PRINCE OF SONGKLA UNIVERSITY

FACULTY OF ENGINEERING

Midterm Examination: Semester 2 Academic Year: 2013

Date: 7 January 2014 **Time**: 09.00-12.00 (3 hours)

Subject Number: 242-500 Room: S101

Subject Title: Research and Development Methodologies

Exam Duration: 3 hours (180 minutes)

This paper has 11 pages, 8 questions 130 marks (25%).

Authorised Materials:

• Writing instruments (e.g. pens, pencils).

• Textbooks, a notebook, handouts, and dictionaries are permitted.

Instructions to Students:

- Scan all the questions before answering so that you can manage your time better.
- Write your answers in Thai only.
- Write your name and ID on every page.
- Any unreadable parts will be considered wrong.

Cheating in this examination

Lowest punishment: Failed in this subject and courses dropped for next semester.

Highest punishment: Expelled.

NO	Time (Min)	Marks	Collected	NO	Time (Min)	Marks	Collected
1	20	15		5	20	20	
2	40	30		6	15	10	
3	30	20		7	10	5	
4	20	20		8	15	10	
Total	170	130		Raw		25%	

Question 1

(15 marks; 20 minutes)

From the following abstract, find the following items.

การออกแบบและพัฒนาซอฟต์แวร์เหมืองข้อมูลสำหรับใช้ในการวิเคราะห์กระบวนการผลิตฮาร์ดดิสก์ใดรฟ์

โครงการนี้เสนอการออกแบบและการพัฒนาอัลกอริทึมและซอฟต์แวร์สำหรับวิเคราะห์การเพิ่มปริมาณผลผลิต ในอุตสาหกรรมฮาร์คดิสก์ไดรฟ์ โดยเน้นการหาความสัมพันธ์ของคุณลักษณะ (Attributes), พารามิเตอร์ (Parameters) และผลผลิต (Yield) ในการผลิต อาศัยข้อมูลจากคลังข้อมูลกลางของบริษัทซึ่งเก็บข้อมูลการผลิตจาก โรงงานต่างๆ โดยการคึงข้อมูลมาใช้ประโยชน์จะผ่านอาศัยการการจัดการข้อมูลแบบ ETL (Extract Transform Loader) ของซอฟต์แวร์ที่มีชื่อว่า Informatica ซึ่งข้อมูลที่จะศึกษาคือข้อมูลค่าพารามิเตอร์เคี่ยว (Individual Data) ข้อมูลแสดงความสัมพันธ์ (Correlation Data) และข้อมูลที่อยู่ในรูปการรวมผลคำนวณ (Computation Aggregation) ของการวิเคราะห์ส่วนประกอบชุดหัวอ่าน (HGA) โดยใช้หลักการทำเหมืองข้อมูล (Data Mining) โครงข่าย ประสาทเทียม (Neural Networks) และหลักการสร้างต้นไม้เพื่อใช้ประกอบการตัดสินใจ (Decision Tree)

ซอฟต์แวร์ที่พัฒนาขึ้นจะสามารถใช้เพื่อการวิเคราะห์ข้อมูลการผลิตเชิงวิศวกรรม โดยประกอบด้วยเครื่องมือ อัตโนมัติสำหรับการวิเคราะห์ผลผลิต (Yield Analysis) และการหาจุดที่เหมาะสมที่สุด (Optimum Point) ที่ใช้ใน การปรับเปลี่ยนคุณลักษณะการกระจาย (Distribution) ของพารามิเตอร์ตัวที่มีความสำคัญต่อผลผลิต เช่น การย้าย ตามค่าเฉลี่ยของพารามิเตอร์ (Mean Shift) และการลดค่าเบี่ยงเบนของพารามิเตอร์(Variance Reduction) การ วิเคราะห์ความผันแปรของผลผลิต (Yield Variability) เมื่อดิสก์ใครฟ์ผ่านกระบวนการผลิตที่มีลักษณะคล้ายกัน แต่ ได้ปริมาณผลผลิตต่างกัน ทั้งนี้กระบวนการพัฒนาซอฟต์แวร์จะคำนึงถึงประสิทธิภาพในการประมวลผล โดยอาศัย เทคโนโลยีการประมวลผลแบบขนานบนสถาปัตยกรรมแบบมัลติคอร์ (Multi-Core) นอกจากนี้เครื่องมือต่างๆที่ พัฒนาขึ้นจะถูกนำไปบูรณาการกับระบบซอฟต์แวร์ที่ใช้อยู่ในปัจจุบันเพื่อความสะดวกในการใช้งานอีกด้วย

