

Bestimmung der Orts-Driftzeit-Beziehung in den ATLAS-Myondriftrohrkammern

Oliver Kortner

Max-Planck-Institut für Physik München

DPG-Frühjahrstagung 2005 in Berlin

Vorbemerkung zur Myonspektrometereichung

Schritte hin zu einem geeichten Spektrometer

- Bestimmung der Orts-Driftzeit-Beziehung $r(t)$ der Myondriftrohrkammern.
- Kammeralignierung mit Hilfe von Sensormessungen und gerader Myonspuren.
- Magnetfeld auf 10^{-4} T genau gemessen mit geeichten Hallsensoren auf den Kammern.
→ Magnetfeld im Spektrometer auf besser als 1% genau bekannt.
- Bestimmung des Energieverlusts der Myonen im Kalorimeter mit Hilfe von $Z \rightarrow \mu^+ \mu^-$ -Zerfällen.

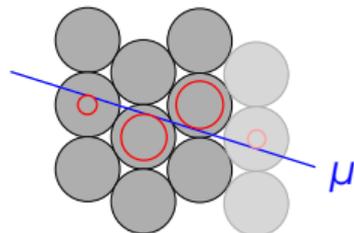
Thema dieses Vortrags: Bestimmung von $r(t)$.

Erforderliche Genauigkeit der $r(t)$ -Beziehung

- $r(t)$ ändert sich mit den Betriebsbedingungen, vor allem der Temperatur und dem Strahlungsuntergrund.
 - Gleiche Betriebsbedingungen auf einer Kammerfläche von etwa 2 m^2 .
 - Stündliche Nachmessung der $r(t)$ -Beziehung erwünscht.
 - $r(t)$ von vornherein auf $\approx 200 \mu\text{m}$ genau bekannt, z.B. aus einer Garfield-Simulationsrechnung.
 - Benötigte Genauigkeit: $20 \mu\text{m}$.
- ⇒ Verfeinerung der Anfangs- $r(t)$ -Beziehung mit Hilfe der Kammerdaten (sogenannte Autokalibration) erforderlich.

Autokalibration mit Myonspuren

MDT-Vielfachlage



Lage 1 2 3 4

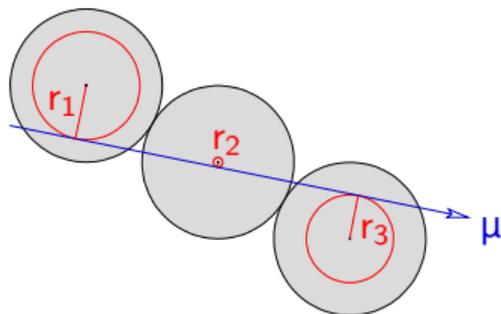
- Myonspuren sind gerade innerhalb einer Vielfachlage einer Driftrohrkammer.
 - Die Anfangs- $r(t)$ -Beziehung erlaubt die Rekonstruktion der Myonspuren.
- $d_k :=$ Abstand der Spur vom k -ten getroffenen Anodendraht,
 $r(t_k) :=$ Driftradius des k -ten Treffers.
Die Residuen

$$\Delta(t_k) := r(t_k) - d_k$$

enthalten Informationen über die Genauigkeit von $r(t)$.

Abhängigkeit der Residuen von $r(t)$

Beispiel: gerade Myonspur in einer Dreifachlage



Spurrekonstruktion

Richtige $r(t)$ -Beziehung in der Rekonstruktion verwendet.

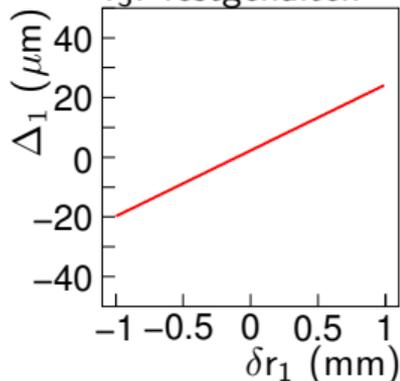
Frage

Wie ändert sich $\Delta(t_1)$, wenn man einen Radius falsch wählt und die übrigen richtig?

