets ricostruite dal VT su di esso nella campagna CNAO2023_MC. In blu, la distribuzione delle hit registrate. In rosso, la proiezione originaria delle tracklets. In verde, l'istogramma delle proiezioni traslato che meglio riproduce quello delle hit una volta eseguito il rebinning.

3.2.3 Allineamento Fine

L'allineamento fine dei layer è eseguito con l'algoritmo iterativo descritto nel par. 3.1.2. Ogni iterazione è costituita da una fase di tracciamento, eseguita dall'algoritmo di ricostruzione globale delle tracce di SHOE, e una di allineamento, eseguita con una macro, che legge i dati dal file *.root* prodotto al primo step.

Nel seguito si descrive più nel dettaglio la macro che esegue lo step di allineamento nell'algoritmo di allineamento fine, e l'analisi della qualità delle tracce ricostruite.

Pre-processing

Per prima cosa, vengono determinate le tracce da usare per ogni layer. In un primo ciclo sulle tracce di tutti gli eventi conta quante hanno un $\tilde{\chi}^2$ minore di un valore di soglia di 2.5. In studi precedenti si è infatti trovato che questo valore di soglia per il taglio delle tracce considerate presenta un buon compromesso tra la qualità delle tracce così selezionate, e la loro quantità. Le tracce che soddisfano questo requisito sono chiamate nel seguito tracce *buone*. Se sono presenti almeno 2000 tracce di questo tipo, queste vengono utilizzate per calcolare i residui dei layer, altrimenti, vengono considerate le migliori 2000 tracce. Le tracce determinate in questo modo sono chiamate *valide* nel seguito. In generale, non tutte le tracce hanno una hit associata ad ogni layer. Ciascun sensore ha poi una propria efficienza e accettanza geometrica finita, che può ridurre il campione dei residui associati alle tracce così selezionate. Viene quindi eseguito un secondo ciclo sulle tracce degli eventi, e si contano le hit associate a tracce valide su ogni layer; se queste sono meno di 1800, vengono usate tutte le hit disponibili per quel layer nel calcolo dei residui, altrimenti, sono usati solo quelli associati a tracce valide.

Allineamento e analisi

Segue quindi il ciclo principale sugli eventi, nel quale sono calcolati i residui ed i loro pesi detector per detector e layer per layer. Si ricorda che, in questo contesto, con residuo r si indica la differenza tra la misura della coordinata di una hit su un layer m, e il rispettivo valore ricostruito dal tracciamento globale f: $r := m - f$. L'errore σ_r associato al ogni residuo è dato dalla somma in quadratura degli errori associati alla misura e al valore ricostruito: $\sigma_r = \sqrt{\sigma_m^2 + \sigma_f^2}$, ed il rispettivo peso w_r è dato dall'inverso del suo quadrato: $w_r = 1/\sigma_r^2$. I valori così calcolati, associati alle tracce selezionate allo step precedente, vengono usati per riempire istogrammi di residui pesati, di cui viene eseguito un fit gaussiano (fig. 3.2), e per calcolare progressivamente la media pesata dei residui dei layer. Per ogni coordinata misurata da ogni layer, sono salvate in oggetti di una classe implementata appositamente le informazioni riguardo la sua attuale posizione, la sua traslazione, la media pesata dei residui selezionati, il suo peso totale, l'istogramma dei residui associato e il suo rispettivo fit gaussiano. Inoltre, per ogni layer, si conta il numero di tracce *buone* che hanno una hit su di esso. Vengono riempiti ulteriori istogrammi, contenenti le incertezze associate alle misure dei layer e alle coordinate dei punti delle tracce ricostruite, e la distribuzione del $\tilde{\chi}^2$ delle tracce.

Viene inoltre eseguita un'analisi sull'accuratezza della ricostruzione della quantità di moto dei frammenti. Nello specifico, la quantità di moto dei frammenti ricostruita dal tracciamento globale nel target è confrontata con quella iniziale della simulazione Monte Carlo. Questo è ottenuto salvando le distribuzioni della differenza relativa tra i moduli delle quantità di moto, e della differenza tra gli angoli polari.

Post Processing

I risultati ottenuti allo step precedente vengono quindi scritti su un file di testo. In particolare, sono riportate le posizioni correnti dei layer, la loro attuale traslazione, le correzioni ai parametri di allineamento, dati dalle medie pesate dei residui, il numero di tracce totali ricostruite, quello delle tracce buone e il numero di hit associate ad esse layer per layer. Gli istogrammi prodotti allo step precedente sono salvati in file *.root* per successive analisi.

Idealmente, le distribuzioni dei residui dovrebbero essere gaussiane con una deviazione standard dello

stesso ordine di grandezza dell'incertezza totale sui residui, come mostrato in fig. 3.2 per il primo layer del VT. Tuttavia, a causa della minor risoluzione dei layer del MSD e del TW, le distribuzioni dei residui associate presentano code più lunghe, o picchi distinti, come mostrato in fig. 3.3. Per questo motivo, si è escluso di usare la media risultante dal fit gaussiano per valutare le correzioni delle posizioni dei layer, preferendo attenersi strettamente al formalismo illustrato nel par. 3.1.2, che non richiede particolari ipotesi sulle distribuzioni dei residui.

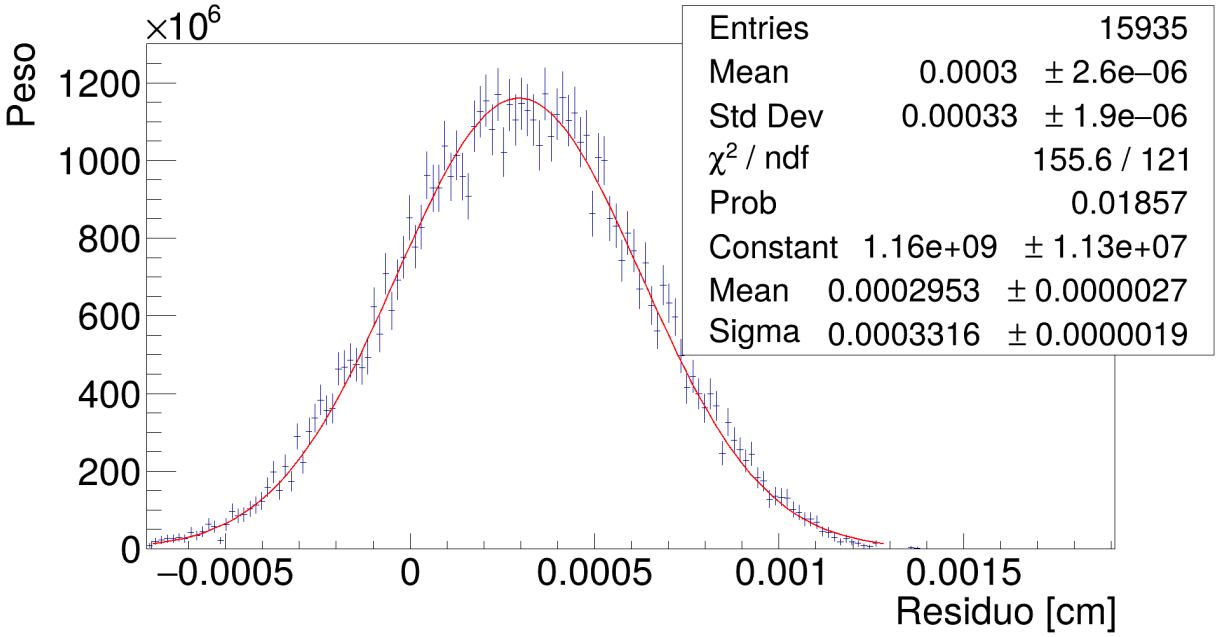


Figura 3.2: Istogramma dei residui pesati con le loro incertezze del primo layer del VT. Nel riquadro, sono riportate le informazioni sulla statistica dell'istogramma ed i parametri del fit gaussiano eseguito. Nella geometria utilizzata, questo layer è stato traslato verso di 8.125 μm.

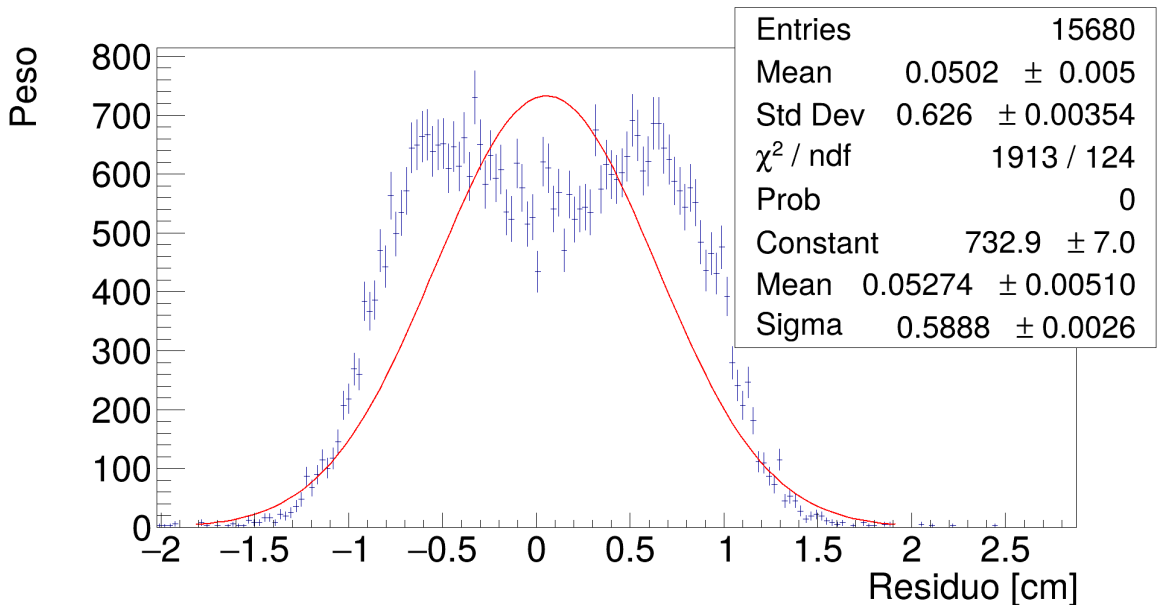


Figura 3.3: Residui pesati del TW lungo l'asse x. Nel riquadro, sono mostrate le informazioni riguardo la statistica dell'istogramma e del fit gaussiano. Questi residui sono stati ottenuti eseguendo il tracciamento con la geometria di *base*.

CAPITOLO 4

ANALISI DEI RISULTATI

Per prima cosa, è stato eseguito un veloce studio sul numero di eventi da utilizzare. Si sono quindi determinati gli obiettivi dell'algoritmo di allineamento studiando il peggioramento dell'efficienza e qualità del tracciamento in funzione delle traslazioni dei layer dei diversi detector. (sez. 4.1).

Quindi, si è valutata l'accuratezza dell'allineamento preliminare layer per layer, presentata nella sez. 4.2.

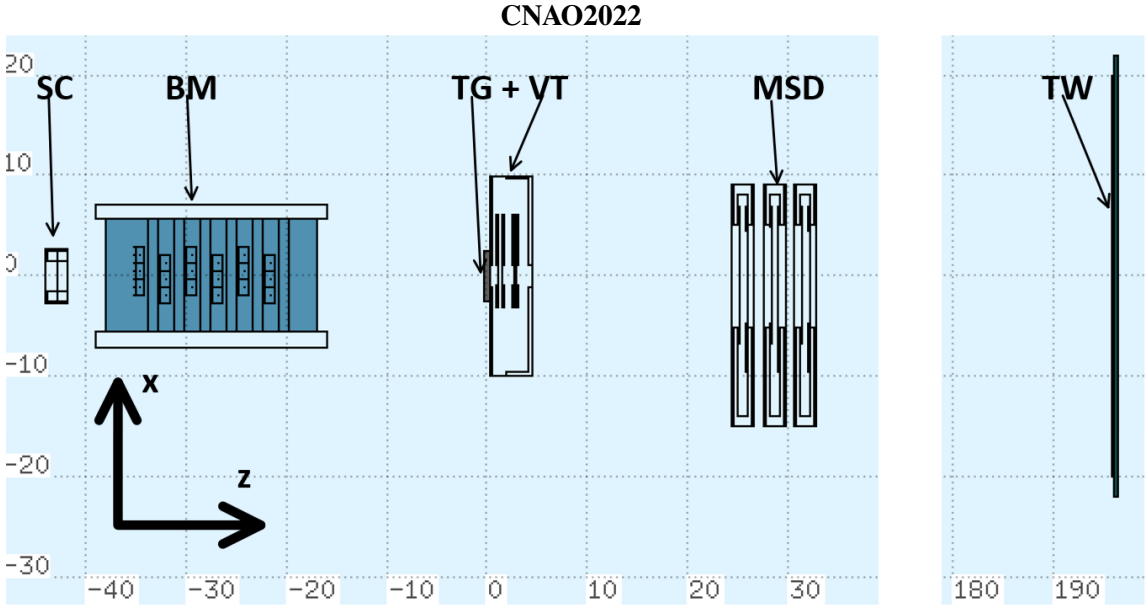
Nella sez. 4.3 è presentata l'analisi dell'algoritmo di allineamento fine. Si sono determinate le minime incertezze residue dopo la sua applicazione, e gli artifici nei parametri di allineamento indotti da esso. L'algoritmo è stato poi applicato a diverse verosimili configurazioni iniziali per le traslazioni dei layer delle campagne di CNAO2022_MC e CNAO2023_MC, e si è studiato il miglioramento delle performance del tracciamento al progredire delle iterazioni.

É stata poi valutata l'influenza di eventuali rotazioni dei layer sul tracciamento, e si è adattato il formalismo delle equazioni normali dei χ^2 dei residui per correggere le rotazioni attorno all'asse z (sez. 4.4).

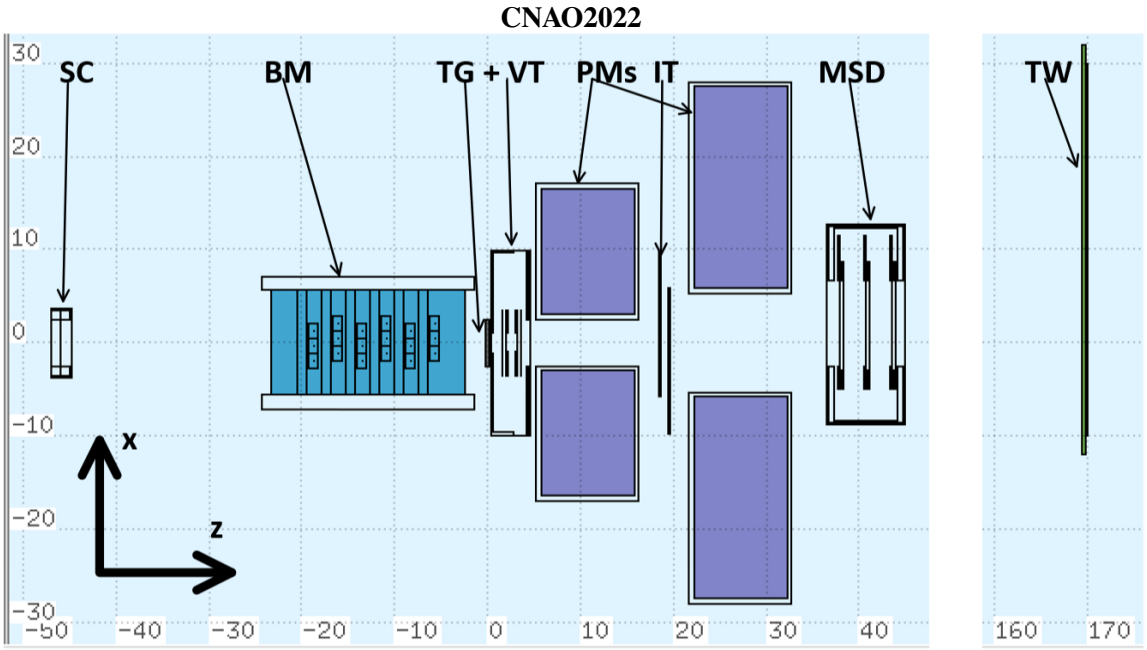
Infine, nella sez. 4.5 sono presentate le prospettive future di eventuali ulteriori studi dedicati all'allineamento dei detector dell'esperimento FOOT.

4.0.1 Simulazioni utilizzate

Per caratterizzare l'algoritmo, si sono usate simulazioni MC di campagne di prese dati del passato, nello specifico, quelle di CNAO2022_MC, run 200, e CNAO2023_MC, run 1. Gli schemi delle disposizioni spaziali dei detector per le due campagne sono riportati, rispettivamente, in fig. 4.1a e 4.1b, dove è omesso il calorimetro in quanto non è considerato nelle presenti analisi. Nella prima campagna, sono assenti i magneti permanenti e l'IT, presenti invece nella seconda. Per la campagna CNAO2023_MC, l'allineamento preliminare per IT, MSD e TW è stato valutato solo per la coordinata y, in quanto il fascio viene deviato lungo l'asse x dal campo magnetico. Durante le prese dati, è possibile sollevare i magneti permanenti dell'apparato sperimentale per eseguire l'allineamento. Questo è necessario per eseguire l'allineamento preliminare, e risulta conveniente per l'allineamento fine, in quanto, rimuovendo il campo magnetico, si eliminano le incertezze associate ai parametri di geometria dei magneti permanenti. In entrambe le campagne, il fascio ha un profilo gaussiano, ed è costituito da ioni di carbonio ^{12}C con energia cinetica di 0.200 GeV/u, incidente su un target di grafite 5 cm $\times$ 5 cm $\times$ 0.5 cm, di densità 1.83 g/cm^3. Nella campagna CNAO2022_MC il profilo del fascio ha uguale deviazione standard nelle direzioni x ed y pari a 0.60 cm. Invece, nella campagna CNAO2023_MC, la deviazione standard del fascio lungo l'asse x è di 0.70 cm, e di 0.87 cm lungo l'asse y. La simulazione della campagna CNAO2022_MC è stata usata per eseguire gli studi inerenti il VT, MSD e TW. Invece, la simulazione della campagna CNAO2023_MC è stata adoperata per caratterizzare l'allineamento dell'IT, e studiare l'impatto dell'allineamento sulla ricostruzione della quantità di moto dei residui.