คำสำคัญ เหมืองข้อมูล, ฮาร์ดดิสก์ใครฟ์, อุตสาหกรรม, ตัดสเปค, การย้ายตามค่าเฉลี่ย, การลดค่าเบี่ยงเบน

a)	Contribution	(5 marks)
••••		
b)	Objectives and Scopes	(5 marks)
••••		
••••		
Nomo		ID

c	Motivation/Problem Statements	(5 marks)
•		
• •		
• •		
• •		
• •		
•		
	stion 2 compare the following pairs.	(40 marks; 30 minutes)
a	Articles published in conference proceedings journals (4 marks)	and articles published in
• •		
• •		
• •		
b) Research and innovation (4 marks)	
• •		
• •		
• •		
• •		
• •		
• •		
c)	Basic research and applied research (4 marks)	
• •		
• •		
• •		
• •		
• •		

ID

matter of a formal report (5 marks) orking with <i>old data</i> and <i>new data</i> .	
matter of a formal report (5 marks)	
matter of a formal report (5 marks)	
matter of a formal report (5 marks)	
matter of a formal report (5 marks)	
matter of a formal report (5 marks)	
matter of a formal report (5 marks)	
matter of a formal report (5 marks)	
matter of a formal report (5 marks)	
matter of a formal report (5 marks)	
matter of a formal report (5 marks)	
matter of a formal report (5 marks)	
matter of a formal report (5 marks)	
matter of a formal report (5 marks)	
matter of a formal report (5 marks)	
matter of a formal report (5 marks)	
	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •
tion index (4 marks)	
	tion index (4 marks)

uestion 3 Tell whether the	(20 marks; 30 minutes) following statements are right (T) or wrong (F).
a)	If the deadline is approaching, you must publish a paper that has your supervisor's name on it although your supervisor has not yet approved it.
b)	You should prepare the slide presentation on your own. You should not bother your supervisor about this.
c)	The supervisor is responsible for the content and scope of your thesis.
d)	If we do not want to repeat the mistakes of the others, we need to read the literature.
e)	Written academic English must contain contractions, hesitation fillers, and familiar Language.
f)	The more number of pages for presentation, the better presentation you can show to the audience.
g)	We should focus at the solution rather than the problem. How to build a solution is more important than understanding what the problem is.
h)	A thesis is a technically feasible plan for solving a problem.
i)	A thesis usually follows the chronology of how the research is conducted.
j)	The proposal is a formal document of which purpose is to prove that you have made an original contribution to knowledge.
k)	You should make it clear when the words or ideas that you are using are your own and when they are taken from another writer.
l)	Outlines can be used to help you prepare to write a single paragraph, a composition, a paper, or even a book.
m)	Abstract, Contents, Introduction, and Conclusions are read first by the readers or referees and therefore give very first impressions which are important.
n)	Plagiarism is stealing or copying other people's work without a formal permission or does not give credit to nor refer to.
o)	It is OK to paraphrase part of others' work without referring to the writer.
p)	Use graphs when you want to show exact data.
q)	To draw quantitative conclusions, you must use the actual numbers.
r)	When working through something, where the process is important, use the white board
s)	You should spend vast amounts of time drawing complex and beautiful diagrams for more impression of the readers.

t)	Use handouts for complex tables, with lots of figures, equations, and anything that cannot be understood within 30 seconds
Question 4 a) Give at	(20 marks; 20 minutes) least 3 reasons why we need to do research. (3 marks)
b) Explain (6 marks)	different aims in writing abstracts, introductions and conclusions
c) Why do marks)	o we need to do a literature survey? Give at least 3 reasons. (3
d) What do	by you need to do at the meeting with your supervisor? (3 marks)

e) (5	What are pitfalls and shortcomings of using marks)	the <i>Copy-and-Paste</i> method
•••••		
		•••••
		•••••
estion		(20 marks; 20 minutes)
a)	he following questions about research documen What do successful proposals need?	ts. (4 marks)
•••••		
		•••••
		•••••
b)	What are the pitfalls about writing a proposal	? (4 marks)
•••••		
•••••		
• • • • • • •		
c)	List the ethics in writing a research article.	(4 marks)
• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •		
•••••		
•••••		
•••••		•••••
d)	How do we write a literature survey?	(4 marks)
•••••		
•••••		
Name		ID