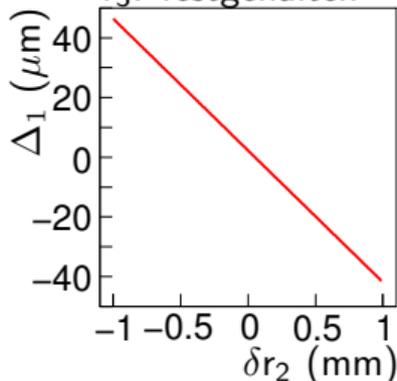
Abhängigkeit der Residuen von $r(t)$

Abhängigkeit des Residuums $\Delta_1 := \Delta(t_1)$ von $r(t)$

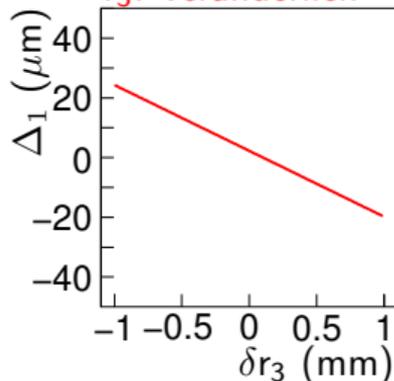
r_1 : **veränderlich**
 r_2 : festgehalten
 r_3 : festgehalten



r_1 : festgehalten
 r_2 : **veränderlich**
 r_3 : festgehalten



r_1 : festgehalten
 r_2 : festgehalten
 r_3 : **veränderlich**



Beobachtung

Δ_1 hängt in guter Näherung linear von $r(t)$ ab.

Autokalibrationsansatz

Idea : Linearisierung von $\Delta(t_k)$.

Parametrisierung von $r(t)$:

- $r_{i+1}(t)$: $r_{i+1}(t) = r_i(t) + \epsilon(t)$.
- $r_i(t)$: $r(t)$ am Anfang der i -ten Iteration.
- $\epsilon(t)$: $\epsilon(t) = \sum_{p=0}^{p=9} \alpha_p L_p(t)$ (L_p : Legendrepolynom).

Linearisierte Residuen:

$$\Delta(r_{i+1}(t_k)) \doteq \Delta(r_i(t_k)) + \sum_{\text{hits } n=1}^N \nabla \Delta(r_i(t_k)) \cdot \epsilon(t_n) =: \tilde{\Delta}(t_k).$$

Ziel: $\tilde{\Delta}(t_k) = 0$ (innerhalb der statistischen Fehler).

Bemerkungen zum Autokalibrationsansatz

Analytisch berechenbar:

$$\Delta(r_{i+1}(t_k)) \doteq \Delta(r_i(t_k)) + \sum_{\text{hits } n=1}^N \frac{\nabla \Delta(r_i(t_k))}{\sigma_n} \cdot \epsilon(t_n) =: \tilde{\Delta}(t_k).$$

Problem für eine einzelne Spur:

$\text{Rang}(\{\nabla \Delta(r_i(t_k))\}) = N - 2$ (da N-2 Freiheitsgrade/Spur)
(außer für geometrisch eindeutige Konfigurationen).

- Keine eindeutige Lösung von $\tilde{\Delta}(t_k) = 0$ für 1 Spur.
- Verwende nur $\tilde{\Delta}(t_1), \dots, \tilde{\Delta}(t_{N-2})$.
- Kombiniere viele Spuren und minimiere

$$X^2 := \sum_{\text{Spuren}} \sum_{n=1}^{N(\text{Spuren})} \left[\frac{\tilde{\Delta}(t_n)}{\sigma_n^2} \right]^2$$

um letztendlich $\tilde{\Delta} = 0$ zu erreichen.

Abbruchbedingung

Abbruchbedingung für das Iterationsverfahren

- Diskriminante:

$$\chi^2[r(t)] := \frac{1}{\# \text{ Spuren}} \sum_{\text{alle Residuen}} \left[\frac{\Delta(t_n)}{\sigma_k} \right]^2,$$

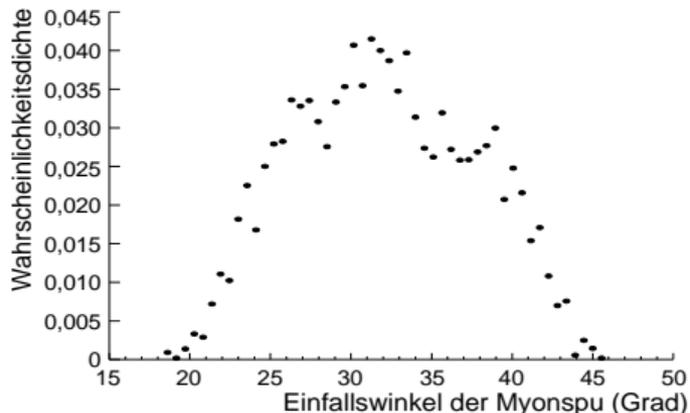
- Abbruch der Iteration, wenn

$$\chi^2[r(t)](\textit{Iteration } i) > \chi^2[r(t)](\textit{Iteration } i - 1).$$