(a)



(b)

Figura 4.1: Schemi delle disposizioni spaziali dei detector nelle campagne (a) CNAO2022 e (b) CNAO2023 . SC indica lo *'Start Counter'*, BM indica il *'Beam Monitor'*, TG indica il target, VT indica il *'Vertex detector'*, *'PMs'* indica i magneti permanenti, IT indica l'*'Inner Tracker'*, MSD indica il *'Micro-strip Silicon Detector'*, e TW indica il *'Tof-Wall'*.

Per entrambe le simulazioni, si sono considerati 20,000 eventi per avere una statistica sufficiente ai fini dell'allineamento, e tempi di esecuzione dei programmi contenuti. Si è osservato infatti che, con questo numero di eventi, le valutazioni delle correzioni dei parametri di geometria della prima istanza del codice di allineamento fine differivano di pochi punti percentuali da quelle ottenute con 30,000, 50,000, e 100,000 eventi. Le stime ottenute con 5,000 eventi invece differivano da queste fino al 10% del loro valore. Si è dunque deciso di utilizzare 20,000 eventi per ottenere un buon compromesso tra i tempi di esecuzione dei programmi, e l'abbondanza della statistica raccolta. Il computer utilizzato nel lavoro di tesi è dotato di una CPU Intel i7-8700K a 3.70 GHz, 32 GB di RAM e un'architettura x86_64, con sistema operativo Fedora Linux versione 37; su questa macchina, l'esecuzione di 10 iterazioni dell'algoritmo richiede circa

3 ore.

4.0.2 Quantità considerate

Di seguito sono riportate le quantità ritenute di interesse per valutare le prestazioni dell'algoritmo di allineamento sviluppato.

- **Traslazioni dei layer:** al procedere delle iterazioni, si è tenuto traccia delle traslazioni dei layer rispetto alla posizione originale nel piano $X - Y$, perpendicolare alla direzione del fascio. Formalmente la traslazione ΔX_k^j del layer k lungo la coordinata j è definita come:

$$\Delta X_k^j = X_k^j - \tilde{X}_k^j \tag{4.1}$$

  dove X_k^j è la posizione calcolata del centro del layer, ed $\tilde{X}_k^j$ la sua posizione corretta.

- **Allineamento dei detector:** Per tenere traccia dello stato complessivo di allineamento di un intero detector, si è considerata la media dei valori assoluti delle traslazioni dei layer appartenenti ad esso. Formalmente, per un detector i con N layer, nella coordinata j, si è calcolata la quantità:

$$\Delta X_j^i = \frac{1}{N} \sum_{k=0}^{N} |\Delta X_j^k| \tag{4.2}$$

- $\tilde{\chi}^2$ **medio:** il $\tilde{\chi}^2$ medio delle tracce ricostruite fornisce un'indicazione sintetica di massima della qualità complessiva del tracciamento. Formalmente, è dato dall'espressione:

$$< \tilde{\chi}^2 >= \frac{1}{N_{tracks}} \sum_{i=0}^{N_{tracks}} \tilde{\chi}_i^2 \tag{4.3}$$

  dove N_{tracks} è il numero di tracce ricostruite, il cui $\tilde{\chi}^2$ è dato dall'espressione in eq. 2.19.

- **Tracce ricostruite:** ad ogni iterazione dell'algoritmo, viene salvato il numero totale di tracce ricostruite dal tracciamento globale.

- **Tracce buone:** sono le tracce ricostruite con $\tilde{\chi}^2 < 2.5$.

Queste sono le quantità di maggior interesse per valutare l'efficacia dell'allineamento eseguito, il cui scopo ultimo è quello di permettere a SHOE di ricostruire le tracce con una incertezza dovuta unicamente alle prestazioni dei detector, come in assenza di traslazioni. Per ogni layer, e per ogni detector, si conta inoltre il numero di tracce buone che hanno una hit su di esso. Le hit su un layer associate a tracce buone sono chiamate nel seguito *hit buone*. Si definisce quindi la massima traslazione tollerata per ogni layer come la traslazione massima per cui esso partecipa alla ricostruzione di più del 10% delle tracce buone rispetto alla configurazione *base*. L'obiettivo dell'allineamento preliminare è quello di valutare le posizioni dei layer con errori inferiori a questa soglia. Invece, si definisce l'obiettivo di allineamento come la massima traslazione cui può essere soggetto un layer perché partecipi alla ricostruzione di più del 90% delle tracce buone rispetto alla configurazione *base*.

I conteggi delle tracce e delle hit sono sempre rapportati ai rispettivi valori ottenuti nella geometria di base per evidenziare le variazioni dovute unicamente alle traslazioni dei layer dei detector.

4.1 Studi Preliminari

Di seguito sono riportati gli studi preliminari eseguiti, con cui si determinano gli obiettivi di allineamento da raggiungere.

4.1.1 Traslazioni tollerate ed obiettivi

Traslando un layer di un detector, si deteriora la qualità del tracciamento: la distribuzione del $\tilde{\chi}^2$ delle tracce cambia, con un aumento del suo valore medio, conseguentemente, il numero di tracce *buone* diminuisce. I risultati ottenuti per layer diversi appartenenti allo stesso detector sono analoghi, e si è quindi scelto di riportare i risultati inerenti alle traslazioni del primo layer di ogni detector.

VT

In fig. 4.2a si osserva che il numero totale di tracce ricostruite rimane sostanzialmente invariato fino a che il primo layer del VT viene traslato di 300 μm. Tuttavia, il numero di tracce *buone* ricostruite si riduce drasticamente per traslazioni superiori a 16.25 μm. Per traslazioni inferiori a 12.5 μm vengono ricostruite più del 90% delle tracce rispetto alla ricostruzione con la geometria corretta. Secondo le definizioni introdotte nel paragrafo precedente, la massima traslazione tollerata dei layer del VT è di 32.5 μm, mentre l'obiettivo di allineamento è di 12 μm.

IT

Il caso dell'inner tracker è analogo a quello del VT. Circa il 65% delle particelle passano per il primo layer, costituito da una striscia orizzontale di otto sensori. La ricostruzione delle tracce di queste fallisce per traslazioni dell'ordine di 300 μm. La qualità della ricostruzione di queste cala drasticamente per traslazioni superiori a 16.25 μm, mentre per traslazioni inferiori a questa soglia, i sensori della striscia traslata registrano più del 90% di hit associate a tracce *buone* rispetto alla geometria corretta, questo costituisce l'obiettivo di allineamento dei layer dell'IT. La massima traslazione tollerata è invece di 32.5 μm. Solo nel caso dell'IT si ha una significativa differenza tra il numero di tracce *buone* ricostruite, e di hit sul layer traslato per via della limitata accettanza geometrica di questo.

MSD

I layer del MSD hanno una risoluzione spaziale minore rispetto a quelli del VT e dell'IT, e sono dunque meno influenzati da traslazioni nell'ordine delle decine di micrometri. In fig. 4.2c, è mostrato che per traslazioni inferiori a 150 μm, si ha più del 90% delle tracce *buone* ricostruite in condizioni ottimali; questo costituisce quindi l'obiettivo di allineamento dei layer del MSD. Tra i 150 μm e i 600 μm, il numero di tracce *buone* diminuisce fino ad annullarsi quasi completamente. La massima traslazione tollerata è di 450 μm. Il numero totale di tracce ricostruite rimane cotante per traslazioni fino a 3 mm.

TW

Il TW è composto di barre di scintillatore plastico con una pitch di 2 cm. Come mostra la fig. 4.2d, per traslazioni inferiori ad 1 cm, il numero di tracce *buone* ricostruite è maggiore del 90% di quelle ottenute con la geometria corretta, questo costituisce quindi l'obiettivo di allineamento del TW. Invece, il numero totale di tracce ricostruite rimane costante per le traslazioni analizzate fino a 2 cm. Non sono state prese in analisi traslazioni superiori ai 2 cm, in quanto è possibile ottenere una stima della posizione del detector con un'incertezza dell'ordine del millimetro.

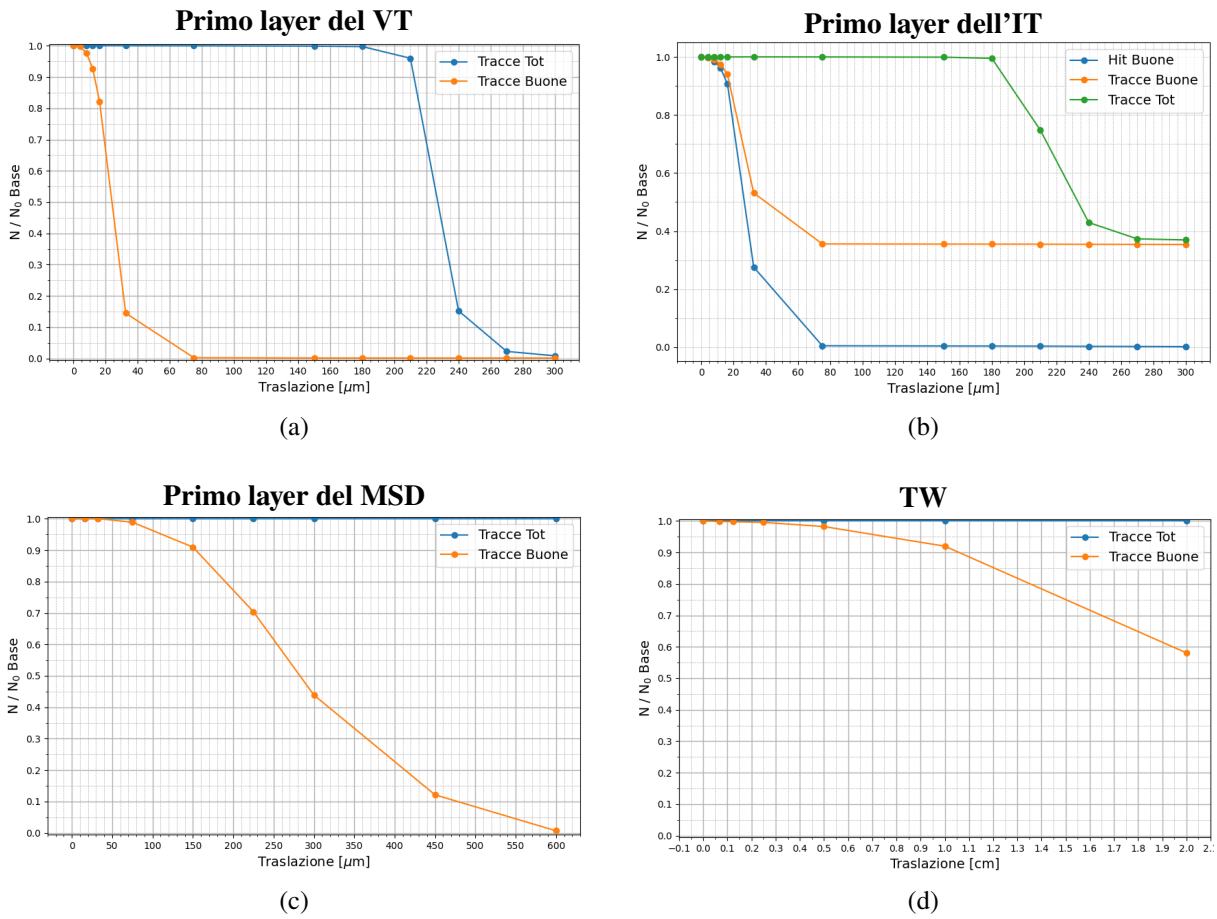


Figura 4.2: Rapporto tra numero di hit, tracce e tracce *buone* ricostruite con una traslazione di un layer dei diversi detector, e le stesse quantità nella geometria base, in funzione della traslazione applicata. Solo per l'IT il numero di hit associato alle tracce *buone* è significativamente diverso dal numero di tracce *buone*. Per il MSD, sono omessi i dati ottenuti per traslazioni superiori ai 600 μm per ottenere una maggiore leggibilità del grafico.

4.2 Analisi dell'allineamento preliminare

L'allineamento preliminare implementato, da eseguire prima del tracciamento, e descritto nel par. 3.2.2, utilizza le coordinate globali delle hit sui layer del VT, IT e MSD per valutarne la posizione. Il TW viene invece allineato rispetto al VT usando le tracklets locali ricostruite da questo. In questo modo, le posizioni dei rivelatori sono valutate con una precisione approssimata, che tuttavia permette all'algoritmo di tracciamento di eseguire una prima ricostruzione delle tracce globali, seppur con un $\tilde{\chi}^2$ non ottimizzato. Senza uno step di allineamento preliminare, l'algoritmo di ricostruzione delle tracce globali di SHOE non sarebbe infatti in grado di ricostruire alcuna traccia visto che il setup sperimentale viene assemblato con incertezze sulle posizioni dei detector dell'ordine dei millimetri.

Nella campagna di CNAO2022_MC non è presente il campo magnetico, ed il fascio è dunque risultare centrato in $(0, 0)$ nel sistema di riferimento globale nel piano $x - y$, perpendicolare alla direzione del fascio. Per questa campagna, sono stati presi in analisi tutti i layer del rispettivo setup. Nella campagna di CNAO2023_MC è invece presente il campo magnetico, e la traiettoria delle particelle ha una curvatura nel piano $x - z$. In questo caso,l'algoritmo di allineamento è stato utilizzato solo per valutare la posizione dei detector lungo l'asse y, non influenzato dal campo magnetico. L'utilizzo delle simulazioni di questa campagna è stato necessario sia per valutare le prestazioni dell'algoritmo per l'IT, che per valutare l'impatto dei parametri di allineamento sulla misura del momento dei frammenti. Comunque, durante le prese dati, i magneti permanenti vengono sollevati per permettere di acquisire un numero sufficiente di

tracce di particelle in assenza di campo magnetico in modo da poter allineare i detector lungo entrambe le direzioni perpendicolari al fascio. É stato inoltre escluso dalle analisi il terzo layer del VT di questa campagna, in quanto i suoi sensori nella metà sinistra hanno registrato un numero di hit molto superiore al numero di eventi simulati come mostrato in fig. 4.3. L'allineamento preliminare è stato testato su una ricostruzione locale per ciascuna delle due campagne, nelle rispettive configurazioni di *base*, senza traslazioni dei layer, che avrebbero unicamente traslato rigidamente il profilo del fascio su di essi. In tal modo, si è ottenuta una stima approssimativa delle incertezza dell'allineamento preliminare, al fine di generare delle configurazioni iniziali verosimili per l'algoritmo di allineamento fine.

La media degli errori commessi sulle stime delle posizioni dei layer del VT è di 17 μm. La posizione di ogni layer del VT può quindi essere valutata individualmente nelle coordinate x ed y con un'incertezza dell'ordine di 20 μm, come mostrato in fig. 4.4a.

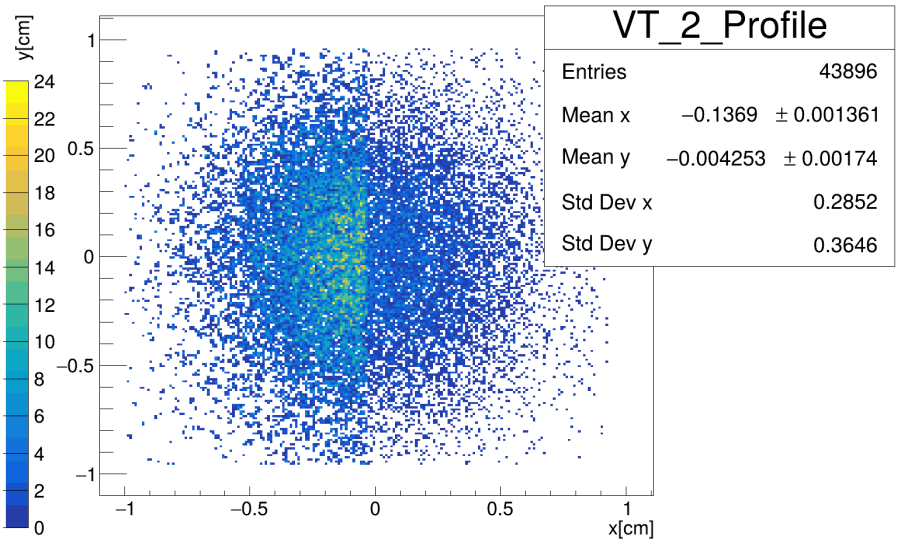
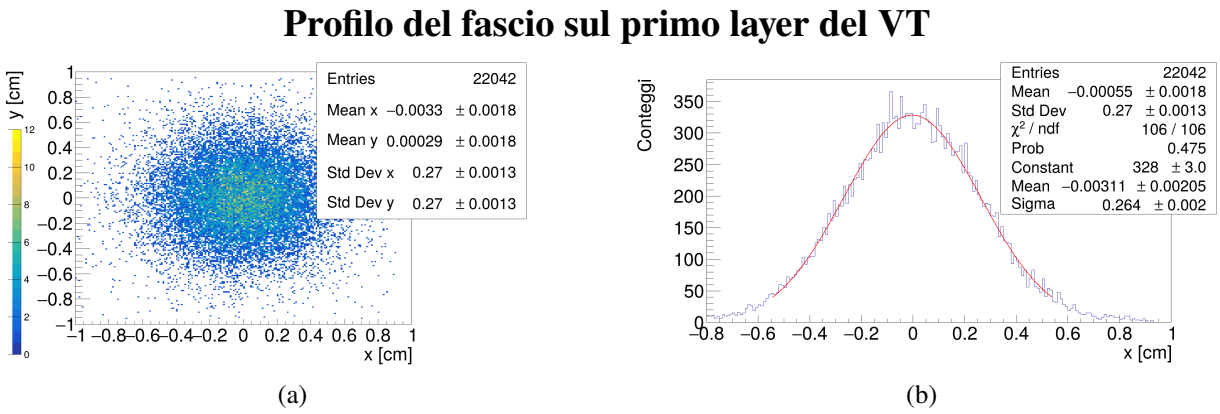


Figura 4.3: Profilo delle hit sul terzo layer del VT nella campagna CNAO2023_MC. Le hit registrate sui sensori di sinistra sono molte di più rispetto a quelle registrate dai sensori di destra.

