

# Proyecto Primera evaluación

Lucas Coronilla Salmerón

## Objetivo del proyecto:

El Proyecto desarrollado consta de una base de datos para una asociación cannábica con la cual debes de poder filtrar todas las plantas en stock y las que están fuera de stock ordenarlas por su tipo de genética (Indica o Sativa o si es dominante o hibrida(semi)) además de por su contenido de Tetrahidrocannabinol (Thc) y por su contenido de Cannabidiol (CBD) Además de poder ordenarla por precio de planta más cara a más barata y viceversa también he implementado la opción de que se pueda filtrar según la fecha de cultivo de cada planta para poder ver cuánto tiempo ha estado la planta envasada.

Ademas de contener etiquetas para que la búsqueda pueda ser más rápida tales como si la planta es sativa dominante y sin cbd las etiquetas serian (s,d,n)

En conclusión, lo que pretende el proyecto es que se pueda filtrar las plantas de tal manera que los clientes puedan encontrar la que más se adecue a sus gustos.

## Recursos utilizados querys:

**\$eq:** Indica que el valor es igual al valor introducido.

**\$lt:** Indica que el valor es menor al valor introducido.

**\$lte:** Indica que el valor es menor o igual al valor introducido.

**\$gt:** Indica que el valor es mayor al valor introducido.

**\$gte:** Indica que el valor es mayor o igual al valor introducido.

**\$or:** Devuelve todos los documentos que cumplen las condiciones de cualquiera de las cláusulas.

**\$and:** Devuelve todos los documentos que cumplen las condiciones de ambas cláusulas.

**\$in:** Devuelve todos los documentos dentro de los valores que hayamos introducido.

**\$ne:** selecciona los documentos donde el valor del campo no es igual al valor especificado.

**\$nin:** selecciona los documentos donde:el valor del campo no está especificado el campo no existe.

**\$not:** selecciona los documentos que no coinciden con la <expresión-operador>.

**\$nor:** realiza una operación NOR lógica en una matriz de una o más expresiones de consulta y selecciona los documentos que fallan en todas las expresiones.

**\$regex:** Proporciona capacidades de expresión regular para cadenas de coincidencia de patrones en consultas.

## Distintos campos utilizados:

\*Cadena de caracteres:

**tipo:"sativa".**

\*Números:

**thc: 32.**

\*Documento Incrustado:

**genetica{ tipo:"sativa",Predominancia:"dominante"} .**

\*Booleanos:

**stock:true**

\*Fecha:

**cosecha: new Date("2020,8,10").**

## Elemento para ordenar:

.sort({campo a ordenar:1 o -1}) para ordenar de forma ascendente o descendente.

## Consultas más relevantes:

```
/*Filtrar las plantas sativas con thc mayor al 15%  
con cbd none cosechadas antes de mayo y ordenadas  
por fecha*/
```

```
db.cultivo.find({$and:[{"genetica.tipo":{"$eq:"sativa"}},{thc:{$gt:15}},{co  
secha:{$lt: new Date("2020,5,0")}}]}).sort({cosecha:1})
```

```
*Filtrar las plantas que no empiezen por la letra "G"  
y que no tengan un precio menor o igual a 15 y que  
no sean de predominancia semi(hibrida)*/
```

```
db.cultivo.find({$and:[{planta:{$not:{$regex:"^G.*"}},{ $nor:[{precio:{$lt  
e:15}},{ "genetica.Predominancia":{"$eq:"semi"}}]}]}))
```

```
/*Filtrar las plantas por las etiquetas implementadas  
para que sea mas facil la busqueda s:(Sativa)  
d:(Dominante) n:(cbd:none)*/
```

```
db.cultivo.find({etiquetas:["s","d","n"]})
```

```
/*filtrar las plantas con cbd alto o bajo cosechadas  
en agosto*/
```

```
db.cultivo.find({$and:[{cbd:{$in:["alto","bajo"]},{ cosecha:{$lt:new  
Date("2020,9,0")}}, {cosecha:{$gt:new Date("2020,8,0")}}]}))
```

En github se pueden observar todas las consultas realizadas además de los metodos para insertar la base de datos.