

Die Handlungsschritte 1 bis 5 beziehen sich auf die folgende Ausgangssituation:

Sie sind Mitarbeiter/-in der BioScan GmbH, Astadt, einem Softwaredienstleister im Bereich Biometrie. Die BioScan GmbH erstellt Software zur Erfassung und Auswertung verschiedener biometrischer Daten.

Sie sollen vier der folgenden fünf Aufgaben erledigen:

1. Ein UML-Klassendiagramm erstellen
2. Eine Funktion zur Auswertung von Fingerabdrücken erstellen
3. Ein UML-Aktivitätsdiagramm erstellen
4. Ein ER-Diagramm erstellen
5. SQL-Anweisungen für eine Datenbank erstellen

1. Handlungsschritt (25 Punkte)

Die BioScan GmbH soll eine Software zur Erkennung und Speicherung von Fingerabdrücken und Handflächenabdrücken erstellen. Zur Vorbereitung der Programmierung soll ein UML-Klassendiagramm erstellt werden.

- a) In einem UML-Klassendiagramm können die folgenden Beziehungen vorkommen.
Beschreiben Sie jeweils kurz

aa) Assoziation.

2 Punkte

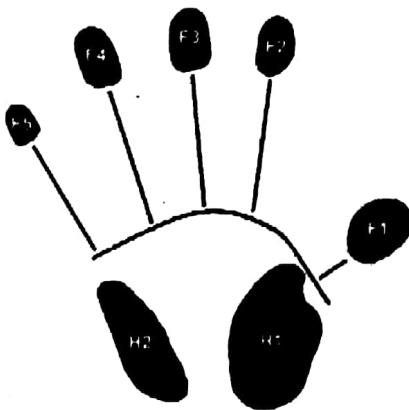
ab) Vererbung.

2 Punkte

ac) Komposition.

2 Punkte

- b) Für eine Person sollen von der linken und rechten Hand jeweils folgende Abdrücke gespeichert werden:



F1 bis F5: Abdrücke der fünf Finger

H1 und H2: Abdrücke der Handflächenbereiche

Zu jedem Abdruck sollen ein Bild und ein String gespeichert werden.

Die Zeichenkette enthält Beschreibungen derjenigen Merkmale des Abdrucks, die beim Vergleich von Fingerabdrücken verwendet werden.

Die Zeichenkette wird von der Methode *berechneZeichenkette()* anhand des Bildes berechnet.

Die Algorithmen zur Berechnung der Zeichenketten sind für Fingerabdruck und Handflächenabdruck unterschiedlich.

Es existiert bereits folgende Klasse *Abdruck*, die für das Klassendiagramm verwendet werden soll.

Abdruck
-: Bild
-: String
+berechneZeichenkette()

Erstellen Sie auf der Folgeseite ein UML-Klassendiagramm, das ...

- die Klassen *Person*, *Hand*, *Finger*, *Handflächenbereich*, *Abdruck*, *AbdruckFinger*, *AbdruckHandfläche* darstellt.
- die Beziehungen zwischen den Klassen mit ihren Kardinalitäten angibt.
- Geben Sie an, in welchen Klassen die Methode *berechneZeichenkette()* überschrieben werden muss.

19 Punkte

Hinweis: Notation zum UML-Klassendiagramm, siehe Seite 2 im Belegsatz

2. Handlungsschritt (25 Punkte)

Korrekturrand

Um herauszufinden, von welcher Person ein Fingerabdruck stammt, soll dieser mit Fingerabdrücken in einer Datenbank verglichen werden. Zu jedem in der Datenbank gefundenen Fingerabdruck wird ein Score ermittelt, der den Prozentsatz der Übereinstimmung angibt. Bei vollständiger Übereinstimmung beträgt der Score 100 %.

Die vorhandene Funktion *suche(abdruck)* gibt ein Array *matches* aus, das zu jedem gefunden Fingerabdruck einen Score, eine Personen-ID und eine Finger-ID enthält.

Die BioScan GmbH soll nun die Prozedur *auswertung* erstellen, die eine Fingerabdrucksuche durchführt und nur Daten der Fingerabdrücke ausgibt, deren Scores oberhalb eines bestimmten Schwellenwertes liegen.

Der Prozedur werden die folgenden drei Parameter übergeben

abdruck	Zeichenkette; Werte des Fingerabdruckbildes als Zeichenkette
schwelle	ganzzahliger Wert; Werte: 1 bis 100; gibt einen Score an, ab dem Fingerabdrücke aufgelistet werden sollen
finger	ganzzahliger Wert; 0 = Unbekannter Finger; 1 = Daumen rechts ... 10 = Kleiner Finger links

Folgende Funktionen und Prozeduren sollen verwendet werden:

Funktion	Beschreibung
<i>suche(abdruck)</i>	Durchsucht die Datenbank nach Fingerabdrücken, die Übereinstimmungen (Matches) mit dem der Prozedur übergebenen Fingerabdruck aufweisen. Bei einem Match werden die Übereinstimmung in Prozent (score), die Personen-ID und die Finger-ID (1, 2 ... 10) in einem Array vom Datentyp <i>Match</i> gespeichert: Match: {score: Integer; idPerson: Integer; idFinger: Integer}.
<i>laenge(array)</i>	Liefert die Länge des Arrays
<i>loesche(array, position)</i>	Löscht das Array-Element an der entsprechenden Position, die Array-Länge verkürzt sich dabei um 1. Das 1. Array-Element liegt an Position 0.

Zurückgegeben werden soll ein Array vom Datentyp *Match*:

- Das Array soll nur die Daten derjenigen Fingerabdrücke enthalten, deren Scores oberhalb des mit dem Übergabeparameter *schwelle* übergebenen Wertes liegen.
- Ist der Finger-Typ bekannt, von dem der Abdruck stammt (Übergabewerte *finger* = 1 bis 10), dann sollen nur Daten zu diesem Finger-Typ in das zurückzugebende Array übernommen werden, z. B. nur Daten zu rechten Zeigefingern (*idfinger* = 2), bei denen eine Übereinstimmung festgestellt wurde.
- Ist der Finger-Typ nicht bekannt, von dem der Abdruck stammt (Übergabewert *finger* = 0), dann sollen die Daten zu allen Finger-Typen (*idfinger* = 1 bis 10) in das zurückzugebende Array übernommen werden, bei denen eine Übereinstimmung festgestellt wurde.
- Das Array soll nach Score absteigend sortiert sein. Der Sortieralgorithmus muss selbst erstellt werden.

Beispiel:

Array *matches* vom Typ *Match*, das von der Funktion *suche(abdruck)* erstellt wird:

score	idPerson	idFinger
85	93334	2
80	48774	1
98	56446	2
71	33961	10
21	73447	2
81	49982	2

Array, das von der Prozedur *auswertung* zurückgegeben werden soll.

Übergabewerte: *schwelle* = 80 und *finger* = 2

score	idPerson	idFinger
98	56446	2
85	93334	2
81	49982	2

Stellen Sie auf der Folgeseite den Algorithmus der Prozedur *auswertung* in Pseudocode oder in einem Struktogramm oder als Programmablaufplan dar.