Test des Verfahrens

Testdatensatz

- 2000 Monte-Carlo-Spuren in einer Dreifachlage.
- Charakteristische Spurwinkelverteilung:



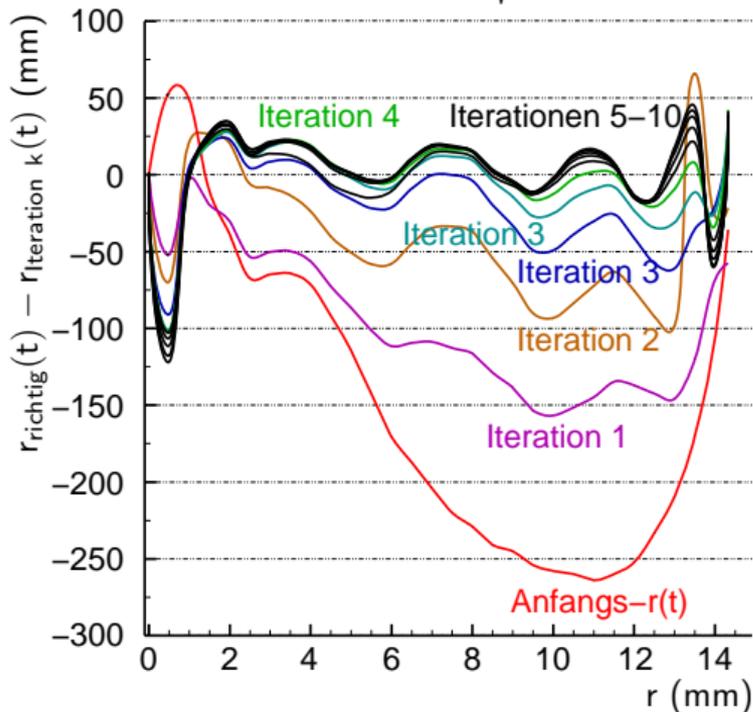
Schwierigster Winkelbereich, da geringste Zahl geometrischer Zwangsbedingungen für $r(t)$.

Fragestellungen im Test

- $r(t)$ -Genauigkeit in Abhängigkeit der Iteration.
- Einfluß der $r(t)$ -Genauigkeit auf die Spurrekonstruktion.

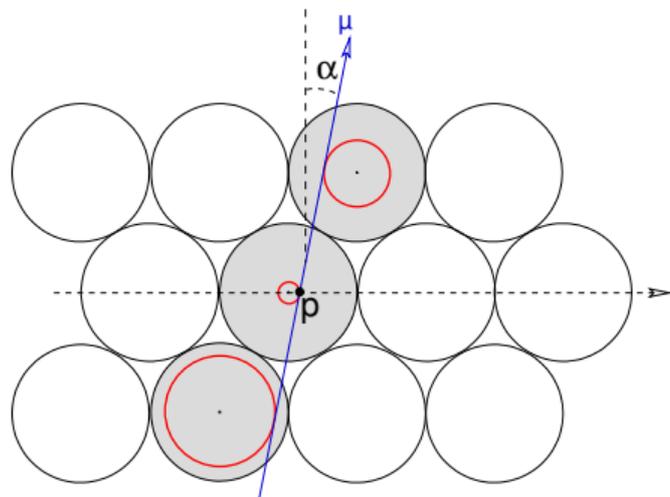
Genauigkeit von $r(t)$ in Abhängigkeit der Iteration

$$r(t)\text{-Genauigkeit} := \sqrt{\frac{1}{r_{max}} \int_0^{r_{max}} [r_{richtig}(t_r) - r_{Konvergenz}(t_r) dr]^2}.$$



- Konvergenz nach 10 Iterationen.
- Nur kleine Veränderungen in den letzten 5 Iterationen.
- $r(t)$ -Genauigkeit: 27 μm .