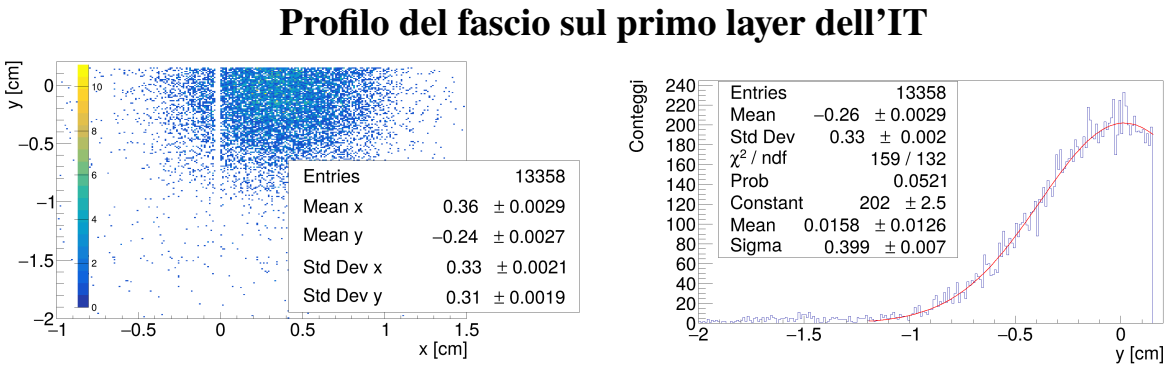


(a) (b)

Figura 4.4: (a) Profilo del fascio in coordinate globali sul primo layer del VT nella campagna CNAO2022_MC. (b) Profilo del fascio in coordinate globali lungo l'asse x sul primo layer del VT nella campagna CNAO2022_MC.

Per l'IT, non è possibile valutare la posizione delle strisce di sensori con un'incertezza inferiore ai 100 μm lungo l'asse y per via della loro limitata accettanza geometrica, come illustrato in fig. 4.5b. É dunque necessario stimare la posizione dell'intero detector nella coordinata y, eseguendo un fit gaussiano della distribuzione delle hit su tutti i suoi layer (fig. 4.6). In questo modo, alla posizione dell'intero detector è

associata un'incertezza dell'ordine di una decina di micrometri. Come si può notare dalla figura, il profilo del fascio misurato da tutti i layer dell'IT non è gaussiano, ma ha un aumento del numero di hit nella parte centrale del detector. Questo è dovuto al fatto che nella parte centrale i layer si sovrappongono di pochi millimetri. Questo porta ad un doppio conteggio delle tracce che passano in quella zona. Il fit gaussiano riesce comunque a fornire una stima abbastanza corretta della posizione del detector. Infatti, l'errore commesso dal parametro del fit gaussiano è dell'ordine di 7 μm, e la posizione stimata ha un'incertezza di $\sim$16 μm. Siccome la meccanica di supporto dei singoli layer del'IT permettono alcuni piccoli movimenti, si è deciso di stimare un'incertezza dell'ordine di 30 μm per le posizioni individuali delle singole strisce.



(a) (b)

Figura 4.5: (a) Profilo del fascio in coordinate globali sul primo layer dell'IT nella campagna CNAO2023_MC. (b) Profilo del fascio in coordinate globali lungo l'asse y sul primo layer dell'IT nella campagna CNAO2023_MC.

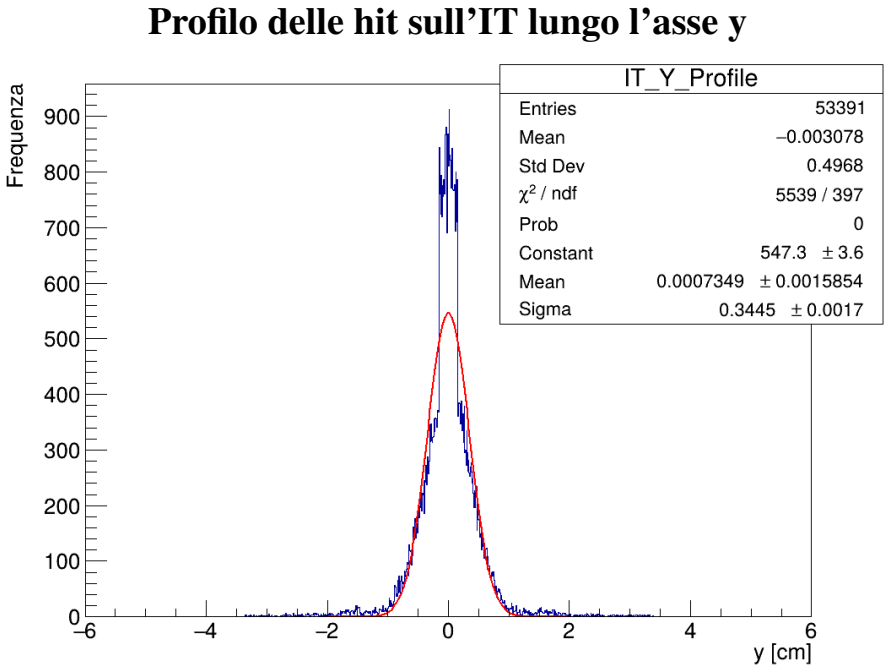


Figura 4.6: Profilo del fascio in coordinate globali lungo l'asse y dell hit sui layer dell'IT nella campagna CNAO2023_MC. Il picco centrale è dovuto alla sovrapposizione parziale dei layer lungo la coordinata y.

La media degli errori commessi nella valutazione delle posizioni dei layer del MSD è di 120 μm. Si è quindi valutato che è possibile determinare la posizione di ogni layer del MSD lungo l'asse perpendicolare alle sue microstrip con un'incertezza dell'ordine di un centinaio di micrometri (fig. 4.7).

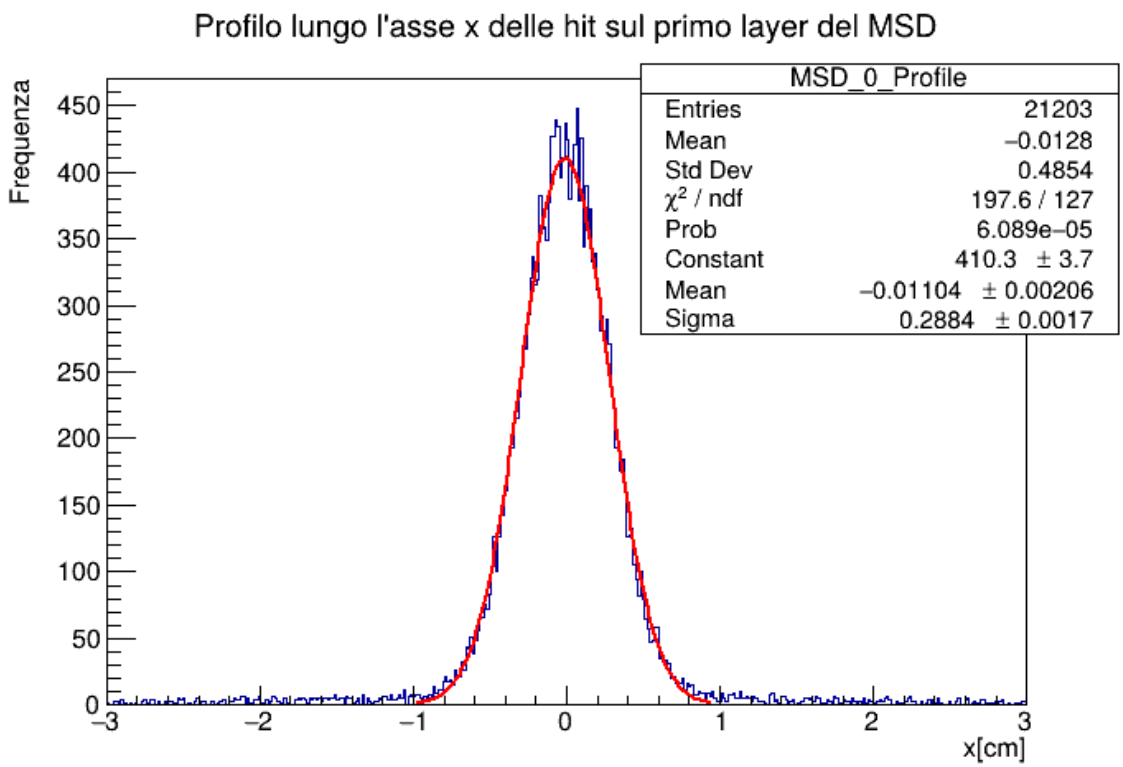
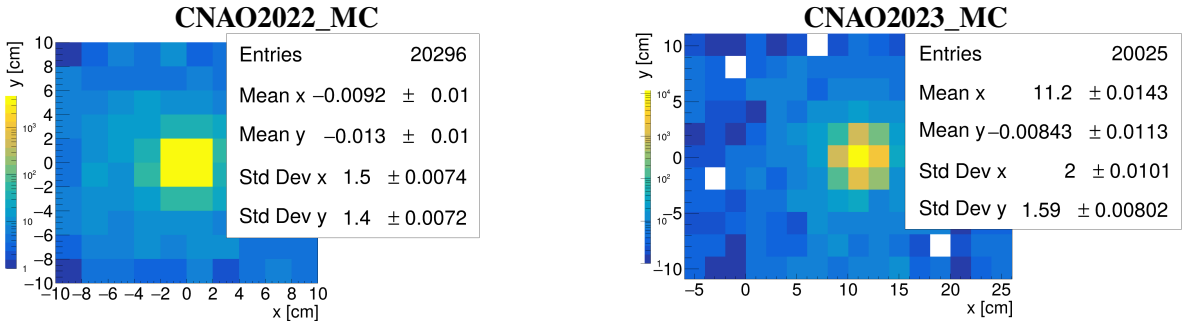


Figura 4.7: Profilo del fascio in coordinate globali lungo l'asse x sul primo layer del MSD nella campagna CNAO2022_MC.

Il TW è stato allineato relativamente al VT usando le *tracklets* locali di questo, come descritto nel par. 3.2.2. Nella campagna CNAO2022_MC, il fascio incideva in mezzo a due barre per entrambi i layer di barre di scintillatore (fig. 4.8a); la stima della sua posizione lungo l'asse x presenta un errore in 1 mm, mentre la stima della posizione lungo l'asse y risulta esatta fino a 1 mm. Nella campagna CNAO23_MC invece, il fascio è centrato su una sola barra per entrambi i layer (fig. 4.8b), la stima della coordinata y presenta un errore di 1 mm. Si è dunque valutato che l'incertezza sulla posizione del TW fornita dall'allineamento preliminare è affetta da un'incertezza dell'ordine di 1 mm, ben al di sotto dell'obiettivo di allineamento di 1 cm. Questa procedura è quindi sufficiente per allineare il TW.



(a) (b)

Figura 4.8: Profilo delle hit sul TW nelle campagne (a) CNAO2022_MC e (b) CNAO2023_MC nelle coordinate globali del setup. La scala di colori india i conteggi dei bin.

Durante le prese dati sperimentali, le prestazioni dell'allineamento preliminare illustrato possono essere ridotte da non idealità del sistema. Ad esempio, il profilo del fascio non è precisamente gaussiano, i sensori sono generalmente affetti da pile up e rumore elettronico, ed hanno un'efficienza limitata. Questi

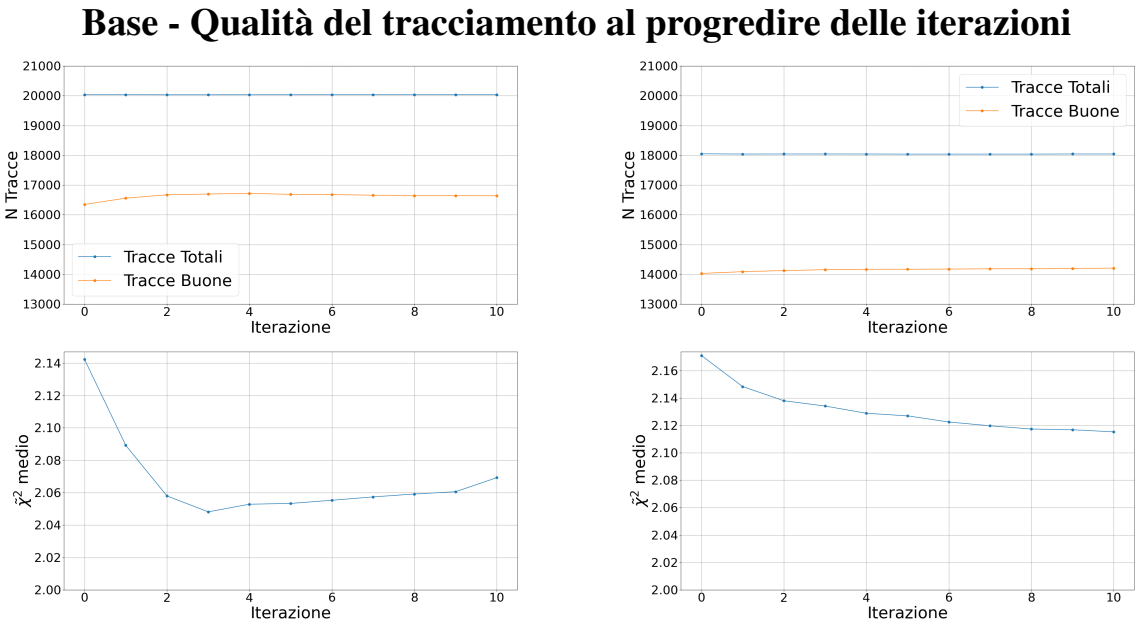
effetti possono alterare la distribuzione delle misure eseguite dai layer, e, conseguentemente, peggiorare le rispettive stime delle loro posizioni. Tuttavia, i risultati dell'allineamento preliminare sono ben migliori delle prestazioni richieste nel par. 4.1.1.

4.3 Analisi dell'allineamento Fine

4.3.1 Effetti dell'algoritmo di allineamento sulla configurazione di *base*

Per valutare la massima risoluzione dell'algoritmo di allineamento fine, si sono eseguite dieci iterazioni su ricostruzioni globali eseguite in configurazioni iniziali prive di traslazioni. I dati riportati si riferiscono alle campagne di simulazione Monte Carlo CNAO2022_MC e CNAO2023_MC.

In fig. 4.9 si osserva un aumento del numero di tracce *buone* ricostruite al progredire delle iterazioni nell'ordine di poche centinaia di conteggi per entrambe le campagne, ed una diminuzione dei valori medi dei $\tilde{\chi}^2$. Quindi, in generale, il $\tilde{\chi}^2$ associato ai residui (eq. 3.3), e quello calcolato da GENFIT (eq. 2.18), non sono minimizzati dai corretti parametri di geometria. Anche quando tutti i layer hanno posizione nominale corretta, la media dei residui pesati delle tracce ricostruite non è nulla. Questo artefatto è dovuto alla risoluzione finita delle misure dei detector, e al metodo di ricostruzione delle tracce di SHOE. Tuttavia, le traslazioni indotte in questo modi sui layer del VT, MSD, ed IT dopo dieci iterazioni sono al di sotto delle soglie stabilite nel paragrafo precedente (4.1.1), e si ha un aumento inferiore al 3% del numero di tracce *buone*.

