# **生信数据**

## Kafka Topic分类

生信数据按照基因数据库、蛋白数据库、临床数据库三类kafka的topic

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **生信数据类型** | **Topic名称** | **描述** |
| 基因数据库 | genetic\_test\_database | 存放基因模块中疾病风险、遗传性疾病、个体特征、生活指导、用药指南、营养代谢、运动健身等7个方面的表数据。 |
| 蛋白数据库 | protein\_test\_database | 存放蛋白模块中《蛋白数据库-蛋白介绍》、《蛋白数据库-结果详情》等表数据 |
| 临床数据库 | clinical\_test\_database | 存放临床模块中《临床数据库-指标介绍》等表数据 |

## Kafka消息格式

### 2.1 格式

|  |
| --- |
| {    "sourceTable": "源表表名",  "database": "数据库名称",  "table\_type\_flag": "表类型标识（是否维度表）",  "timestamp": "时间戳",  "data": "具体的表字段数据" 和技术主键  } |

### 2.2 样例

|  |
| --- |
| #用户信息表  {  "sourceTable": "user\_table",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "false",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111", --技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成)字段  "user\_id": 25070801,  "user\_name": "李先生",  "sex": "男",  "age": "35岁",  "sample\_id": "25070801",  "report\_date": "25070801",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2024-01-01 10:30:00"  }  } |

## 生信数据表



### 3.1基因topic

#### 用户基础信息-1

1.简介

（1）描述：该部分为《个人健康检测报告》的序言部分，通常会简要说明个人健康检测的背景意义、检测范围和局限性等。它会指出，通过检测用户的基因、蛋白、临检指标等信息，可以帮助了解个人的遗传特征、健康风险、营养需求等多方面内容，让用户更好地认识自己，提前采取健康管理措施。同时，前言也会提醒用户，报告结果仅供参考，具体健康问题建议咨询专业医生或遗传咨询师。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：user\_basic\_info

**（4）是否维度表：**

1. 字段说明

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成)(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | String | 用户编号 |
| user\_name | String | 用户姓名 |
| sex | String | 用户性别 |
| age | String | 用户年龄 |
| sample\_id | String | 样本编号 |
| report\_date | String/timestamp | 报告日期 |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "user\_basic\_info",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "false",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": 25070801,  "user\_name": "李先生",  "sex": "男",  "age": "35岁",  "sample\_id": 25070801,  "report\_date": "2025-07-08",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2024-01-01 10:30:00"  }  } |

#### 用户维度信息-2

1.简介

（1）描述：该部分为《个人健康检测报告》的序言部分，通常会简要说明个人健康检测的背景意义、检测范围和局限性等。它会指出，通过检测用户的基因、蛋白、临检指标等信息，可以帮助了解个人的遗传特征、健康风险、营养需求等多方面内容，让用户更好地认识自己，提前采取健康管理措施。同时，前言也会提醒用户，报告结果仅供参考，具体健康问题建议咨询专业医生或遗传咨询师。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：user\_dimension\_info

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| letter\_to\_you | String | 致您的一封信 |
| disclaimer | String | 免责声明 |
| life\_story | String | 生命故事 |
| report\_index | String | 报告目录 |
| report\_guide | String | 报告导读 |
| health\_detection\_content | String | 健康检测内容 |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

1. JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "user\_dimension\_info",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "false",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  **"letter\_to\_you":** "尊敬的客户：  您好！  首先，衷心感谢您选择我们提供的全面《数智生命健康报告》服务。您的信任与支持是我们不断追求卓越的动力源泉。本报告整合了基因组测序、蛋白组检测、临床检验和智能穿戴设备的数据分析，旨在为您提供一个全方位了解自身健康的窗口，助您实现健康管理的个性化目标。  基因组测序揭示了您先天遗传信息中的疾病易感性，从根源探寻健康密码；蛋白组检测聚焦于生命活动的关键执行者——蛋白质，反映细胞当下功能状态及潜在异常；临床检验通过生化指标、免疫功能等检测，精准把握身体近期运行状况；智能穿戴设备则实时监测、持续追踪，为您勾勒出器官的动态健康画像。  重要的是，尽管我们的检测能够提供重要的健康参考信息，但维护良好的健康状况还需要您的积极参与。科学的生活方式调整，比如均衡饮食、规律运动、充足休息和减少压力，都是不可或缺的部分。我们将根据您的具体情况提出相应的建议，以帮助您优化生活方式，预防可能的健康问题。  您的健康并非一成不变，它是动态发展的。这次检测结果是一个现阶段的健康“快照”，它与您的生活习惯、环境因素相互交织，共同勾勒出未来健康走向的轮廓。我们期望通过这份报告，能助您更清晰地洞悉自我，将健康管理融入日常点滴，未病先防、既病防变。  此外，随着科学技术的不断发展，我们将持续更新和完善我们的检测技术和分析方法，确保为您提供最前沿、最精准的服务。如果您对本报告中的任何内容有任何疑问，或需要进一步的健康管理指导，请随时与我们联系。我们希望这份《数智生命健康报告》能够成为您健康旅程中的有力助手，为您揭示健康的秘密，为您的幸福生活保驾护航。再次感谢您选择我们的服务，祝您生活愉快！  深圳市留凤科技有限公司",  **"disclaimer":** "为确保您全面理解本次综合健康检测的意义和局限性，请仔细阅读以下声明：  检测范围与局限性  本检测整合了基因组测序、蛋白组检测、临床检验及智能穿戴设备的数据分析，旨在为您提供一个全方位的健康评估。然而，请注意：  特定范围的检测：本次检测主要关注特定范围内的基因位点信息、蛋白质表达水平、临床检验指标及通过智能穿戴设备获取的身体机能状态数据。对于未在范围内或超出技术能力限制的信息暂不涉及。  复杂性和技术限制：鉴于基因组和蛋白组的复杂性以及当前检测技术的局限性，我们无法覆盖所有相关疾病的所有潜在标志物。此外，低覆盖区域可能导致漏检，个体差异等因素可能引起假阳性和假阴性结果。  健康评估而非诊断：本检测从多维度评估您的健康状况，但并非医疗诊断结论。疾病风险评估需结合家族史、既往病史、外界环境及生活方式等多种因素进行综合考量，因此本检测无法确切预测您将来是否会患病。  样本真实性  请确保提供给我们的生物样品是您本人的，或者是您已获得合法授权采集的样本。若样品存在未经授权的情况，或存在法律和技术上的问题，由此引发的所有侵权和赔偿责任将由您全权承担，包括因委托我司服务而产生的相关责任。  隐私安全性  您的遗传基因信息、蛋白质表达数据、临床检验结果及通过智能穿戴设备收集的个人信息均为个人隐私。除必要的健康管理外，我们将严格保密您的个人资料和健康信息，并不会在未经您本人同意或无法律法规强制要求的情况下向第三方披露。为了保护您的隐私，本报告仅展示部分具有代表性的检测结果。  感谢您的理解和支持。我们致力于为您提供最优质的服务，同时保障您的权益和隐私安全。如果您对本免责声明有任何疑问，请随时联系我们。",  **"life\_story"**: "解读生命奥秘  每个人的身体都是一部独一无二的生命史诗，由基因、蛋白质表达、临床指标和日常活动等多维度信息编织而成。随着科学技术的发展，我们不仅能解码生命的文字——基因，还能通过分析蛋白组、临床检验数据以及智能穿戴设备的监测结果，全面理解身体的运作机制与健康状态。今天，让我们一起探索这部复杂的“生命之书”。  谱写生命蓝图  基因：基因是构成生命的基本单位，决定了我们的外貌、性格、天赋及对疾病的易感性。人类基因组包含约31.6亿个碱基对，构成了大约2万到2.5万个基因。  蛋白质：蛋白质作为基因指令的实际执行者，在身体的各项功能中扮演关键角色。通过对蛋白组的分析，我们可以了解体内各种生物过程的状态，包括免疫反应、代谢水平等。  临床检验：血液生化指标、免疫功能等临床检验数据为评估当前健康状况提供了重要依据。这些指标反映了身体在不同条件下的实际表现，有助于及时发现潜在问题。  智能穿戴：智能穿戴设备可以实时监控心率、睡眠质量、运动量等多项生理参数，帮助我们动态了解器官状态，如心脏、肺部等的功能状态。  管理健康风险  健康的维护是一个综合性的过程，涉及到基因、环境和个人生活方式的相互作用。例如，某些基因变异可能增加患病的风险，但通过健康的生活方式（均衡饮食、适量运动、充足休息）和科学的健康管理可以显著降低这些风险。同时，结合蛋白组的变化、临床检验的结果以及智能穿戴设备提供的连续监测数据，我们可以更加精准地预测和管理健康风险。  指导个性化生活  营养与健康：通过基因检测了解个体对特定营养素的需求，结合蛋白组分析和临床检验数据，制定个性化的营养计划，确保身体获得最佳支持。  运动潜能：利用基因和蛋白组数据揭示个体在耐力、爆发力等方面的潜力，结合智能穿戴设备记录的运动数据，设计最适合您的锻炼方案，提升运动效果。  疾病预防：对于具有遗传性疾病倾向的人群，早期识别相关基因变异，结合其他健康监测手段，采取预防措施，减少疾病发生的机会。  家族传承与责任  基因不仅影响个人健康，还关系到家族成员的健康状况。许多疾病具有遗传性，通过基因检测，我们可以了解自身是否携带这些疾病的致病变异，为家族提供重要的健康信息。此外，分享自己的健康管理和检测经验，可以帮助家庭成员更好地预防和控制疾病，共同构建一个更健康的未来。  在这段探索之旅中，我们希望这份《数智生命健康报告》能够成为您了解自我、优化生活的有力工具。通过整合基因组测序、蛋白组检测、临床检验和智能穿戴设备的数据，我们致力于为您提供最全面、最个性化的健康管理建议。愿这部“生命之书”引导您走向更加健康、美好的人生旅程。",  **"report\_index"**: "目录",  **"report\_guide":** "报告导读",  **"health\_detection\_content":** "",  **"create\_time"**: "2025-01-01 10:30:00",  **"update\_time"**: "2024-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **健康年龄评估**