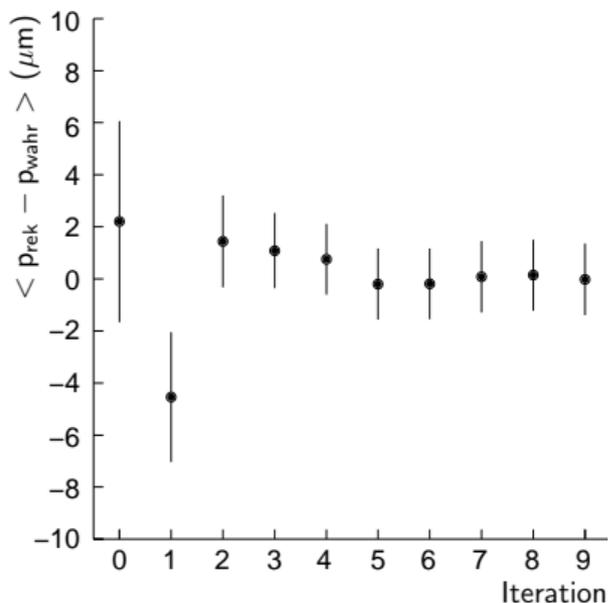
Einfluß von $r(t)$ auf die Spurrekonstruktion



Gerade Spur eindeutig
gegeben durch die
Koordinate p und den
Spurwinkel α .

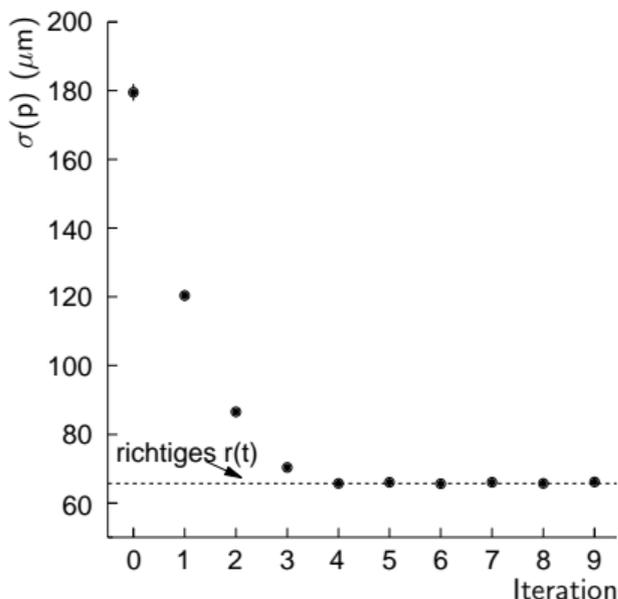
Einfluß von $r(t)$ auf die Spurrekonstruktion

Spurpunktgenauigkeit



Kein Spurpunktbias!

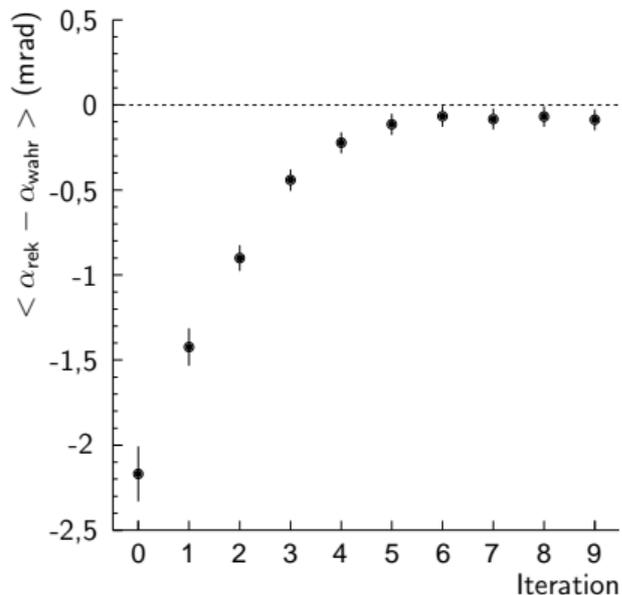
Spurpunktauflösung



Richtige Spurpunktauflösung
nach 4 Iterationen!