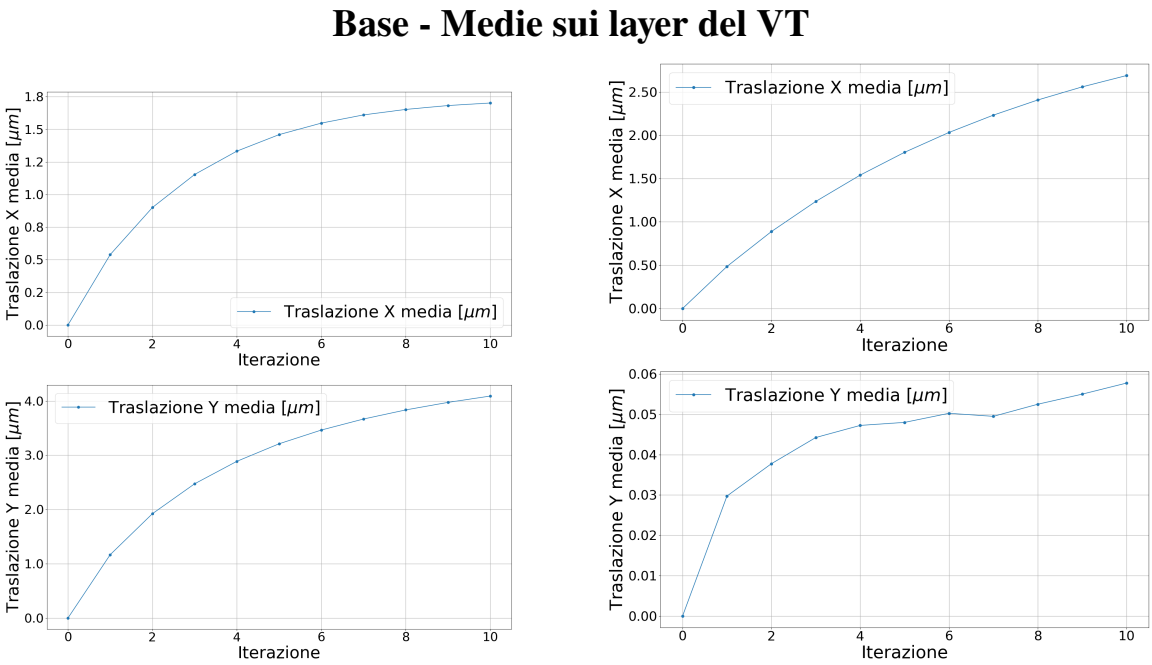


(a) **CNAO2022_MC**. (b) **CNAO2023_MC**

Figura 4.9: Variazione del numero di tracce ricostruite e del $\tilde{\chi}^2$ medio al progredire delle iterazioni dell'algoritmo di allineamento fine applicato a ricostruzioni globali eseguite con la geometria di *base* per le campagne CNAO2022_MC, e CNAO2023_MC.

In fig. 4.10a è mostrato che dopo dieci iterazioni per la campagna CNAO2022_MC, in media, l'algoritmo ha indotto traslazioni sui layer del VT di circa 2 e 4 μm rispettivamente lungo la direzione x ed y. La traslazione massima ottenuta per un singolo layer in una direzione è invece dell'ordine dei 5 μm. Per la campagna CNAO2023_MC, si osserva che la traslazione indotta lungo l'asse y è inferiore al decimo di micrometro; questo è dovuto alla presenza dell'IT in questa campagna.

Per l'IT, l'ampiezza media delle traslazioni indotte dopo dieci iterazioni risulta inferiore ad 1 μm (fig. 4.11).



(a) **CNAO2022_MC**.

(b) **CNAO2023_MC**

Figura 4.10: Variazione dell'ampiezza media delle traslazioni dei layer del VT al progredire delle iterazioni dell'algoritmo di allineamento fine applicato a ricostruzioni globali eseguite con la geometria di *base* per le campagne CNAO2022_MC, e CNAO2023_MC.

Per il MSD, che ha una pitch di misura di circa 40 μm, l'algoritmo induce maggiori traslazioni sui singoli layer, che sono in media nell'ordine di una decina di micrometri. In questo caso, non si osservano sostanziali differenze tra le due campagne (fig. 4.12), e la massima traslazione osservata è di circa 25 μm.

In base alle analisi sopra menzionate, le traslazioni introdotte dall'algoritmo dopo dieci iterazioni risultano inferiori alle soglie riportate nella sez. 4.1, e alle incertezze sulle posizioni dei detector dopo l'allineamento preliminare analizzato nella sez. 4.2.

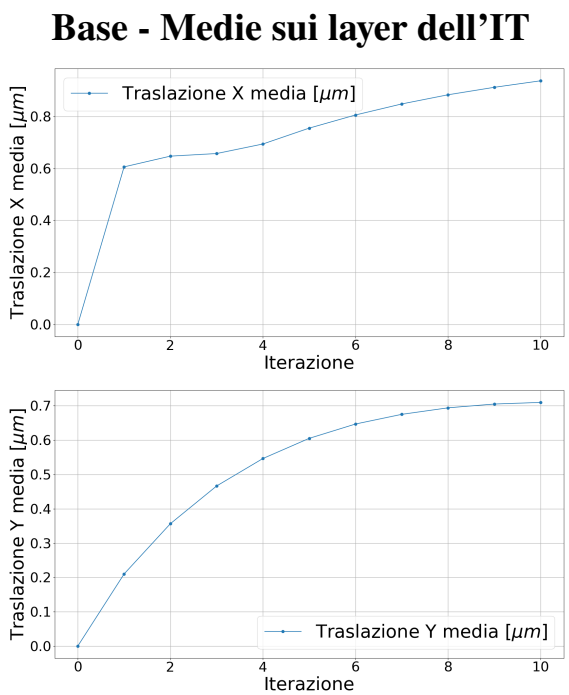
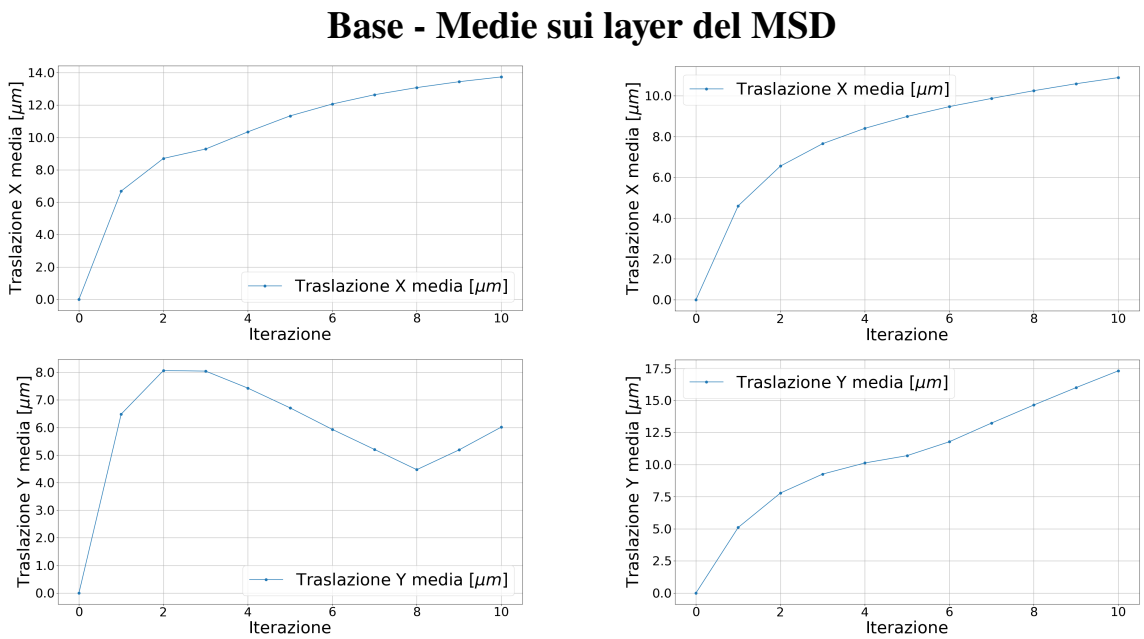


Figura 4.11: Variazione dell'ampiezza media delle traslazioni dell'IT al progredire delle iterazioni dell'algoritmo di allineamento fine applicato alla ricostruzione globale eseguita con la geometria di *base* per la campagna CNAO2023_MC.



(a) **CNAO2022_MC**. (b) **CNAO2023_MC**

Figura 4.12: Variazione dell'ampiezza media delle traslazioni dei layer del MSD al progredire delle iterazioni dell'algoritmo di allineamento fine applicato a ricostruzioni globali eseguite con la geometria di *base* per le campagne CNAO2022_MC, e CNAO2023_MC.

4.3.2 Effetti secondari dell'algoritmo

Traslazioni indotte su layer dello stesso detector
Si è visto che, quando è presente una traslazione di un layer, il calcolo della media pesata dei residui corregge la traslazione di questo solo parzialmente. Inoltre, l'algoritmo ne induce altre, pari a circa la metà della traslazione iniziale, sugli altri piani dello stesso detector, soprattutto su quelli immediatamente precedenti o successivi. Se ad esempio un layer del VT è traslato nel verso positivo dell'asse x, l'allineamento implementato ne corregge la posizione traslandolo progressivamente nel verso negativo, mentre gli altri layer vengono traslati nel verso positivo, come mostrato in fig. 4.13. Questo effetto è causato da un bias nel tracciamento dovuto alla traslazione iniziale, in cui le tracce ricostruite passano nel mezzo delle hit associate ad esse. Tale fenomeno diventa particolarmente evidente quando solo un layer è traslato inizialmente, e limita l'accuratezza della stima dei parametri di allineamento. Nel seguito, le figure 4.13, 4.14, 4.15 illustrano l'induzione di tali traslazioni tra i layer del VT, IT e MSD. Complessivamente, per tutti i detector, le posizioni dei layer variano via via più lentamente al progredire delle iterazioni, fino ad assestarsi a valori pressoché costanti.

In particolare, quando il primo layer del VT è traslato inizialmente di 32.5 μm, l'algoritmo introduce traslazioni sul secondo layer fino a un massimo di 14 μm, raggiunto alla seconda iterazione. Dopo 12 iterazioni, sul primo layer rimane una traslazione di circa 12.5 μm, mentre sul secondo di circa 11 μm (fig. 4.13). La situazione è simile per l'IT: quando il primo layer è traslato inizialmente di 32.5 μm, quello posto dietro di esso raggiunge una traslazione massima di circa 12.5 μm. Dopo 12 iterazioni, le traslazioni residue sono di circa 10 e 7 μm rispettivamente (fig. 4.14). Traslando invece il primo layer del MSD di 150 μm, dopo 12 iterazioni, la traslazione iniziale è ridotta a circa 55 μm. Contemporaneamente, l'algoritmo introduce una traslazione che raggiunge i 50 μm dopo 12 iterazioni sul terzo layer del MSD (fig. 4.15).

Traslazioni indotte dal VT sul MSD
Per la campagna CNAO2022_MC, si è poi osservato che traslazioni su layer individuali del VT inducono traslazioni sui layer del MSD. Nello specifico, traslando il primo o il secondo layer del VT nel verso positivo dell'asse x, tutti i layer del MSD vengono traslati nel verso negativo. Se invece viene traslato il terzo o il quarto layer, quelli vengono traslati nel verso positivo. Inoltre, l'ampiezza della traslazione dei layer del MSD aumenta all'aumentare della distanza dal VT. In questi casi, le tracce rettilinee ricostruite da GENFIT vengono stortate rispetto alla loro direzione originaria. Nonostante ciò, il $\tilde{\chi}^2$ delle tracce ricostruite diminuisce significativamente, e le traslazioni sui layer del VT vengono corrette di più della metà del loro valore iniziale. Quando ad esempio il primo layer del VT è traslato di 150 μm, i layer del MSD subiscono traslazioni dell'ordine di 200 μm come mostrato in fig. 4.16. La stima iniziale delle posizioni dei layer del VT, fornita dell'allineamento preliminare, può presentare errori dell'ordine di un centinaio di micrometri quando sono presenti particolari disomogeneità nell'efficienza e rumore di background dei sensori di un layer del VT. In fig. 4.3 è riportato ad esempio il profilo delle hit registrate sul terzo layer del VT nella campagna CNAO2023_MC. In questo caso, i sensori di sinistra registrano molte più hit di quelli di destra. Di conseguenza, sia la media delle coordinate x delle posizioni registrate, che il loro fit gaussiano, restituiscono una correzione da applicare sul layer che differisce dal valore corretto di circa 100 μm.

Si è però verificato che è possibile correggere iterativamente le posizioni dei layer del VT senza aggiornare la posizione del MSD. In questo modo, è possibile correggere in un primo momento elevate traslazioni iniziali sui layer del VT, senza indurne su quelli del MSD.

Traslazioni introdotte dall'algoritmo in 100 iterazioni
Eseguendo cento iterazioni dell'algoritmo a partire dalla configurazione di *base* di CNAO2022_MC, si è osservato che questo introduce traslazioni significative sui layer del VT e del MSD, come illustrato in fig. 4.17. Dopo qualche decina di iterazioni, il terzo e il quarto layer del VT vengono traslati nel verso negativo dell'asse y di una decina di micrometri, mentre i layer del MSD subiscono traslazioni dell'ordine

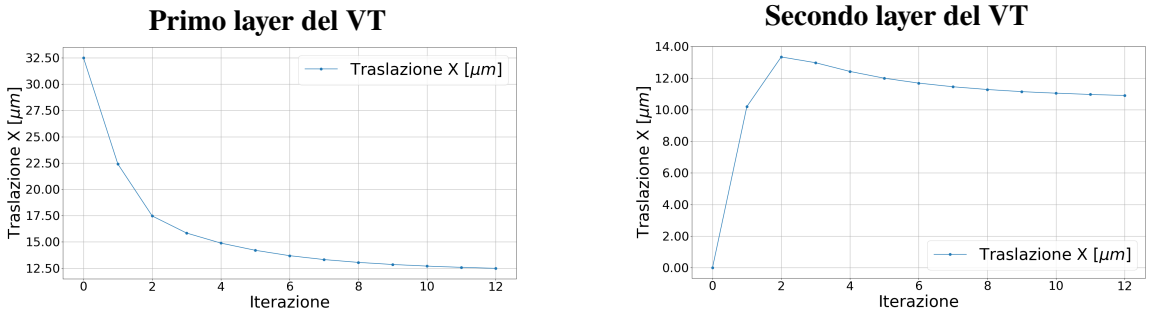
di 200 μm nello stesso verso. Anche in questo caso, sembra che il tracciamento ricostruisca tracce storte, inducendo progressivamente traslazioni sul VT e il MSD. Le tracce *buone* ricostruite aumentano rapidamente nelle prime iterazioni, per poi diminuire lentamente, rimanendo comunque in numero superiore a quello ottenuto con la geometria di *base*. I valori delle traslazioni indotte variano linearmente dopo una decina di iterazioni, e divergono al progredire dell'algoritmo.

Non è stato trovato un criterio per evitare questo fenomeno: ad ogni iterazione, le traslazioni indotte sono dell'ordine di pochi micrometri per il MSD, e sono inferiori al micrometro per il VT. Esse risultano quindi irrilevanti ad ogni step, ma il loro effetto cumulativo risulta in traslazioni maggiori degli obiettivi preposti.

Non è dunque possibile eseguire un numero arbitrario di iterazioni per correggere i parametri di geometria, ma, eseguendo 10 iterazioni o meno, le traslazioni indotte dall'algoritmo risultano inferiori agli obiettivi di allineamento, e alle traslazioni attese dopo il solo allineamento preliminare, come mostrato nel paragrafo precedente (4.3.1).

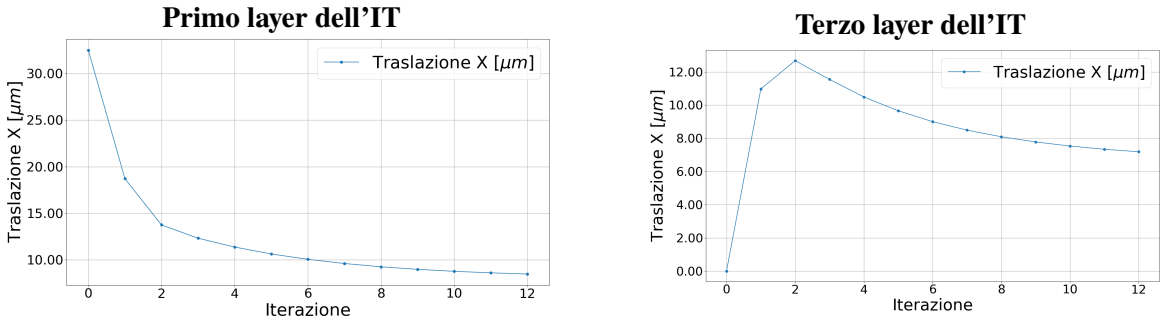
Anche per la campagna CNAO2023_MC, la differenza tra i parametri di geometria dei layer, ed i rispettivi valori corretti aumenta al progredire dell'algoritmo, con un andamento tipicamente lineare dopo poche decine di iterazioni, come mostrato in fig. 4.18. Tuttavia, le differenze rimangono contenute. In media, l'ampiezza delle traslazioni dei layer del VT rimane inferiore ai 3.5 μm, le traslazioni dell'IT sono dell'ordine di 1 μm, e quelle del MSD raggiungono i 60 μm dopo cento iterazioni. La presenza dell'IT limita, in questo caso, l'induzione di traslazioni da parte dell'algoritmo, migliorando l'accuratezza del tracciamento. Le traslazioni introdotte dall'algoritmo risultano quindi inferiori alle soglie stabilite nella sez. 4.1 e alle incertezze attese dopo l'allineamento preliminare dei layer nella sez. 4.2 anche dopo cento iterazioni.

Per evitare gli artifici introdotti quando da un numero elevato di iterazioni, si può fermare l'algoritmo dopo una decina di queste. Come mostrato nel par. 4.1.1 infatti, le traslazioni introdotte dall'algoritmo in 10 iterazioni sono ben al di sotto degli obiettivi di allineamento prestabiliti, ed è in questo modo possibile correggere le posizioni dei detector, ottenendo le prestazioni ottimali del tracciamento.