b) (2 marks) Parameters Number of Genotypes (G) Number of loci in Genotypes (L) SNPHAP Versions Number of Senotypes (L) SNPHAP Versions OMP Radix 4T, 8T, 16T	bot what are wrong with the following data representations. Also inform what should changed or added. a) (2 marks) 10000 1000 1000 1000 SEQ Radix. b) (2 marks) Parameters Number of Genotypes (G) Number of loci in Genotypes (L) SNPHAP Versions Values 500, 1,000, 2,000, 5,000, 10,000, 20,000, 40,000 51, 101, 151 original, -03, SEQ Radix,	e) E	Explain, at least 4	ways,	how to increase	e creativity. (4 marks)	•••••
bot what are wrong with the following data representations. Also inform what should changed or added. a) (2 marks) 10000 1000 1000 1000 SEQ Radix. b) (2 marks) Parameters Number of Genotypes (G) Number of loci in Genotypes (L) SNPHAP Versions Values 500, 1,000, 2,000, 5,000, 10,000, 20,000, 40,000 51, 101, 151 original, -O3, SEQ Radix, OMP Radix 4T, 8T, 16T	bot what are wrong with the following data representations. Also inform what should changed or added. a) (2 marks) 10000 1000 1000 1000 1000 SEQ Radix. b) (2 marks) Parameters Number of Genotypes (G) Number of loci in Genotypes (L) SNPHAP Versions Values 50, 1,000, 2,000, 5,000, 10,000, 20,000, 40,000 51, 101, 151 original, -03, SEQ Radix, OMP Radix 4T, 8T, 16T	• • • • • •	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	• • • • • • • •			
bot what are wrong with the following data representations. Also inform what should changed or added. a) (2 marks) 10000 1000 1000 1000 1000 1000 1000	bot what are wrong with the following data representations. Also inform what should changed or added. a) (2 marks) 10000 1000 1000 1000 1000 1000 1000	•••••					•••••
ot what are wrong with the following data representations. Also inform what should changed or added. a) (2 marks) 10000 1000 1000 1000 1000 1000 1000	ot what are wrong with the following data representations. Also inform what should changed or added. a) (2 marks) 10000 1000 1000 1000 1000 1000 1000	•••••					
b) (2 marks) Parameters Number of Genotypes (G) Number of loci in Genotypes (L) SNPHAP Versions Number of loci in Genotypes (L) SNPHAP Versions Number of loci in Genotypes (L) SNPHAP Versions Number of Ioci in Genotypes (L) SNPHAP Versions	b) (2 marks) Parameters Number of Genotypes (G) Number of loci in Genotypes (L) SNPHAP Versions Number of loci in Genotypes (L) SNPHAP Versions Number of loci in Genotypes (L) SNPHAP Versions Number of Ioci in Genotypes (L) SNPHAP Versions	•••••					•••••
b) (2 marks) Parameters Number of Genotypes (G) Number of loci in Genotypes (L) SNPHAP Versions Values 500, 1,000, 2,000, 5,000, 10,000, 20,000, 40,000 51, 101, 151 original, -03, SEQ Radix, OMP Radix 4T, 8T, 16T	b) (2 marks) Parameters Number of Genotypes (G) Number of loci in Genotypes (L) SNPHAP Versions Values 500, 1,000, 2,000, 5,000, 10,000, 20,000, 40,000 51, 101, 151 original, -O3, SEQ Radix, OMP Radix 4T, 8T, 16T	oot wha	at are wrong wit ged or added.	h the fo	ollowing data re		
b) (2 marks) Parameters Number of Genotypes (G) Number of loci in Genotypes (L) SNPHAP Versions Values 500, 1,000, 2,000, 5,000, 10,000, 20,000, 40,000 S1, 101, 151 original, -O3, SEQ Radix, OMP Radix 4T, 8T, 16T	Description			10000 =			
b) (2 marks) Parameters Number of Genotypes (G) Number of loci in Genotypes (L) SNPHAP Versions Values 500, 1,000, 2,000, 5,000, 10,000, 20,000, 40,000 S1, 101, 151 original, -O3, SEQ Radix, OMP Radix 4T, 8T, 16T	Description					and the same same	
SEQ Radix. Seq. Radix Seq	Description of SEQ Radix. SEQ Radix.		4	1000 +	The second secon		
Description of SEQ Radix. SEQ Radix.	SEQ Radix. SEQ		900	100			
Description of SEQ Radix. SEQ Radix.	SEQ Radix. SEQ		The 6	10		. 4	
b) (2 marks) Parameters Number of Genotypes (G) Number of loci in Genotypes (L) SNPHAP Versions Values 500, 1,000, 2,000, 5,000, 10,000, 20,000, 40,000 51, 101, 151 original, -O3, SEQ Radix, OMP Radix 4T, 8T, 16T	b) (2 marks) Parameters Number of Genotypes (G) Number of loci in Genotypes (L) SNPHAP Versions Values 500, 1,000, 2,000, 5,000, 10,000, 20,000, 40,000 S1, 101, 151 original, -O3, SEQ Radix, OMP Radix 4T, 8T, 16T		į	10	X	, +	
SEQ Radix. SEQ Radix.	SEQ Radix. SEQ Radix. SEQ Radix.			1			
SEQ Radix. SEQ	SEQ Radix. SEQ			0.1		white the control of	
SEQ Radix. SEQ	SEQ Radix. SEQ				51		
b) (2 marks) Parameters Values Number of Genotypes (G) 500, 1,000, 2,000, 5,000, 10,000, 20,000, 40,000 Number of loci in Genotypes (L) 51, 101, 151 SNPHAP Versions original, -O3, SEQ Radix, OMP Radix 4T, 8T, 16T	b) (2 marks) Parameters Values Number of Genotypes (G) 500, 1,000, 2,000, 5,000, 10,000, 20,000, 40,000 Number of loci in Genotypes (L) 51, 101, 151 SNPHAP Versions original, -O3, SEQ Radix, OMP Radix 4T, 8T, 16T				S		
$\begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc$							
Number of Genotypes (G) 500, 1,000, 2,000, 5,000, 10,000, 20,000, 40,000 Number of loci in Genotypes (L) 51, 101, 151 SNPHAP Versions original, -O3, SEQ Radix, OMP Radix 4T, 8T, 16T	Number of Genotypes (G) 500, 1,000, 2,000, 5,000, 10,000, 20,000, 40,000 Number of loci in Genotypes (L) 51, 101, 151 SNPHAP Versions original, -O3, SEQ Radix, OMP Radix 4T, 8T, 16T	b)	(2 marks)				
Number of loci in Genotypes (L) SNPHAP Versions 10,000, 20,000, 40,000 51, 101, 151 original, -O3, SEQ Radix, OMP Radix 4T, 8T, 16T	Number of loci in Genotypes (L) SNPHAP Versions 10,000, 20,000, 40,000 51, 101, 151 original, -O3, SEQ Radix, OMP Radix 4T, 8T, 16T						
OMP Radix 4T, 8T, 16T	OMP Radix 4T, 8T, 16T		Number of lo	ci in Ge		10,000, 20,000, 40,000 51, 101, 151	
			SNPHAP Ver	sions			
			Table	1. Para	ameter sets of our		
		Name				ID	