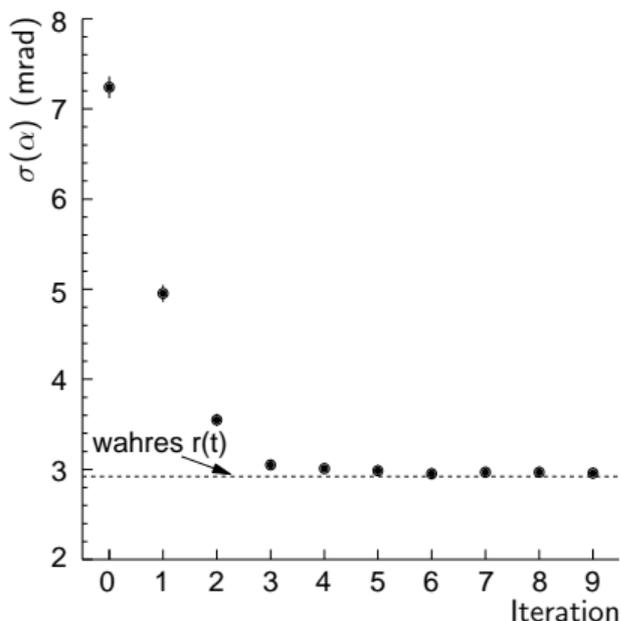
Einfluß von $r(t)$ auf die Spurrekonstruktion

Spurwinkelgenauigkeit



Vernachlässigbarer
Spurwinkelbias nach 6
Iterationen!

Spurwinkelauflösung



Richtige Spurwinkelauflösung
nach 5 Iterationen!

Einfluß von $r(t)$ auf die Spurrekonstruktion

Schlußfolgerungen

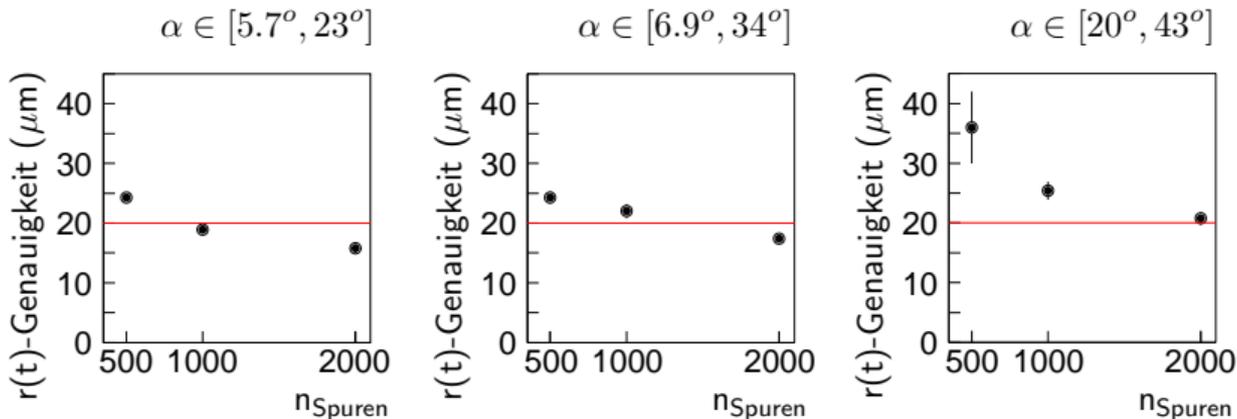
End- $r(t)$ gewährleistet

- erwartungstreue Spurrekonstruktion,
- Spurrekonstruktion mit der bestmöglichen Auflösung.

Ensembletest

Test an mehreren Datensätzen

- Zahl der Datensätze: 40 je Konfiguration.



2000 Spuren für die geforderte $r(t)$ -Genauigkeit ausreichend.
⇒ Stündliche $r(t)$ -Bestimmung möglich.

Zusammenfassung

- Die $r(t)$ -Beziehung der ATLAS-Myonkammern hängt von den Betriebsbedingungen ab.
- Gleiche Betriebsbedingungen auf 2 m² Kammerfläche erwartet.
- Stündliche Nachbestimmung der $r(t)$ -Beziehung mit 20 μm Genauigkeit notwendig, um mögliche $r(t)$ -Änderungen verfolgen zu können.
- Messung der $r(t)$ -Beziehung mit Hilfe gerader Myonspuren:
 - $r(t)$ -Genauigkeit: 20 μm mit 2000 Spuren.
 - Erreichte $r(t)$ -Genauigkeit gewährleistet **erwartungstreue** Rekonstruktion der Myonspuren mit der **maximalen** Auflösung.