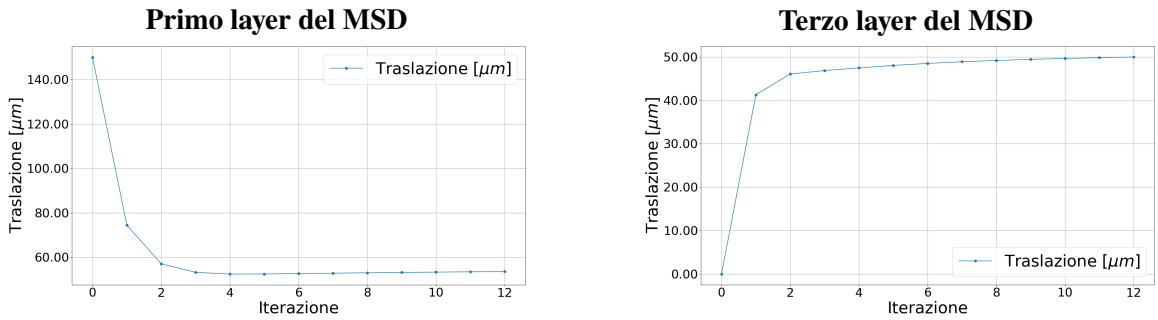
(a) (b)

Figura 4.13: (a) Traslazione del primo layer del VT, inizialmente traslato di 32.5 μm lungo l'asse x, al progredire delle iterazioni. (b) Traslazione indotta sul secondo layer del VT.



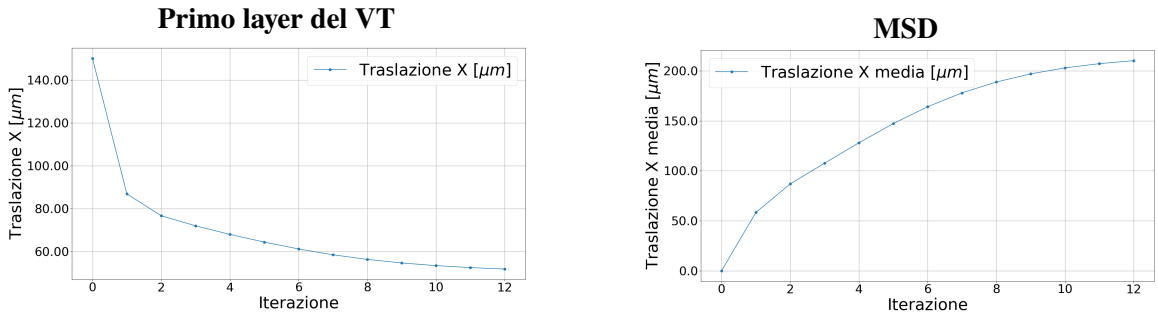
(a) (b)

Figura 4.14: (a) Traslazione del primo layer del IT, inizialmente traslato di 32.5 μm lungo l'asse x, al progredire delle iterazioni. (b) Traslazione indotta sul terzo layer dell'IT. In questo contesto, si ricorda che il terzo layer dell'IT corrisponde alla strip di otto sensori posta dietro alla prima.



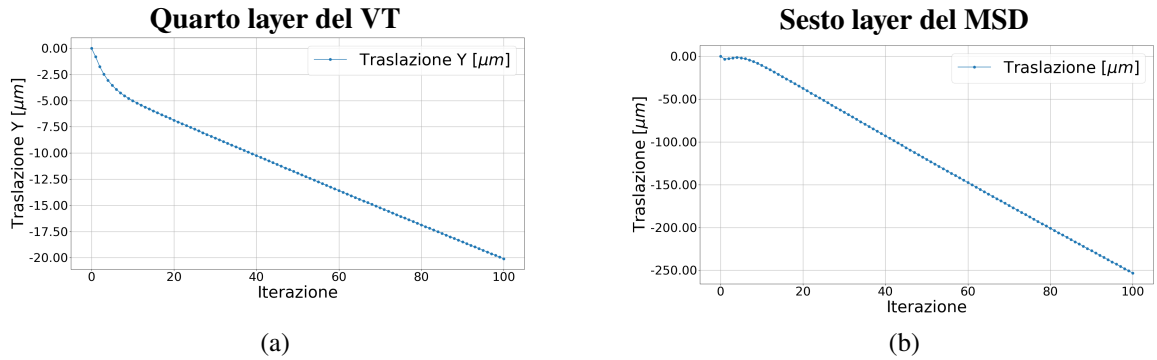
(a) (b)

Figura 4.15: (a) Traslazione del primo layer del MSD, inizialmente traslato di 150 μm lungo l'asse x, al progredire delle iterazioni. (b) Traslazione indotta sul terzo layer del MSD. Il terzo layer del MSD è quello più vicino a quello traslato che dà misure lungo l'asse x.



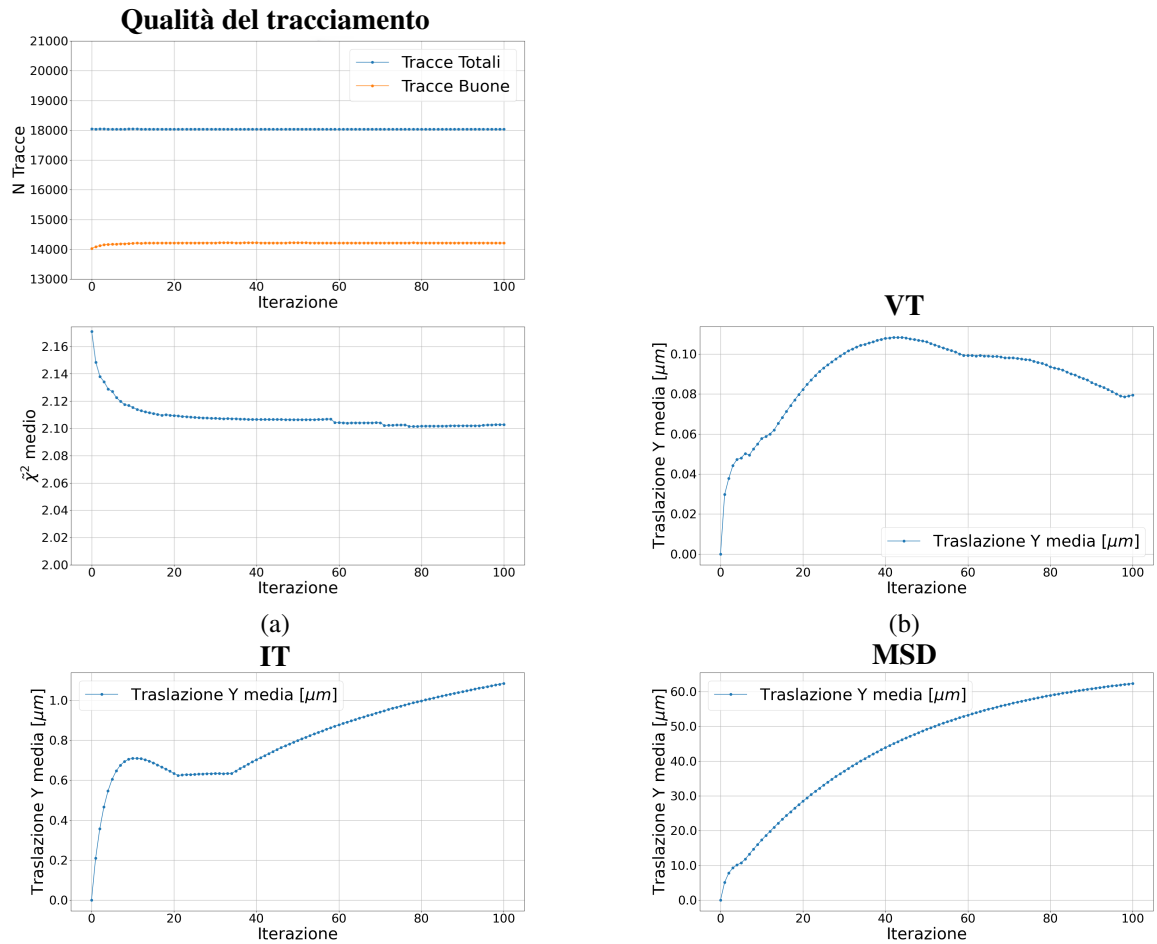
(a) (b)

Figura 4.16: (a) Traslazione del primo layer del VT, inizialmente traslato di 150 μm lungo l'asse x al progredire delle iterazioni. (b) Ampiezza media delle traslazioni indotte lungo l'asse x dei layer del MSD.



(a) (b)

Figura 4.17: Traslazioni introdotte dall'algoritmo di allineamento fine nelle prime cento iterazioni per la campagna CNAO2022_MC. (a) Traslazione lungo l'asse y del quarto layer del VT. (b) Traslazione lungo l'asse y del sesto layer del MSD.



(a) (b) (c) (d)

Figura 4.18: Qualità del tracciamento, e traslazioni introdotte dall'algoritmo di allineamento fine nelle prime cento iterazioni per la campagna CNAO2023_MC. (a) Qualità del tracciamento (b) Ampiezza media delle traslazioni nella direzione y dei layer del VT. (c) Ampiezza media delle traslazioni nella direzione y dei layer dell'IT. (d) Ampiezza media delle traslazioni nella direzione y dei layer del MSD.

4.3.3 Allineamento e miglioramento del tracciamento

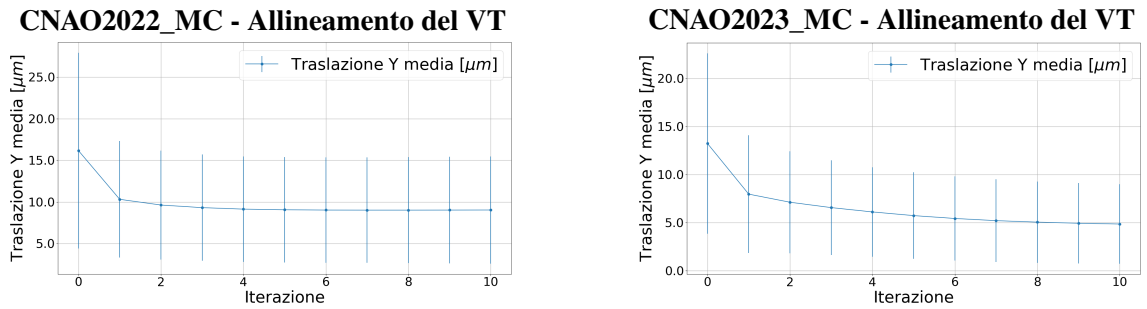
L'allineamento fine è stato testato su 18 set di traslazioni iniziali per le campagne CNAO2022_MC e CNAO2023_MC. Per ciascuna delle due campagne, si è eseguita una sola simulazione con FLUKA, su cui è stata eseguita la ricostruzione locale con la geometria di *base*. Per ogni configurazione iniziale dei detector, si sono quindi modificate le coordinate nominali dei layer nei file di geometria, e si è eseguita la prima ricostruzione globale. In questa fase, vengono lette le informazioni locali dei detector, e le coordinate locali delle misure eseguite vengono trasformate in coordinate globali per eseguire il tracciamento. In questo modo, le misure espresse in coordinate globali risentono delle traslazioni dei layer, come avviene per i dati sperimentali quando il sistema è disallineato. In altri termini, la geometria di base della simulazione e delle ricostruzione locale è, in questo contesto, l'analogo della reale configurazione del set-up sperimentale delle prese dati. Le posizioni dei layer nelle configurazioni iniziali, che differiscono da quella di base, sono il corrispettivo delle posizioni nominali assegnate ai layer in seguito all'allineamento preliminare. Si è quindi applicato l'algoritmo di allineamento fine per dieci iterazioni, aggiornando ogni volta i file di geometria con i risultati ottenuti allo step di allineamento precedente, prima di eseguire la nuova ricostruzione globale.

Le traslazioni iniziali dei layer sono state estratte da distribuzioni gaussiane centrate in 0, con deviazione standard data da una stima approssimativa della rispettiva incertezza dell'allineamento preliminare.

Quindi, sulla base delle analisi svolte nella sez. 4.2, le deviazioni standard delle gaussiane da cui si sono estratte le traslazioni iniziali dei layer sono, rispettivamente, di 20 μm per quelli del VT, di 100 μm per quelli del MSD, di 30 μm per quelli dell'IT, e di 1 mm per il TW. In questo modo, si sono ottenute, per ogni campagna, 18 configurazioni iniziali distinte, che presentano degli errori sulle posizioni nominali dei layer verosimili dopo il solo allineamento preliminare.

I grafici riportati nel seguito riportano l'evoluzione media delle quantità di interesse per caratterizzare la qualità dell'allineamento e del tracciamento delle 18 configurazioni iniziali. Le barre di errore associate sono pari alla deviazione standard dei valori usati per il calcolo della rispettiva media.

In entrambe le campagne, i valori medi delle ampiezze delle traslazioni diminuiscono monotonamente, e, dopo dieci iterazioni, sono inferiori a 10 μm (fig. 4.19a, 4.19b).



(a) (b)

Figura 4.19: Valori medi delle ampiezze delle traslazioni dei layer del VT per le due campagne. Le barre d'errore sono date dalla deviazione standard del campione di 18 valori con cui è stata calcolata la rispettiva media.

Le traslazioni iniziali dei layer dell'IT sono state estratte da una distribuzione gaussiana centrata in 0 con deviazione standard di 30 μm. Dopo dieci iterazioni, in media, l'ampiezza delle traslazioni risulta inferiore a 15 μm (fig. 4.20).

Le traslazioni iniziali dei layer del MSD sono state estratte da una distribuzione gaussiana centrata in 0 con deviazione standard di 100 μm. Dopo dieci iterazioni, in media, l'ampiezza delle traslazioni dei layer è inferiore a 40-60 μm (fig. 4.21a, 4.21b). In entrambe le campagne, l'andamento dei parametri di allineamento dei layer non era sempre monotono, come illustrato in fig. 4.22.

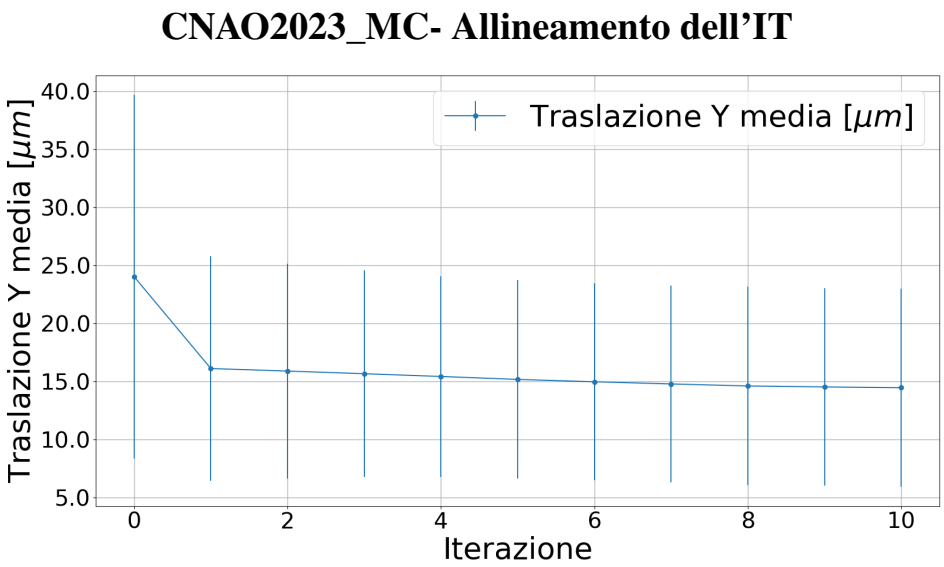
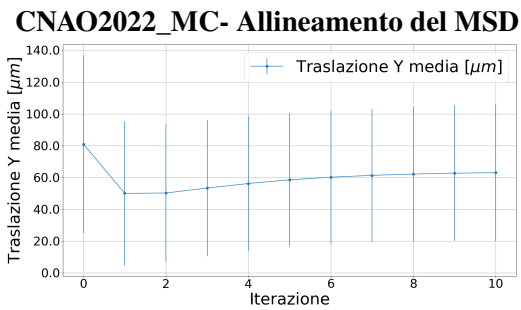
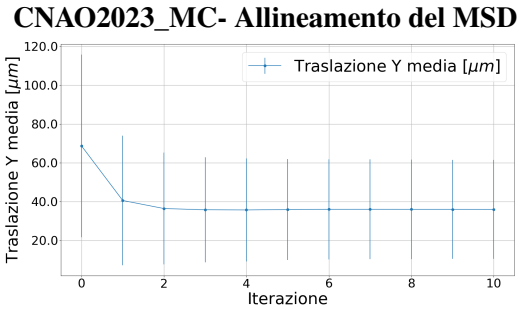


Figura 4.20: Valori medi delle ampiezze delle traslazioni dei layer dell'IT per la campagna CNAO2023_MC. Le barre d'errore sono date dalla deviazione standard del campione di 18 valori con cui è stata calcolata la rispettiva media.



(a)



(b)

Figura 4.21: Valori medi delle ampiezze delle traslazioni dei layer del MSD per le due campagne. Le barre d'errore sono date dalla deviazione standard del campione di 18 valori con cui è stata calcolata la rispettiva media.

