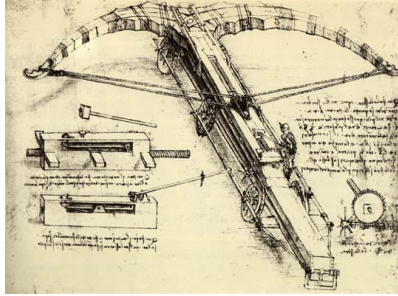


Ingénierie des systèmes d'information. TD 1-2-3-4-5

Sergey Kirgizov

ESIREM, 2020



Arbalète – système de gestion de données clé-valeur.

Objectif : concevoir un système de gestion de données clé-valeur.

Vous êtes libres d'utiliser votre langage de programmation préféré.

Mode du travail préférée : binômes.



EXERCICE 0. Télécharger le fichier `notes.txt` contenant les noms, prénoms et les notes des élèves :
<https://kirgizov.link/teaching/esirem/information-systems-2020/td-1-arbalet/notes.txt>

Arbalète v1



EXERCICE 1. Écrire un programme permettant d'ajouter, rechercher et supprimer des enregistrements de type (NOM-PRÉNOM, NOTE). Veuillez utiliser un tableau classique pour stocker l'ensemble d'enregistrements. **ATTENTION :** Il y a des personnes ayant plusieurs notes.



EXERCICE 2. En utilisant le programme de l'exercice 1, réaliser cinq programmes suivants. Mesurer leur temps d'exécution.

1. Charger des données depuis le fichier `notes.txt` vers votre système.
2. Compter la note moyenne de "Margaret Smith"
3. Récupérer des noms-prénoms de personnes avec une note > 19 .
4. Récupérer des noms-prénoms de personnes ayant 0 comme la note.
5. Compter le nombre de personnes ayant plusieurs notes.

Arbre B, (variante 2-3)



EXERCICE 3. Dessiner, étape par étape, une séquence d'arbres B (variante 2-3) obtenus par l'insertion des nombres suivants dans l'ordre suivant : 17, 3, 5, 59, 61, 13, 19, 23, 29, 31, 37, 41, 43, 47, 7, 11, 53, 67, 71, 73.

Forme de l'arbre

Le code génétique est souvent représenté par une séquence de bases nucléiques – adénine (A), cytosine (C), guanine (G) ou thymine (T). Nous appelons **codon** une séquence de trois nucléotides. Voici le début du code génétique de l'herpèsvirus humain type 6 :

```
TCCTCGCGTT TCAAAAATTA CTTTAACTC CCCGGGGGGG TAAAAAAG GGGGTATTA ACCCTAACCC TAACC ...
```

L'infection par ce virus cause habituellement une fièvre avec un exanthème subit (roséole infantile¹). Le code complet est disponible sur le site de Centre américain pour les informations biotechnologiques : https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_000898.



EXERCICE 4. Dessiner tous les arbres B (variante 2-3) qui peuvent être obtenus en ajoutant (dans différents ordres) les quatre premiers codons du code génétique suivants dans un arbre B initialement vide.

Arbalète v2



EXERCICE 5. Implémenter une base de données clé-valeur en se basant :
— soit sur votre propre réalisation de la structure “B-arbre” (variante 2-3);
— soit sur une implémentation libre de la structure “B-arbre”, disponible sur l'Internet.
La structure doit permettre d'effectuer au moins les opérations suivantes :
— recherche,
— insertion.

Clé: chaîne de caractères
Valeur: ensemble des nombres

Vous pouvez utiliser les clés comme les étiquettes des nœuds. Dans ce cas, le B-arbre va comparer les étiquettes. Cependant, nous nous intéressons non seulement aux étiquettes (qui représentent les noms et prénoms) mais aussi aux notes associées. Il faut donc stocker, en plus des étiquettes, la charge utile dans l'arbre B. Pour cela je vous conseille d'associer un tableau à chaque étiquette afin de stocker les valeurs de la charge utile, c'est-à-dire les notes des étudiants. L'utilisation d'un tableau pour chaque nœud est nécessaire, car dans les données initiales, il y a des personnes ayant plusieurs notes.



EXERCICE 6. Re-faire faire les cinq programmes de l'exercice 2 en utilisant la base de données de l'exercice 5. Comparer les performances de v1 et v2.

1. https://fr.wikipedia.org/wiki/Exanthème_subit

Arbalète v3



EXERCICE 7. *Implémenter un système à deux indices, en utilisant deux B-arbres simultanément.*

Indice 1 :

Clé: chaîne de caractères Valeur: ensemble des nombres

Indice 2 :

Clé: nombre entier Valeur: ensemble des chaînes de caractères
--



EXERCICE 8. *Re-faire les cinq programmes de l'exercice 2 avec la nouvelle structure et comparer les performances.*