Ujian Tengah Semester (UTS)
Genap 2016/2017
Mata Kuliah : Kecerdasan Buatan
Waktu: 150 menit

Universitas Kristen Petra
Hari/Tgl. Ujian: Senin, 10 April 2017
Sifat Ujian: Tertutup, Kalkulator diperbolehkan
Dosen : Team Dosen

---

1. Minimum Spanning Tree (MST) – Prim dan Kruskal

Algoritma Prim dan Kruskal adalah dua algoritma yang menggunakan metode greedy (serakah – selalu mengambil yang paling kecil) untuk mencari Minimum Spanning Tree (MST). Prim berfokus pada vertex (titik) sedangkan Kruskal berfokus kepada edge (garis).

Algoritma Prim

1. Mulai dari sembarang vertex (=root)
2. Tandai root sebagai 'visited' dan tambahkan ke MST
3. Selama masih ada vertices belum ditandai sebagai 'visited' {

    4. Cari edge (v,u) dengan angka yang paling minimum dari sebuah vertex v yang sudah ditandai 'visited' ke vertex u yang belum ditandai sebagai 'visited'
    5. Tandai vertex u sebagai 'visited'
    6. Tambahkan vertex u dan edge(v,u) ke MST

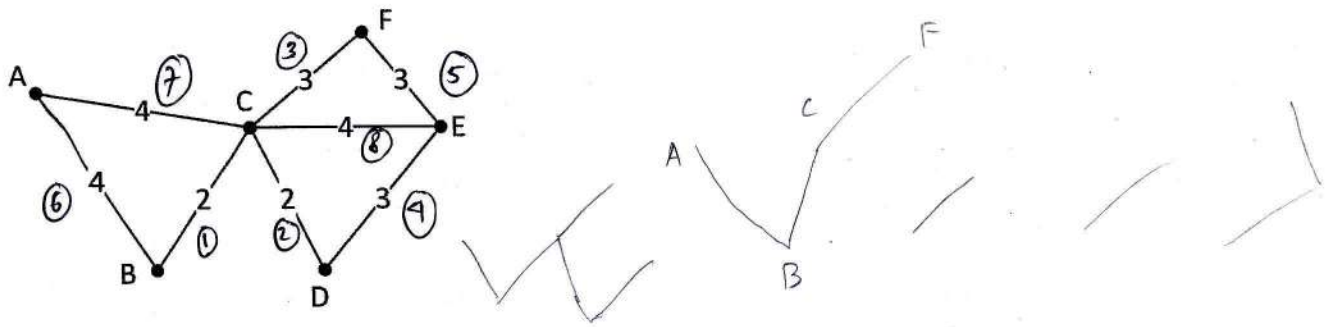
}

Algoritma Kruskal

1. Urutkan semua edges dari angka yang paling minimum ke yang paling maksimum
2. Untuk setiap edges dari yang paling minimum {

    3 Jika edge (v,u) dan vertex v serta vertex u belum ada di MST dan tidak membuat cycle maka tambahkan edge(v,u) dan vertex v serta vertex u ke MST

}



A. Tuliskan adjacency matrix untuk graph di atas!
B. Jalankan algoritma Prim dengan vertex A sebagai root. Untuk setiap langkah dari Algoritma Prim, tuliskan MST yang dihasilkan dari kosong sampai penuh. Gunakan kaedah urut abjad jika ada yang edge yang bernilai sama.
C. Jalankan algoritma Kruskal dengan tambahan jika ada edges dengan angka yang sama, urutkan berdasarkan abjad. Contoh BC baru CD karena kedua edges bernilai 2. Untuk setiap langkah dari Algoritma ~~Prim~~ Kruskal, tuliskan MST yang dihasilkan dari kosong sampai penuh.
D. Algoritma manakah yang lebih cepat untuk complete graph dengan jumlah vertices = 100? Kenapa?

2. Particle Swarm Optimization (PSO)

Berikut adalah algoritma PSO yang akan digunakan:

1. Inisialisasi dari 5 partikel dengan posisi sebagai berikut (0,0),(1,-1),(2,2),(0,1),(-1,1) dan kecepatan awal nol
2. Untuk setiap partikel, gunakan fungsi Rosenbrock sebagai fungsi fitness.
   $Z = (1 - X)^2 + (Y - X^2)^2$
3. Bandingkan hasil fungsi fitness dari tiap partikel partikel pbest. Jika hasil sekarang lebih kecil daripada pbest, set pbest sama dengan hasil sekarang dan lokasi dari pbest juga diset sama dengan lokasi sekarang.
4. Bandingkan hasil fungsi fitness dari seluruh partikel (populasi). Jika hasil sekarang lebih baik daripada gbest, reset gbest ke sesuai dengan hasil terbaik sekarang baik nilai maupun posisi.
5. Rubah kecepatan dan posisi dari partikel sesuai dengan persamaan dibawah ini:

$$v_{id} = w * v_{id} + c_1 * rand() * (p_{id} - x_{id}) + c_2 * rand() * (p_{gd} - x_{id})$$

$$x_{id} = x_{id} + v_{id}$$

6. Loop ke langkah ke 2 sampai kriteria terpenuhi. Kriteria bisa sebuah nilai yang cukup baik untuk fitness atau setelah beberapa iterasi atau generasi.