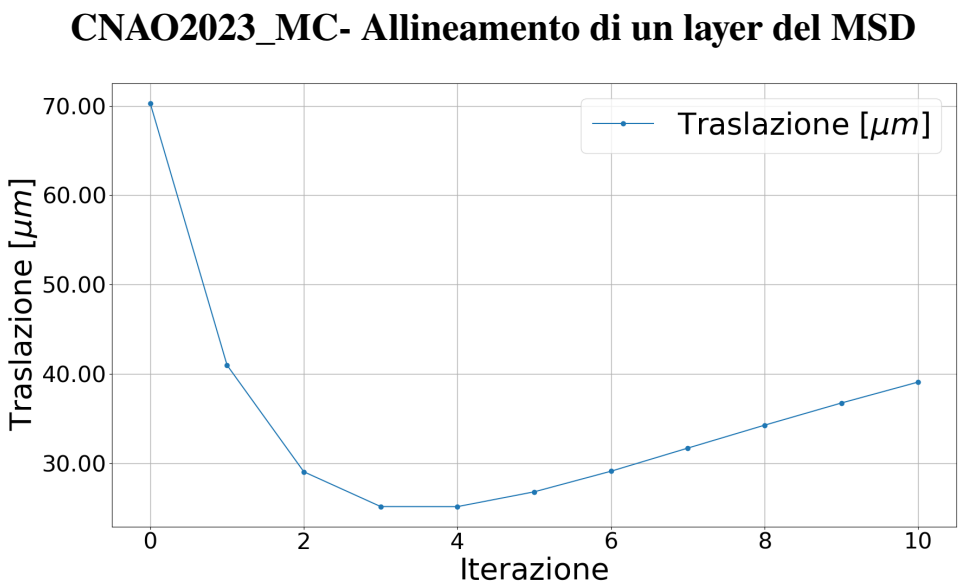


Figura 4.22: Traslazioni lungo l'asse y del quinto layer del MSD in una configurazione della campagna CNAO2023_MC.

Nella tab. 4.1 è riportata la sintesi delle analisi eseguite per i parametri di allineamento dei diversi detector. Per tutti i detector, si è valutato che l'allineamento preliminare è in grado di stimare la posizione dei rispettivi layer con un'incertezza inferiore alla rispettiva traslazione tollerata, definita nel par. 4.1.1.Per il VT, l'IT e il MSD, l'algoritmo di allineamento fine, in media, è in grado di valutare le posizioni dei rispettivi layer con un errore inferiore agli obiettivi definiti nel par. 4.1.1.

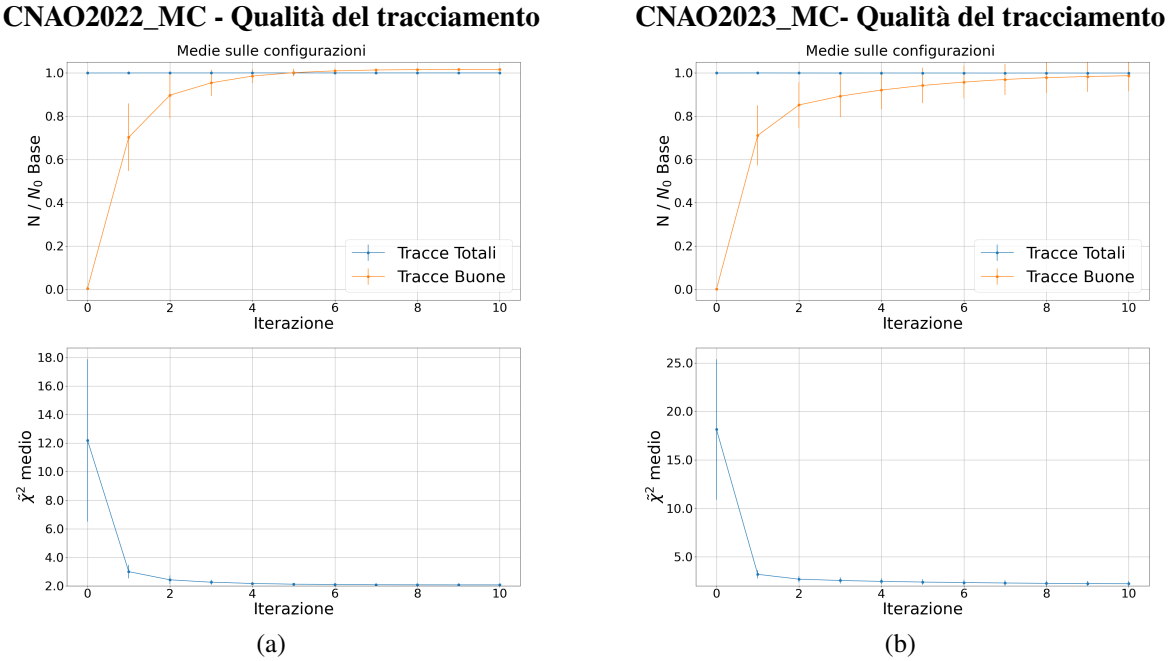
Sintesi dei risultati ottenuti

Detector	Allineamento preliminare		Allineamento fine	
	Obiettivo	Risultato	Obiettivo	Risultato
VT	<32.5 μm	20 μm	<12 μm	10μm
IT	<32.5 μm	30 μm	<16.5 μm	15 μm
MSD	<450 μm	100 μm	<150 μm	60 μm
TW	<2 cm	1 mm	<1 cm	/

Tabella 4.1: Riassunto delle analisi eseguite per l'allineamento dei layer dei detector dell'esperimento FOOT. Gli obiettivi per l'allineamento preliminare e fine sono definiti nella sez. 4.1. I risultati dell'allineamento preliminare sono presentati nella sez 4.2, mentre quelli dell'allineamento fine sono illustrati nel par. 4.3.3.

Dopo dieci iterazioni dell'algoritmo di allineamento fine, in media, si ha almeno lo stesso numero di tracce *buone* ottenute dal tracciamento nella configurazione di *base* senza traslazioni (fig. 4.23a, 4.23b). Solo in una configurazione di CNAO2023_MC ciò non si è verificato a causa del mancato allineamento del VT e dell'IT. Per la campagna di CNAO2022_MC, dopo cinque iterazioni, il numero di tracce *buone* medio è maggiore che nella configurazione di *base*. Questo indica che l'algoritmo riduce progressivamente i residui delle tracce. I parametri di geometria e di traccia trovati risultano in residui inferiori a quelli ottenuti nella geometria di *base*. Questi sono artefatti ed effetti dovuti al tracciamento di SHOE,

[0]Il primo valore fa riferimento alla campagna CNAO2022_MC, in cui non è presente l'IT. Il secondo e il terzo, alle coordinate x e y della campagna CNAO2023_MC rispettivamente.



(a) (b)

Figura 4.23: Valori medi calcolati sulle 18 configurazioni iniziali delle due campagne. Le barre d'errore sono date dalla deviazione standard del campione di 18 valori con cui è stata calcolata la rispettiva media.

ma è comunque possibile ottenere una buona qualità delle tracce, analoga a quella ottenuta nella configurazione di *base*. Per entrambe le campagne, la media della frazione di tracce *buone* ottenute rispetto alla configurazione di *base* è inizialmente prossima a 0, ma dopo cinque iterazioni, in media, si sono ricostruite più del 90% delle tracce *buone* ottenute con la geometria di *base*.

Nella tab. 4.2 sono riportati i risultati riguardo il miglioramento della qualità delle tracce ricostruite dopo dieci iterazioni dell'algoritmo di allineamento fine. Per entrambe le campagne, il $\tilde{\chi}^2$ medio delle tracce ricostruite con le configurazioni iniziali è molto elevato (>10), e viene ricostruito meno dell'1% delle tracce *buone* rispetto a quelle ottenute con la geometria di *base*. Dopo dieci iterazioni dell'algoritmo, la media sulle configurazioni dei valori medi del $\tilde{\chi}^2$ delle tracce, e del numero di tracce *buone*, cioè con $\tilde{\chi}^2 < 2.5$, risultano compatibili coi valori ottenuti con geometria di *base*.

Miglioramento del tracciamento

Campagna		$\tilde{\chi}^2$		tracce *buone* %	
		Prima	Dopo	Prima	Dopo
CNAO2022_MC	Configurazioni traslate	12.2 ± 5.7	2.071 ± 0.023	0.44 ± 0.88	101.65 ± 0.29
	Configurazione *base*	2.14	2.07	100	101.77
CNAO2023_MC	Configurazioni traslate	18.1 ± 7.3	2.23 ± 0.27	0.14 ± 0.25	98.7 ± 7.1
	Configurazione *base*	2.17	2.11	100	101.28

Tabella 4.2: Miglioramento della qualità del tracciamento applicando l'algoritmo di allineamento fine. Nella prima colonna è riportata la campagna di riferimento. La seconda colonna indica se i dati riportati si riferiscono alla media sulle configurazioni traslate, o alla geometria di base. Le colonne 3 e 4 riportano la media dei $\tilde{\chi}^2$ medi delle 18 configurazioni per le due campagne prima e dopo l'allineamento, ed i rispettivi valori per le due configurazioni di base. Analogamente, le colonne 5 e 6 riportano la media sulle configurazioni del numero di tracce *buone* ricostruite come percentuale delle tracce *buone* ottenute nella geometria di base prima e dopo l'allineamento, ed i rispettivi valori ottenuti per la configurazione di *base*. Per i dati riferiti alle configurazioni diverse da quella corretta, le incertezze indicate sono pari alla deviazione standard del rispettivo campione da cui è stata calcolata la rispettiva media.

In generale, si osserva che le quantità riportate variano rapidamente alla prima iterazione, per poi

avvicinarsi asintoticamente a valori costanti.

4.3.4 Miglioramento della ricostruzione della quantità di moto

É stato poi eseguito un'ulteriore studio sul miglioramento della qualità del tracciamento prendendo in analisi gli errori commessi sulle misure del modulo P, e dell'angolo polare θ delle tracce dei frammenti ricostruiti. Nello specifico, per le tracce ricostruite a cui è stata assegnata la carica corretta, si sono considerate le quantità

$$\begin{aligned} \Delta_r P &= \frac{\Delta P}{P_{MC}} = \frac{P_{trk} - P_{MC}}{P_{MC}} \\ \Delta\theta &= \theta_{trk} - \theta_{MC} \end{aligned} \tag{4.4}$$

dove P_{MC}, e θ_{MC} sono, rispettivamente, il modulo, l'angolo azimutale e l'angolo polare della quantità di moto della simulazione MC dei frammenti quando vengono generati, mentre P_{trk}, e θ_{trk} sono le rispettive quantità ricostruite dal tracciamento globale dei frammenti nel target. Le distribuzioni di queste quantità presentano valori medi diversi da 0, poiché si è considerata la quantità di moto ricostruita all'uscita dal target, e quella simulata alla produzione.

La campagna CNAO2022_MC è stata esclusa dalla presente analisi in quanto, in assenza del campo magnetico, non è possibile valutare accuratamente il modulo della quantità di moto dei frammenti. Si è quindi usata una simulazione di un milione di eventi della sola campagna CNAO2023_MC, al fine di raccogliere una statistica rilevante per i frammenti generati.

Si sono quindi eseguiti fit gaussiani delle distribuzioni delle quantità definite in eq. 4.4 per il tracciamento eseguito con la geometria di *base*, con una delle configurazioni iniziali di CNAO2023_MC, e la stessa configurazione dopo l'allineamento fine. I valori dei fit eseguiti sono riportati nelle tab. 4.3 e 4.4. Le distribuzioni ottenute dopo l'allineamento sono invece riportate in fig. 4.24.

Modulo della quantità di moto P

In tab. 4.3, si osserva che, prima dell'allineamento fine, l'errore medio commesso sulla ricostruzione del modulo della quantità di moto è maggiore del 30%-50% di quello che si ha usando la geometria di *base*. Dopo l'allineamento fine, i parametri dei fit sono analoghi a quelli ottenuti con la configurazione di *base*, e presentano una diminuzione dell'ordine del 5% del valore medio. Non si osservano invece differenze significative per quanto riguarda la deviazione standard delle distribuzioni degli errori della ricostruzione del modulo della quantità di moto.

Angolo polare θ

In tab. 4.4, si nota che l'errore medio commesso sulla valutazione dell'angolo polare, prima e dopo l'allineamento fine, è simile a quello commesso eseguendo il tracciamento con la geometria di *base*. Fanno eccezione le particelle α e gli ioni di boro ricostruiti con la geometria iniziale dell'allineamento fine, che hanno un errore medio maggiore, rispettivamente, del 23% e 13% rispetto a quello commesso con la geometria di *base*. Risulta inoltre che le deviazioni standard delle distribuzioni degli errori commessi con la geometria iniziale sono maggiori dei rispettivi valori ottenuti con la configurazione di *base* del 10%-20%. Invece, i valori medi e le deviazioni standard delle distribuzioni degli errori commessi con la geometria ottenuta dopo l'allineamento fine sono paragonabili ai rispettivi valori ottenuti con la configurazione di *base*.

In conclusione, in seguito all'utilizzo dell'algoritmo di allineamento, il codice di ricostruzione delle tracce di FOOT è in grado di ricostruire sia il momento che l'angolo polare dei frammenti con la stessa precisione ottenibile in condizioni di geometria perfetta.

Modulo della quantità di moto

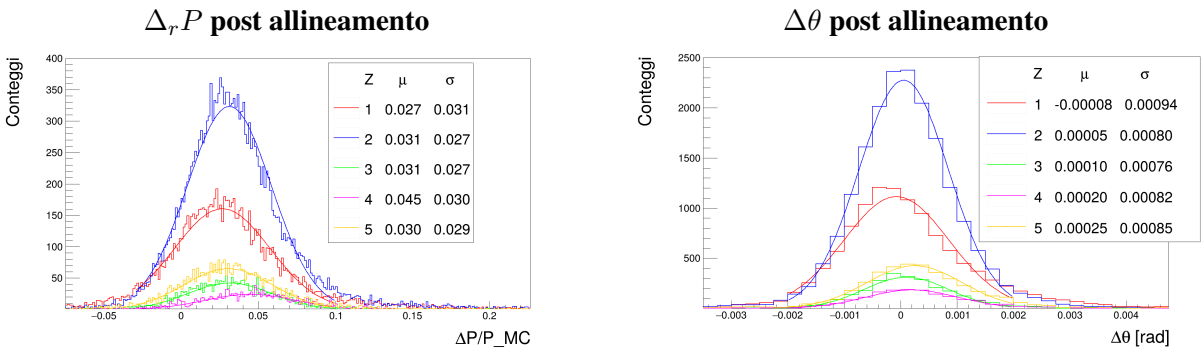
Z	Base		Pre allineamento fine		Post allineamento fine	
	μ_{base}	σ_{base}	μ_{pre}	σ_{pre}	μ_{post}	σ_{post}
1	0.028	0.031	0.041	0.032	0.027	0.031
2	0.032	0.027	0.048	0.027	0.031	0.027
3	0.033	0.027	0.051	0.027	0.031	0.027
4	0.047	0.029	0.062	0.029	0.045	0.030
5	0.032	0.028	0.048	0.029	0.030	0.029

Tabella 4.3: Parametri μ e σ dei fit gaussiani delle distribuzioni degli errori relativi sul modulo della quantità di moto ricostruita per i diversi ioni. Nella prima colonna, la carica degli ioni. Nelle colonne 2 e 3, i dati riferiti alla geometria di *base*. Nelle colonne 4 e 5, i dati riferiti a una delle configurazioni iniziali dell'allineamento fine. Nelle colonne 6 e 7, i dati riferiti alla stessa configurazione dopo dieci iterazioni dell'algoritmo di allineamento fine.

Angolo polare della quantità di moto [10^{-4} rad]

Z	Base		Pre allineamento fine		Post allineamento fine	
	μ_{base}	σ_{base}	μ_{pre}	σ_{pre}	μ_{post}	σ_{post}
1	-0.8	9.4	-0.8	11.2	-0.8	9.4
2	0.5	7.9	0.6	9.4	0.5	8.0
3	1.0	7.5	1.0	8.7	1.0	7.6
4	2.0	8.3	2.0	8.9	2.0	8.2
5	2.4	8.4	2.8	9.9	2.5	8.5

Tabella 4.4: Parametri μ e σ dei fit gaussiani delle distribuzioni degli errori sull'angolo polare della quantità di moto ricostruita per i diversi ioni. Nella prima colonna, la carica degli ioni. Nelle colonne 2 e 3, i dati riferiti alla geometria di *base*. Nelle colonne 4 e 5, i dati riferiti a una delle configurazioni iniziali dell'allineamento fine. Nelle colonne 6 e 7, i dati riferiti alla stessa configurazione dopo dieci iterazioni dell'algoritmo di allineamento fine.



(a) (b)

Figura 4.24: (a) Distribuzione degli errori relativi del modulo sulla quantità di moto ricostruita dopo dieci iterazioni dell'allineamento fine. (b) Distribuzione degli errori sull'angolo polare dopo dieci iterazioni dell'allineamento fine.

4.4 Rotazioni dei layer

É stato eseguito uno studio sulle eventuali rotazioni dei detector. Nel par. 4.4.1, si analizza l'influenza delle rotazioni sul tracciamento globale e si mostra che queste hanno solo un effetto marginale per via dei vincoli meccanici dell'apparato. Nel par. 4.4.2, viene esteso il formalismo presentato nel par. 3.1.2 per includere la correzione delle rotazioni dei layer dei vari detector, nella prospettiva di un'eventuale implementazione futura.

4.4.1 Influenza delle rotazioni

É stato studiato il peggioramento della qualità del tracciamento in funzione di rotazioni dei layer del VT e del MSD nel range 0.1° - 1 ° (1.7 mrad - 17.5 mrad), corrispondente alle rotazioni aspettate e misurate durante le prese dati. Si consideri che una rotazione di 1 ° costituisce una stima pessimistica della massima ampiezza delle rotazioni previste, mentre le rotazioni tipiche sono dell'ordine di pochi decimi di grado. Inoltre, le rotazioni attorno all'asse z sono in genere inferiori a quelle attorno agli assi x e y, per via dei supporti meccanici su cui sono montati i detector.