c) (2 marks)

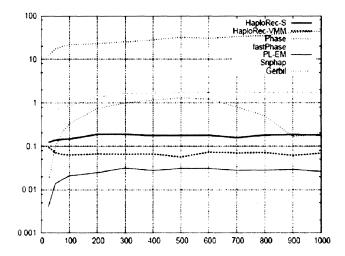


Fig. 1. Run time per genotype in seconds vs. Number of genotypes of each program (Loci=30) $\,$

.....

d) (2 marks)

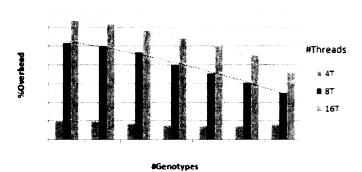


Fig. 5. %Overheads of OMP Radix SNPHAP on AMD A6-3650, L 51 loci

.....

Name_______ID_____

e) (2 marks)

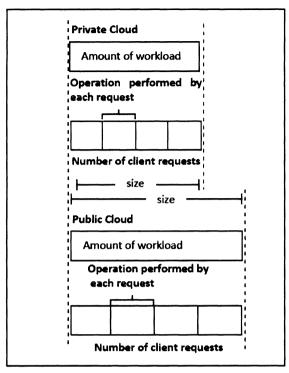


Fig. 1 Amount of workload in the Public Cloud and Private Cloud

•	on 7 (5 marks; 10 minutes)
	he following requirements, propose proper media. You want to compare groups or data with obvious differences.
b)	You want to show data that relates to the total number, data ratio or percentage.
c)	You want to show continuous data, the relationship between independent and dependent variables that have the same distance between data.
d)	You want to show continuous data and the relationship between two interested variables. The distances between data are not the same and it is required to find the regression relationship.
• • • •	You want to show just general data with some statistical analysis.

Questio Explain	n 8 how methodology is revealed in each p	(10 marks; 15 minutes) part of a research report.
a)	Introduction	(2.5 marks)
•••••		
•••••		
•••••		
•••••		
b)	Literature Review	(2.5 marks)
•••••		
•••••		
c)	Method	(2.5 marks)
·	Wednod	(2.0)
d)	Result and Discussion	(2.5 marks)
•••••		
•••••		
•••••		
•••••		
•••••		
•••••		
		Pichaya Tandayya
		Lecture
	An unanswered	question

Name_____ID____

an unquestioned answer.