Kerjakan soal di bawah ini:

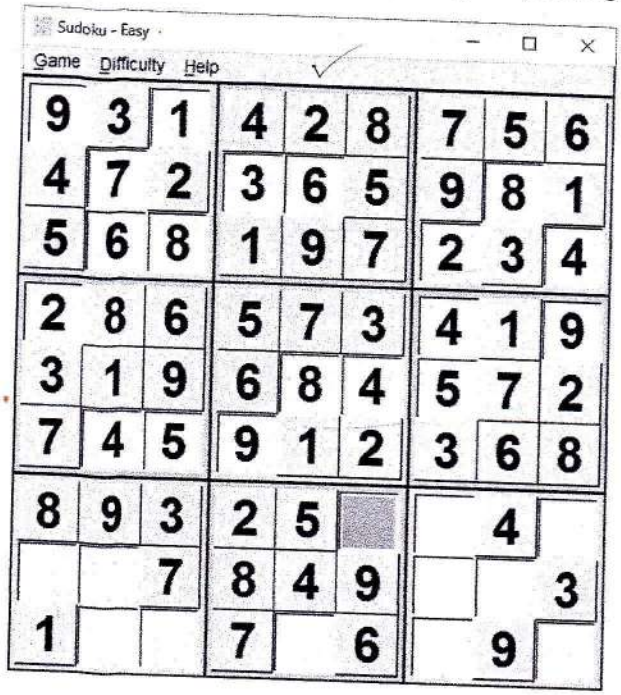
A. Jalankan algoritma di atas untuk 2 iterasi dan untuk iterasi ke 3, cukup sampai langkah ke 4 yaitu menemukan gbest. Untuk setiap langkah tuliskan dengan detail dan teliti hasilnya. Gunakan w=0.9, c_1 = 0.1, c_2 = 0.2 dan tabel bilangan random di bawah ini untuk rand()

	C1_rand()	C2_rand()
Iterasi 1	0.274	0.038
	0.887	0.259
	0.266	0.614
	0.148	0.110
	0.440	0.396
Iterasi 2	0.856	0.744
	0.972	0.681
	0.722	0.730
	0.872	0.538
	0.192	0.035

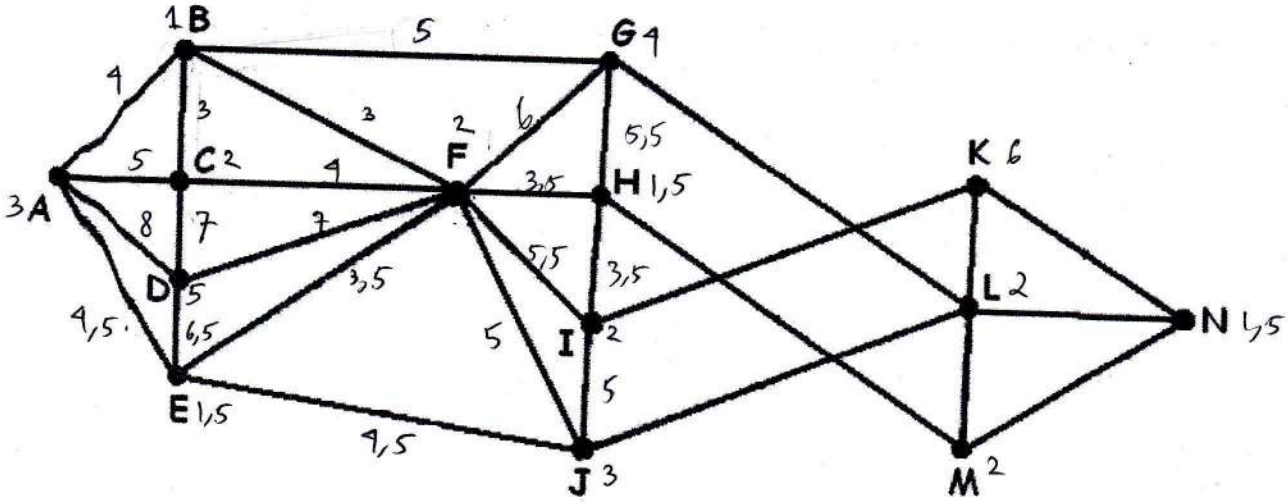
B. Jelaskan apa yang dimaksud dengan w, c_1, c_2?

3. Backtracking (Sudoku)

Gunakan algoritma backtracking untuk menyelesaikan Sudoku puzzle di bawah ini. Tuliskan algoritma yang digunakan dan jalankan serta catat hasilnya langkah per langkah sampai selesai.



4. Searching (BFS dan DFS)



Suatu Graph Diatas Merupakan Gambaran Rangkaian Dunia WWW (World Wide Web) yang digunakan untuk mencari informasi dimana Halaman A mempunyai link ke Halaman B,C,D,E, dengan informasi besarnya data pada halaman tersebut. Kita memulai menjelajah dari huruf A dengan memori 3 Kbytes. Angka-angka di atas adalah besarnya data halaman tersebut contoh : 4 Kbytes apabila kita menyimpan halaman B. Robot informasi mencari informasi dengan cara menyimpan data dalam memori ketika membuka halaman web.