Analogamente a quanto fatto per le traslazioni, si sono simulate le rotazioni dei layer modificando i parametri di geometria prima del tracciamento globale. Si è così trovato che le rotazioni attorno agli assi x e y sono pressoché ininfluenti per la qualità del tracciamento: ad esempio, con una rotazione di 1° del primo layer del VT attorno all'asse x, si sono ottenute solo 12 tracce buone in meno rispetto alle 16322 della ricostruzione eseguita nella configurazione di base. Le rotazioni attorno all'asse z dei layer del VT hanno invece un'influenza non trascurabile sulla qualità delle tracce ricostruite. Come illustrato in fig. 4.25, la rotazione di un singolo layer del VT di 0.3° riduce la frazione di tracce buone ricostruite al 70% di quelle ottenute nella geometria corretta. Per quanto riguarda il MSD, una rotazione di 1° del suo primo layer attorno all'asse z comporta la perdita del 3% delle tracce buone rispetto al caso ottimale. Ci si può attendere che l'IT si comporti in modo analogo al VT, e non è stato analizzato unicamente per la mancanza di un metodo conveniente per simulare rotazioni delle ladder di sensori. Invece, ci si può aspettare che le rotazioni del TW non sortiscano alcun effetto, in quanto ha una incertezza sulle coordinate delle misure molto superiore a quella del MSD, le cui rotazioni sono già quasi ininfluenti per il tracciamento.

Queste osservazioni possono essere comprese calcolando la variazione delle posizioni misurate per rotazioni attorno ai diversi assi a piccoli angoli, considerando per semplicità traiettorie rettilinee parallele alla direzione del fascio, diretto lungo l'asse z. Si consideri dapprima una rotazione di un sensore planare attorno all'asse x di un piccolo angolo ϵ espresso in radianti. Nel modello esposto, variano unicamente le misure delle coordinate y:

$$
\begin{aligned}
y' &= \frac{y}{\cos(\epsilon)} \\
\Delta y := y' - y &= y\left(\frac{1}{\cos(\epsilon)} - 1\right) = \\
&= y\left(\frac{1-\cos(\epsilon)}{\cos(\epsilon)}\right) \sim y\frac{\epsilon^2}{2}
\end{aligned}
\tag{4.5}
$$

dove y è la misura che si sarebbe registrata senza rotazione e y' la misura eseguita dal sensore ruotato. Con $\epsilon = 0.3°$, servirebbe avere $|y|$ = 36.48 cm per avere un modulo della differenza $|\Delta y|$ = 5 μm, comparabile con la risoluzione dei sensori più sensibili del VT e dell'IT. Un ragionamento analogo può essere fatto per le rotazioni attorno all'asse y. Dunque, rotazioni attorno agli assi x e y dell'ordine di 0.1°-1° introducono errori sulle misure del second'ordine nell'angolo ϵ, risultano irrilevanti per la strumentazione utilizzata.

Si consideri ora una rotazione attorno all'asse z. Le coordinate (x', y') misurate dal detector ruotato sono date dalla relazione:

$$
\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{bmatrix} \cos(\epsilon) & -\sin(\epsilon) \\ \sin(\epsilon) & \cos(\epsilon) \end{bmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} \sim \begin{pmatrix} x - y\epsilon \\ y + x\epsilon \end{pmatrix}
\tag{4.6}
$$

e dunque:

$$
\begin{aligned}
\Delta x := x' - x &\sim -y\epsilon \\
\Delta y := y' - y &\sim x\epsilon
\end{aligned}
\tag{4.7}
$$

Si nota che, in questo caso, le differenze hanno un termine al primo ordine in ϵ non nullo a differenza del caso precedente. Considerando ad esempio $\epsilon = 0.3°$, e $|x|$ = 0.61 cm, si ha $|\Delta y|$ = 32 μm. Nella campagna CNAO2022_ MC, il fascio incidente ha un profilo gaussiano centrato in 0 con deviazione standard di 0.6 cm lungo entrambi gli assi. Ne consegue che, circa il 32% dei primari incide sul VT con $|x|$ > 0.6 cm. É evidente che in questo caso un elevato numero di tracce viene influenzato da una rotazione dell'ordine di 0.3° per i layer del VT. Nelle stesse condizioni, con $|x|$ = 1.91 si ha Δy = 100 μm. La frazione di particelle che incidono con |x|>1.91 è quindi inferiore allo 0.3%, e poche tracce sono affette significativamente da una rotazione di circa 0.3° dei layer del MSD.

L'attuale algoritmo di allineamento fine potrebbe dunque essere migliorato per correggere le rotazioni attorno all'asse z dei layer del VT e dell'IT implementando il formalismo esposto nel par. 3.1.2. Si è tuttavia trovato che una rotazione simultanea di tutti i layer del VT influenza debolmente il $\tilde{\chi}^2$ delle tracce ricostruite: quando tutto il detector è ruotato di 1°, meno del 2% delle tracce buone vengono perse. Sembra quindi che siano rilevanti principalmente le rotazioni relative tra i layer del VT.

I layer dei singoli detector sono montati su supporti che ne limitano le rotazioni. É possibile che siano ruotati indipendentemente attorno agli assi x e y, con angoli compresi nell'intervallo 0.1°-1°, mentre, essendo montati sullo stesso supporto meccanico, tendenzialmente subiscono stessa rotazione attorno all'asse z. Complessivamente, si può quindi stimare che vengano perse circa il 2% delle tracce buone a causa delle rotazioni dei detector.

4.4.2 Correzione delle rotazioni attorno all'asse z

Il formalismo presentato in precedenza nel par. 3.1.2 può essere esteso naturalmente per includere la correzione di rotazioni attorno all'asse z. Anche in questo caso, la matrice Γ risulta diagonale a blocchi associati ai diversi layer. Si riportano dunque i conti rilevanti per un singolo layer, con una notazione più leggera.

Si consideri un detector planare con centro nelle coordinate (x_0, y_0, z_0) nel sistema di riferimento globale, e ruotato di un angolo ϵ in senso orario attorno all'asse z. Le coordinate locali (x', y') di un punto di coordinate globali (x, y) possono essere espresse come:

Qualità del tracciamento in funzione della rotazione del primo layer del VT attorno all'asse z

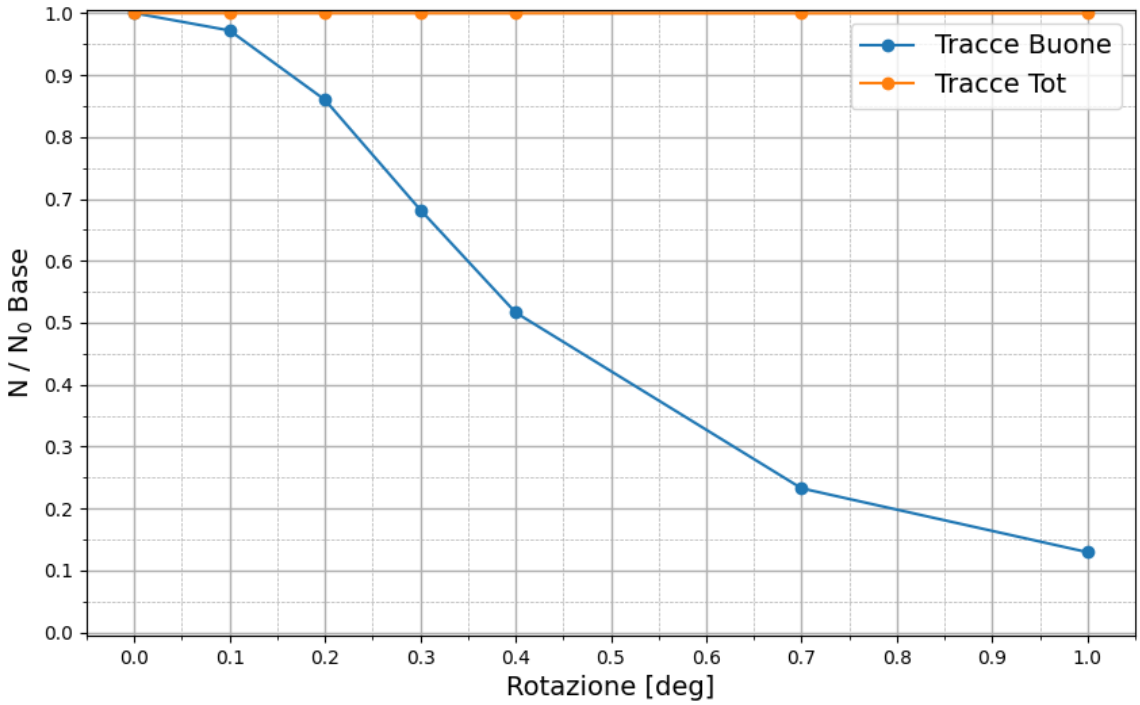


Figura 4.25: Rapporto tra il numero di tracce e tracce buone ricostruite con una rotazione del primo layer del VT attorno all'asse z e le stesse quantità nella geometria base, in funzione dei gradi di rotazione.

$$\begin{aligned}\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} &= \begin{bmatrix} \cos(\epsilon) & -\sin(\epsilon) \\ \sin(\epsilon) & \cos(\epsilon) \end{bmatrix} \begin{pmatrix} x - x_0 \\ y - y_0 \end{pmatrix} \sim \\ &\sim \begin{bmatrix} 1 & -\epsilon \\ \epsilon & 1 \end{bmatrix} \begin{pmatrix} x - x_0 \\ y - y_0 \end{pmatrix}\end{aligned} \tag{4.8}$$

Si considerino le predizioni delle componenti x_i e y_i della misura $\vec{m}_i$ in coordinate globali. I valori di tali coordinate dipendono unicamente dai parametri di traccia, e dalla posizione lungo l'asse z del layer. La predizione della misura $\vec{f}_i$ ha componenti nelle coordinate locali del piano date dall'eq. 4.8:

$$\begin{aligned} f_i^x &= x_i - x_0 - \epsilon(y_i - y_0) \\ f_i^y &= y_i - y_0 + \epsilon(x_i - x_0) \end{aligned} \tag{4.9}$$

Calcolando le derivate delle componenti di $\vec{f}_i(x_0, y_0, \epsilon)$ nei parametri di allineamento x_0, y_0, ϵ si ottiene:

$$\begin{aligned} &\frac{\partial f_i^x}{\partial x_0} = -1 \qquad \frac{\partial f_i^x}{\partial y_0} = \epsilon \qquad \frac{\partial f_i^x}{\partial \epsilon} = -(y_i - y_0) \\ &\frac{\partial f_i^y}{\partial x_0} = -\epsilon \qquad \frac{\partial f_i^y}{\partial y_0} = -1 \qquad \frac{\partial f_i^y}{\partial \epsilon} = x_i - x_0 \end{aligned} \tag{4.10}$$

Sostituendo queste derivate nell'eq. 3.9 si ottengono la matrice simmetrica Γ ed il vettore dei coefficienti associati al layer in analisi:

$$
\Gamma = \begin{bmatrix} \sum_{i_x} \frac{1}{\sigma_{i_x}^2} + \sum_{i_y} \frac{\epsilon^2}{\sigma_{i_y}^2} & -\sum_{i_x} \frac{\epsilon}{\sigma_{i_x}^2} + \sum_{i_y} \frac{\epsilon}{\sigma_{i_y}^2} & \sum_{i_x} \frac{y_{i_x}-y_0}{\sigma_{i_x}^2} - \sum_{i_y} \frac{x_{i_y}-x_0}{\sigma_{i_y}^2} \\ \vdots & \sum_{i_x} \frac{\epsilon^2}{\sigma_{i_x}^2} + \sum_{i_y} \frac{1}{\sigma_{i_y}^2} & -\sum_{i_x} \frac{\epsilon(y_{i_x}-y_0)}{\sigma_{i_x}^2} - \sum_{i_y} \frac{\epsilon(x_{i_y}-x_0)}{\sigma_{i_y}^2} \\ & \dots & \sum_{i_x} \frac{(y_{i_x}-y_0)^2}{\sigma_{i_x}^2} + \sum_{i_y} \frac{(x_{i_y}-x_0)^2}{\sigma_{i_y}^2} \end{bmatrix}
$$

$$
\vec{\beta} = \begin{pmatrix} -\sum_{i_x} \frac{r_{i_x}}{\sigma_{i_x}^2} - \sum_{i_y} \frac{r_{i_y}}{\sigma_{i_y}^2}\epsilon \\ \sum_{i_x} \frac{r_{i_x}}{\sigma_{i_x}^2}\epsilon - \sum_{i_y} \frac{r_{i_y}}{\sigma_{i_y}^2} \\ -\sum_{i_x} \frac{r_{i_x}}{\sigma_{i_x}^2}(y_{i_x} - y_0) + \sum_{i_y} \frac{r_{i_y}}{\sigma_{i_y}^2}(x_{i_y} - x_0) \end{pmatrix} \tag{4.11}
$$

Per ogni layer del VT e dell'IT, invertendo il rispettivo sistema associato, è possibile valutare le correzioni $\Delta x, \Delta y, \Delta\epsilon$ dei parametri di allineamento, anche se ci si aspetta un impatto contenuto dovuto alla geometria di costruzione di questi detector.

4.5 Studi futuri

Per migliorare l'algoritmo di allineamento fine presentato, è possibile implementare in modo naturale la correzione delle rotazioni attorno all'asse z per i layer del VT e dell'IT come illustrato nel par. 4.4.2.

É possibile eseguire uno studio sull'influenza di traslazioni e rotazioni dei magneti permanenti dell'apparato sperimentale, e, se dovesse risultare necessario, lo sviluppo di un metodo per valutarne i parametri di allineamento. In tal caso, sarebbe conveniente allineare dapprima i tracciatori in assenza del campo magnetico, che potrebbe essere allineato in seguito mantenendo fissi i parametri di geometria di questi. In via teorica, è possibile applicare il formalismo presentato nel par. 3.1.2 anche ai parametri di geometria dei magneti permanenti. Sarebbe infatti sufficiente calcolare le derivate dei valori aspettati delle misure f_i rispetto ai parametri da correggere, e risolvere il sistema ottenuto. In linea di principio, è possibile valutare tali derivate per via numerica, usando ad esempio l'integratore Runge-Kutta implementato in GENFIT. Partendo da una rappresentazione della traccia in una regione in cui non è presente il campo magnetico, si potrebbero così calcolare le coordinate x e y delle traiettorie, fissata la coordinata z di un layer, al variare dei parametri di geometria dei magneti. Tuttavia, questo metodo richiederebbe lunghi tempi di esecuzione per il calcolo delle derivate.

Conclusioni

Al fine di migliorare le prestazioni dell'algoritmo di ricostruzione delle tracce dei frammenti dell'esperimento FOOT, è stato implementato ed analizzato un codice di allineamento diviso in due step. Il primo esegue un allineamento preliminare utilizzando il profilo del fascio misurato dal detector stesso. Il secondo è un algoritmo di allineamento fine che utilizza i residui associati alle tracce ricostruite dal tracciamento globale di FOOT: ad ogni iterazione, viene eseguito il tracciamento globale con la geometria determinata allo step precedente, e vengono corrette le posizioni dei layer dei detector minimizzando il χ^2 dei residui.

Le analisi svolte hanno coinvolto due simulazioni Monte Carlo relative a due run di prese dati dell'esperimento FOOT.

Si è visto che l'allineamento preliminare implementato è in grado di valutare le posizioni dei layer del VT con incertezze dell'ordine di 20 μm. Si è stimata l'incertezza sui layer dell'IT dell'ordine di 30 μm. I layer del MSD sono stati allineati, nella fase preliminare, con errori dell'ordine di 100 μm, mentre le coordinate del TW possono essere valutate con un'incertezza dell'ordine di 1 mm. A seguito dell'allineamento preliminare, è stato possibile sfruttare le tracce ricostruite dal codice di tracciamento di FOOT per l'allineamento fine, anche se si ha un valor medio del $\tilde{\chi}^2$ ridotto delle tracce elevato, pari a 14.4.

Si sono valutate le performance dell'allineamento fine su diverse configurazioni con traslazioni iniziali dei layer dell'ordine di grandezza delle rispettive incertezze dell'allineamento preliminare. Si è trovato che, in media, dopo dieci iterazioni, l'ampiezza delle traslazioni residue sui layer del VT è dell'ordine di 10 μm, su quelli dell'IT è di 15 μm, e su quelli del MSD di 60 μm. Riguardo le tracce ricostruite, si è visto che il chi2 ridotto medio delle tracce ricostruite dopo l'allineamento fine è di circa 2.1, compatibilmente con quanto si ottiene utilizzando una configurazione di geometria perfetta senza traslazioni

Si è inoltre verificato che gli errori sulla ricostruzione del modulo e angolo polare delle quantità di moto dei frammenti vengono ridotti dall'applicazione dell'algoritmo di allineamento fine. Anche in questo caso, dopo dieci iterazioni, gli errori sono compatibili con quelli commessi senza traslazioni dei detector.

Si è osservato che l'algoritmo di allineamento può introdurre traslazioni indotte sui layer dei rivelatori che erano già nella posizione corretta. Tuttavia, si è valutato che gli artefatti così generati non pregiudicano la qualità del software di tracciamento di FOOT che, dopo l'allineamento fine, raggiunge le sue prestazioni ottimali.

Si è studiato anche l'impatto di eventuali rotazioni dei detector sulle prestazioni dell' algoritmo di tracciamento di FOOT. Si è visto che piccole rotazioni di rivelatori lungo gli assi perpendicolari alla direzione del fascio sono trascurabili. Invece, le rotazioni attorno alla direzione del fascio possono portare ad effetti non trascurabili, inducendo errori sulle misure di posizione del primo ordine nell'angolo di rotazione. L'attuale procedura di allineamento potrebbe quindi essere migliorata ulteriormente implementando la correzione delle rotazioni attorno all'asse del fascio, sfruttando lo stesso formalismo matematico utilizzato per l'algoritmo di allineamento fine.