MST Prim → 23
SPT → 23
4+ .

A	3 Kbytes	B	1 Kbytes	C	2 Kbytes	D	5 Kbytes
E	1.5 Kbytes	F	2 Kbytes	G	4 Kbytes	H	1.5 Kbytes
I	2 Kbytes	J	3 Kbytes	K	6 Kbytes	L	2 Kbytes
M	2 Kbytes	N	1.5 Kbytes				

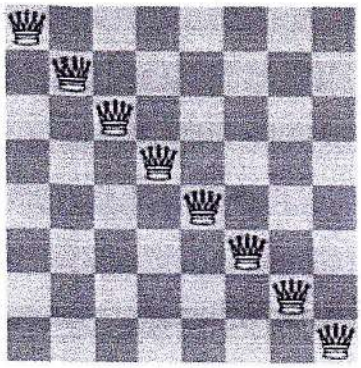
A. Lakukan penelusuran secara BFS, untuk menemukan J. Tentukan jumlah memori total yang digunakan agar halaman Web J bisa disimpan oleh Robot Informasi. 65

B. Laukan penelusuran DFS kaedah urut abjad, untuk menemukan J. Tentukan jumlah memori total yang digunakan agar halaman Web J bisa disimpan oleh Robot Informasi. 44

C. Apa yang bisa dilakukan oleh robot informasi agar halaman web bisa tersimpan semua dengan memori sekecil mungkin untuk sampai ke J

5. Genetic Algorithms (GA – 8 Queens)

Diberikan Illustrasi sebagai berikut:



Choromosome : 76543210 Level

```
function Genetic-Algorithm(population,Fitness-Fn)
returns an individual
     repeat
          for i=1 to Size(population) do
               x := Random-Selection(population,Fitness-Fn)
               y := Random-Selection(population,Fitness-Fn)
               child Reproduce(x, y)
               if (extinct) then child Mutate(child)
               add child to population
     until some individual is fit enough or enough time has elapsed
return the best individual in population, according to Fitness-Fn
```

Q adalah bidak catur Queen dalam sebuah papan catur berukuran 8x8. Bagaimana cara menemukan solusi dari penempatan bidak catur agar tidak saling memakan satu sama lain menggunakan algoritma genetik. Adapun diberikan fungsi penentuan fitness untuk kondisi ideal kromosom adalah sebagai berikut.

$$Fitness - Fn\ (8 - queen) = 28 - Clash$$

Dimana Clash adalah kondisi dimana Queen saling bertabrakan dari row sama atau karena diagonal yang saling bertabrakan. Terdapat function extinct apabila dalam suatu populasi terdapat individu yang fitnessnya antara range 0-1 maka akan dilakukan Mutation.

```
function Mutate(chromosome)
return an individual
        for I=0 to len[chromosome] - 1
            if chromosome[i]+1 < 8
                  chromosome[i] = chromosome[i]+ 1
            else
                  chromosome[i] = 0
return child
```

A. Buatlah Pseudocode untuk menentukan jumlah clash dari suatu chromosome.

```
function clash(chromosome)
end function
```

B. Buatlah Pseudocode untuk function extinct

C. Diberikan Informasi Sbb

Langkah 0 : Populasi = 2

0 [7777|6 666]
1 [0123|4567]

Langkah 1 : Pilih Individu 0-1 Single Point Crossover (Crossover tepat ditengah) 77774567

Langkah 2 : Pilih Individu 1-2 Single Point Crossover (Crossover tepat ditengah) 0123 4567

Langkah 3 : Pilih Individu 0-3 Single Point Crossover (Crossover tepat ditengah)

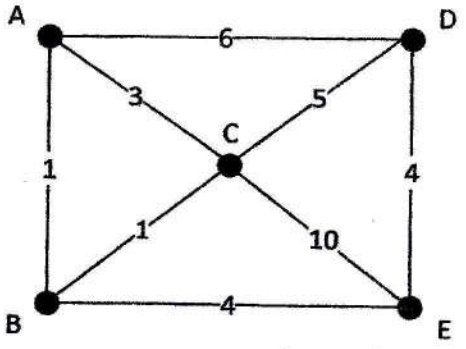
Lakukan Tracing untuk Langkah 1-3 dengan parameter Child, Fitness Child, Hasil Mutation apabila Extinct.

D. Hasil Populasi Setelah sampai Langkah-3

E. Apa yang harus dilakukan agar proses penemuan individu bisa lebih cepat pada soal ini

6. Djikstra Algorithms

Diberikan Graph Seperti berikut



Tentukan Penelusuran Iterasi untuk Graph di atas hingga ditemukan jarak dari C ke semua vertex hingga ditemukan jarak terpendek ke semua vertex. Parameter Penelusuran Algoritma Djikstra Adalah Visited, Unvisited, Current (yg sedang divisit), Distance Matrix.