Bibliografia

[1] B. Adeva et al. "The construction of the L3 experiment". In: *Nuclear Instruments and Methods in Physics Research Section A: Accelerators, Spectrometers, Detectors and Associated Equipment* 289.1 (1990), pp. 35–102. ISSN: 0168-9002. DOI: https://doi.org/10.1016/0168-9002(90)90250-A. URL: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/016890029090250A.

[2] Jörg Aichelin. ""Quantum" molecular dynamics—a dynamical microscopic n-body approach to investigate fragment formation and the nuclear equation of state in heavy ion collisions". In: *Physics Reports* 202.5 (1991), pp. 233–360. ISSN: 0370-1573. DOI: https://doi.org/10.1016/0370-1573(91)90094-3. URL: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0370157391900943.

[3] Giuseppe Battistoni et al. "The FLUKA Code: An Accurate Simulation Tool for Particle Therapy". In: *Frontiers in Oncology* 6 (2016). ISSN: 2234-943X. DOI: 10.3389/fonc.2016.00116. URL: https://www.frontiersin.org/journals/oncology/articles/10.3389/fonc.2016.00116.

[4] H. A. Bethe. "Molière's Theory of Multiple Scattering". In: *Phys. Rev.* 89 (6 mar. 1953), pp. 1256–1266. DOI: 10.1103/PhysRev.89.1256. URL: https://link.aps.org/doi/10.1103/PhysRev.89.1256.

[5] Tadeas Bilka et al. *Implementation of GENFIT2 as an experiment independent track-fitting framework*. 2019. arXiv: 1902.04405 [physics.data-an]. URL: https://arxiv.org/abs/1902.04405.

[6] V. Blobel. "Software alignment for tracking detectors". In: *Nuclear Instruments and Methods in Physics Research Section A: Accelerators, Spectrometers, Detectors and Associated Equipment* 566.1 (2006). TIME 2005, pp. 5–13. ISSN: 0168-9002. DOI: https://doi.org/10.1016/j.nima.2006.05.157. URL: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0168900206007984.

[7] Mirko Boezio e Emiliano Mocchiutti. "Chemical composition of galactic cosmic rays with space experiments". In: *Astroparticle Physics* 39-40 (2012). Cosmic Rays Topical Issue, pp. 95–108. ISSN: 0927-6505. DOI: https://doi.org/10.1016/j.astropartphys.2012.05.007. URL: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0927650512001119.

[8] T.T. Böhlen et al. "The FLUKA Code: Developments and Challenges for High Energy and Medical Applications". In: *Nuclear Data Sheets* 120 (2014), pp. 211–214. ISSN: 0090-3752. DOI: https://doi.org/10.1016/j.nds.2014.07.049. URL: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0090375214005018.

[9] Thomas Bortfeld. "An analytical approximation of the Bragg curve for therapeutic proton beams". In: *Medical Physics* 24.12 (1997), pp. 2024–2033. DOI: 10.1118/1.598116. URL: https://doi.org/10.1118/1.598116.

[10] A. Capella et al. “Dual parton model”. In: *Physics Reports* 236.4 (1994), pp. 225–329. ISSN: 0370-1573. DOI: https://doi.org/10.1016/0370-1573(94)90064-7. URL: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0370157394900647.

[11] M. Cavinato et al. “Boltzmann Master Equation Theory of Nuclear Reactions: From Nucleons to Heavy Ions”. In: *Topics in Atomic and Nuclear Collisions*. A cura di B. Remaud, A. Calboreanu e V. Zoran. Boston, MA: Springer US, 1994, pp. 25–41. ISBN: 978-1-4615-2431-1. DOI: 10.1007/978-1-4615-2431-1_2. URL: https://doi.org/10.1007/978-1-4615-2431-1_2.

[12] Yu-Xin Cui et al. “Study of the Global Alignment for the DAMPE Detector”. In: *Preprint submitted to Elsevier* (2022). URL: https://arxiv.org/abs/2209.09440v1.

[13] Werner Klein DESY. *Millepede-II Draft Manual*. Accessed: 2024-09-24. 2023. URL: https://www.desy.de/~kleinwrt/MP2/doc/html/draftman_page.html.

[14] F. Dionisi et al. “Proton therapy in adjuvant treatment of gastric cancer: planning comparison with advanced x-ray therapy and feasibility report”. In: *Acta Oncologica (Stockholm, Sweden)* 53.10 (2014), pp. 1312–1320.

[15] Yunsheng Dong. “Nuclear Fragmentation Cross Sections Measurements for Hadrontherapy: Implementation and Optimization of a Beam Monitoring System”. Scuola di Dottorato in Fisica, Astrofisica e Fisica Applicata, Dipartimento di Fisica, Ciclo XXXIII. PhD thesis. Milano, Italy: Università degli Studi di Milano, 2021.

[16] J. Dudouet et al. “Double-differential fragmentation cross-section measurements of 95 MeV/nucleon ^{12}C beams on thin targets for hadron therapy”. In: *Phys. Rev. C* 88 (2 ago. 2013), p. 024606. DOI: 10.1103/PhysRevC.88.024606. URL: https://link.aps.org/doi/10.1103/PhysRevC.88.024606.

[17] Marco Durante e Francis A. Cucinotta. “Physical basis of radiation protection in space travel”. In: *Rev. Mod. Phys.* 83 (4 nov. 2011), pp. 1245–1281. DOI: 10.1103/RevModPhys.83.1245. URL: https://link.aps.org/doi/10.1103/RevModPhys.83.1245.

[18] Marco Durante et al. “Applied nuclear physics at the new high-energy particle accelerator facilities”. In: *Physics Reports* 800 (2019). Applied nuclear physics at the new high-energy particle accelerator facilities, pp. 1–37. ISSN: 0370-1573. DOI: https://doi.org/10.1016/j.physrep.2019.01.004. URL: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0370157319300043.

[19] A. Embriaco et al. “FLUKA simulation of target fragmentation in proton therapy”. In: *Physica Medica* 80 (2020), pp. 342–346. ISSN: 1120-1797. DOI: https://doi.org/10.1016/j.ejmp.2020.09.018. URL: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1120179720302349.

[20] Alfredo Ferrari et al. *FLUKA: A Multi-Particle Transport Code*. Technical Report CERN-2005-10, INFN/TC$_0$5/11, $SLAC - R - 773$. Geneva, Switzerland: CERN, INFN, SLAC, 2005.

[21] R Frühwirth, T Todorov e M Winkler. “Estimation of detector alignment parameters using the Kalman filter with annealing”. In: *Journal of Physics G: Nuclear and Particle Physics* 29.3 (feb. 2003), p. 561. DOI: 10.1088/0954-3899/29/3/309. URL: https://dx.doi.org/10.1088/0954-3899/29/3/309.

[22] L. Galli et al. “DAQ and data management; Digital circuits; Front end; Integrated electronics; Trigger”. In: *Nuclear Instruments and Methods in Physics Research Section A: Accelerators, Spectrometers, Detectors and Associated Equipment* 936 (2019), pp. 399–400. DOI: 10.1016/j.nima.2018.07.067. URL: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0168900218309033.

[23] R.J. Glauber e G. Matthiae. "High-energy scattering of protons by nuclei". In: *Nuclear Physics B* 21.2 (1970), pp. 135–157. ISSN: 0550-3213. DOI: https://doi.org/10.1016/0550-3213(70)90511-0. URL: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0550321370905110.

[24] Bernard Gottschalk. "Radiotherapy Proton Interactions in Matter". In: *arXiv: Medical Physics* (2018). URL: https://api.semanticscholar.org/CorpusID:4681732.

[25] D. E. Groom e S. R. Klein. "Passage of Particles Through Matter". In: *Prog. Theor. Exp. Phys.* 2020.8 (giu. 2020). Revised August 2019, p. 083C01. URL: http://%%pdg.lbl.gov/2019/reviews/rpp2018-rev-passage-particles-matter.pdf.

[26] E Haettner et al. "Experimental study of nuclear fragmentation of 200 and 400 MeV/u12C ions in water for applications in particle therapy". In: *Physics in Medicine & Biology* 58.23 (nov. 2013), p. 8265. DOI: 10.1088/0031-9155/58/23/8265. URL: https://dx.doi.org/10.1088/0031-9155/58/23/8265.

[27] Virgil L. Highland. "Some practical remarks on multiple scattering". In: *Nuclear Instruments and Methods* 129.2 (1975), pp. 497–499. ISSN: 0029-554X. DOI: https://doi.org/10.1016/0029-554X(75)90743-0. URL: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0029554X75907430.

[28] C. Höppner et al. "A novel generic framework for track fitting in complex detector systems". In: *Nuclear Instruments and Methods in Physics Research Section A: Accelerators, Spectrometers, Detectors and Associated Equipment* 620.2 (2010), pp. 518–525. ISSN: 0168-9002. DOI: https://doi.org/10.1016/j.nima.2010.03.136. URL: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0168900210007473.

[29] Christian Höppner et al. *GENFIT - a Generic Track Reconstruction Toolkit (v1.2)*. Memo, not for circulation outside of the PANDA collaboration. To be published as a chapter in Christian Höppner's PhD thesis, 2010. Giu. 2009.

[30] Michael Joiner e Albert van der Kogel, cur. *Basic Clinical Radiobiology*. 4th. London: Hodder Arnold, an imprint of Hodder Education, Hachette UK Company, 2009. ISBN: 9780340929667.

[31] R. E. Kalman. "A New Approach to Linear Filtering and Prediction Problems". In: *Journal of Basic Engineering* 82.1 (mar. 1960), pp. 35–45. ISSN: 0021-9223. DOI: 10.1115/1.3662552. eprint: https://asmedigitalcollection.asme.org/fluidsengineering/article-pdf/82/1/35/5518977/35_1.pdf. URL: https://doi.org/10.1115/1.3662552.

[32] Mi-Mi Kim et al. "Design and commissioning of an image-guided small animal radiation platform and quality assurance protocol for integrated proton and x-ray radiobiology research". In: *Physics in Medicine & Biology* 64.13 (2019), p. 135013. DOI: 10.1088/1361-6560/ab20d9.

[33] Aafke Christine Kraan. "Range Verification Methods in Particle Therapy: Underlying Physics and Monte Carlo Modeling". In: *Frontiers in Oncology* 5 (2015). ISSN: 2234-943X. DOI: 10.3389/fonc.2015.00150. URL: https://www.frontiersin.org/journals/oncology/articles/10.3389/fonc.2015.00150.

[34] G. Kraft. "Tumor Therapy with Heavy Charged Particles". In: *Progress in Particle and Nuclear Physics* 45 (dic. 2001). DOI: 10.1016/S0146-6410(00)00112-5.

[35] William R. Leo. *Techniques for Nuclear and Particle Physics Experiments: A How-to Approach*. Second Revised Edition. With 256 Figures, 40 Tables and Numerous Worked Examples. Berlin, Heidelberg: Springer-Verlag Berlin Heidelberg GmbH, 1994. ISBN: 978-3-540-57280-0. DOI: 10.1007/978-3-642-57920-2.

[36] John T. Lyman. "Complication probability as assessed from dose-volume histograms". In: *Radiation Research Supplement* 8 (1985), S13–S19.

[37] M.C. Montesi et al. “Ion charge separation with new generation of nuclear emulsion films”. In: *Open Physics* 17.1 (2019), pp. 233–240. DOI: doi:10.1515/phys-2019-0024. URL: https://doi.org/10.1515/phys-2019-0024.

[38] Matteo Morrocchi et al. “Development and characterization of a ΔE-TOF detector prototype for the FOOT experiment”. In: *Nuclear Instruments and Methods in Physics Research Section A: Accelerators, Spectrometers, Detectors and Associated Equipment* 916 (2019), pp. 116–124. ISSN: 0168-9002. DOI: https://doi.org/10.1016/j.nima.2018.09.086. URL: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0168900218312270.

[39] Jac A. Nickoloff, Neelam Sharma e Lisa Taylor. “Clustered DNA double-strand breaks: Biological effects and relevance to cancer radiotherapy”. In: *Genes* 11.1 (2020), p. 99. DOI: 10.3390/genes11010099. URL: https://doi.org/10.3390/genes11010099.

[40] World Health Organization. *WHO report on cancer: setting priorities, investing wisely and providing care for all*. World Health Organization, 2020, 149 p.

[41] Harald Paganetti. “Range uncertainties in proton therapy and the role of Monte Carlo simulations”. In: *Physics in Medicine & Biology* 57.11 (2012), R99–R117. DOI: 10.1088/0031-9155/57/11/R99.

[42] Jong Min Park, Jung-In Kim e Hong-Gyun Wu. “Technological Advances in Charged-Particle Therapy”. English. In: *Cancer Research and Treatment* 53.3 (lug. 2021). Epub 2021 Jun 21, pp. 635–640. ISSN: 1598-2998. DOI: 10.4143/crt.2021.706. URL: https://doi.org/10.4143/crt.2021.706.

[43] Johannes Rauch e Tobias Schlüter. “GENFIT — a Generic Track-Fitting Toolkit”. In: *Journal of Physics: Conference Series* 608.1 (apr. 2015), p. 012042. DOI: 10.1088/1742-6596/608/1/012042. URL: https://dx.doi.org/10.1088/1742-6596/608/1/012042.

[44] Dieter Schardt, Thilo Elsässer e Daniela Schulz-Ertner. “Heavy-ion tumor therapy: Physical and radiobiological benefits”. In: *Rev. Mod. Phys.* 82 (1 feb. 2010), pp. 383–425. DOI: 10.1103/RevModPhys.82.383. URL: https://link.aps.org/doi/10.1103/RevModPhys.82.383.

[45] Alexandre Sécher. “Algorithms and software tools for the reconstruction of nuclear data in hadrontherapy”. English. NNT: 2022STRAE013. tel-03855378. Ph.D. Thesis. Strasbourg, France: Université de Strasbourg, 2022. URL: https://tel.archives-ouvertes.fr/tel-03855378.

[46] E. Spiriti et al. “CMOS active pixel sensors response to low energy light ions”. In: *Nuclear Instruments and Methods in Physics Research Section A: Accelerators, Spectrometers, Detectors and Associated Equipment* 875 (2017), pp. 35–40. ISSN: 0168-9002. DOI: https://doi.org/10.1016/j.nima.2017.08.058. URL: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0168900217309439.

[47] Anthony Taylor e Mark E. Powell. “Intensity-modulated radiotherapy–what is it?” In: *Cancer imaging: the official publication of the International Cancer Imaging Society* 4.2 (2004), pp. 68–73. DOI: 10.1102/1470-7330.2004.0003.

[48] FLUKA Team. *FLUKA Official Website*. http://www.fluka.org/fluka.php. Accessed: 01 September 2024.

[49] Eljen Technology. *Eljen Plastic Scintillator*. https://eljentechnology.com/products/plastic-scintillators. Accessed: August 26, 2024. 2021.

[50] Francesco Tommasino, Emanuele Scifoni e Marco Durante. “New Ions for Therapy”. In: *International Journal of Particle Therapy* 2.3 (2016), pp. 428–438. DOI: 10.14338/IJPT-15-00027.1.

[51] M. Toppi et al. “Measurement of fragmentation cross sections of ^{12}C ions on a thin gold target with the FIRST apparatus”. In: *Phys. Rev. C* 93 (6 giu. 2016), p. 064601. DOI: 10.1103/PhysRevC.93.064601. URL: https://link.aps.org/doi/10.1103/PhysRevC.93.064601.

[52] Aaron Tubbs e Andre Nussenzweig. “Endogenous DNA damage as a source of genomic instability in cancer”. In: *Cell* 168.4 (2017), pp. 644–656. DOI: 10.1016/j.cell.2017.01.002. URL: https://doi.org/10.1016/j.cell.2017.01.002.

[53] R. L. Warters e K. G. Hofer. “Radionuclide toxicity in cultured mammalian cells: Elucidation of the primary site for radiation-induced division delay”. In: *Radiation Research* 69 (1977), pp. 348–358.

[54] R.A. Weldon et al. “Measurement of EJ-228 plastic scintillator proton light output using a coincident neutron scatter technique”. In: *Nuclear Instruments and Methods in Physics Research Section A: Accelerators, Spectrometers, Detectors and Associated Equipment* 953 (2020), p. 163192. ISSN: 0168-9002. DOI: https://doi.org/10.1016/j.nima.2019.163192. URL: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0168900219314871.

[55] Roberto Zarrella. “Nuclear Fragmentation Reaction Cross Sections for Hadrontherapy and Radioprotection: The FOOT Experiment”. Dottorato di Ricerca in Fisica, Ciclo XXXVI. PhD thesis. Bologna, Italy: Alma Mater Studiorum · University of Bologna, 2024.

[56] C. Zeitlin et al. “Shielding and fragmentation studies”. In: *Radiation Protection Dosimetry* 116.1-4 (2005), pp. 123–124. DOI: 10.1093/rpd/nci064. URL: http:%%rpd.oxfordjournals.org/content/116/1-4/123.

[57] James F. Ziegler e Jochen P. Biersack. “The Stopping and Range of Ions in Matter”. In: *Treatise on Heavy-Ion Science: Volume 6: Astrophysics, Chemistry, and Condensed Matter*. A cura di D. Allan Bromley. Boston, MA: Springer US, 1985, pp. 93–129. ISBN: 978-1-4615-8103-1. DOI: 10.1007/978-1-4615-8103-1_3. URL: https://doi.org/10.1007/978-1-4615-8103-1_3.