1.简介

（1）描述：该部分汇总了通过检测蛋白标志物预测器官衰老与年龄的预测结果，包括生命整体健康衰老状态和各器官的衰老状态。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：health\_age\_assessment

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | String | 用户编号 |
| sample\_id | String | 样本编号 |
| bio\_age | String | 生物学年龄 |
| protein\_age | String | 蛋白预测年龄 |
| age\_delta | String | 预测年龄变化 |
| organ | String | 器官 |
| result\_desc | String | 结果说明 |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "health\_age\_assessment",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "false",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": 25070801,  "sample\_id": 25070801,  "bio\_age": "69",  "protein\_age": "67.8",  "age\_delta":"您的预测年龄比实际年轻1.2岁。",  "organ": "脂肪组织",  "result\_desc": "您的预测年龄超过55.21%的同龄人",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2024-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **器官风险评估**

1.简介

（1）描述：该部分通过智能穿戴设备检测人体组织器官的频率信号，实现对人体器官\组织健康风险的评估。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：organ\_risk\_assessment

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | String | 用户编号 |
| sample\_id | String | 样本编号 |
| organ | String | 器官或部位 |
| organ\_desc | String | 器官或部位介绍 |
| start\_time | String/timestamp | 检测起始时间 |
| end\_time | String/timestamp | 检测终止时间 |
| total\_tests | String | 检测总次数 |
| normal\_count | String | 结果正常次数 |
| abnormal\_count | String | 结果异常次数 |
| normal\_rate | String | 正常结果占比 |
| abnormal\_rate | String | 异常结果占比 |
| conclusion | String | 结论 |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "false",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "organ": "大脑",  "organ\_desc": "大脑作为人体中枢神经系统的核心，位于颅腔内，由数十亿神经元和更多神经胶质细胞构成，其结构包括灰质（神经元胞体）与白质（神经纤维）。大脑表面被大量脑回和脑沟覆盖，以增加皮质面积，提高处理能力。大脑分为左右半球，通过胼胝体连接；左半球在大多数人中主导语言与逻辑，右半球则在空间感知和非语言处理上更为活跃。内部结构包含基底节、丘脑和下丘脑，分别参与运动调节、感觉传导和内分泌/自主神经控制等。大脑不仅整合视觉、听觉等感官信息，还控制运动、调节情绪，并通过边缘系统参与情感生成，同时承担记忆、推理、决策等高级认知功能，如同一台协调全身功能的"超级计算机"。",  "start\_time": "2025-04-29 15:33:00",  "end\_time": "2025-05-01 15:33:00",  "total\_cnt": "50",  "normal\_cnt": "47",  "abnormal\_cnt": "3",  "normal\_rate": "0.94",  "abnormal\_rate": "0.06",  "conclusion": "在50次检测中，大脑健康状态稳定，94%的检测结果为正常范围（47次），6%的异常波动（3次）未提示显著风险。",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **遗传性疾病检测结果概览**

1.简介

（1）描述：该部分汇总了与遗传性疾病相关的基因、蛋白、生命标志物等检测结果，包括可能影响健康的遗传变异、蛋白标志物和临检指标等信息。报告会列出相关疾病发生的风险、临床意义及可能的健康影响，帮助用户了解自身潜在的遗传疾病倾向。但需注意，检测结果仅供参考，具体诊断和健康管理应咨询专业医生或遗传咨询师。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：genetic\_disease\_overview

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | string | 用户编号 |
| sample\_id | string | 样本编号 |
| test\_items | string | 检测项目 |
| focus\_items | string | 需重点关注项目 |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| inherit\_type | string | 遗传方式 |
| test\_dimension | string | 检测维度 |
| test\_indicator | string | 检测指标 |
| test\_result | string | 检测结果 |
| result\_abnormal | string | 结果异常 |
| result\_explain | string | 结果解读 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "test\_items": "1948项",  "focus\_items": "1项",  "item\_code": "GD\_1255",  "item\_name": "肝豆状核变性",  "inherit\_type": "常染色体隐性遗传",  "test\_dimension": "基因/蛋白/临床检验",  "test\_indicator": "ATP7B/CHLE、CERU、GFAP、NFL4/铜蓝蛋白（CER）、血清铜（Cu）、游离铜（FCu）",  "test\_result": "携带1个纯合已知致病突变",  "result\_abnormal": "结果异常",  "result\_explain": "受检者基因层面检出 ATP7B 基因 c.2304del (p.Met769fs) 纯合移码突变，该突变为已知致病突变。蛋白层面检测显示铜转运蛋白功能异常。临床指标检测显示铜蓝蛋白 (CER) 降低、血清铜 (Cu) 降低、游离铜 (FCu) 升高，均符合肝豆状核变性的典型生化改变。ATP7B 基因相关的肝豆状核变性 (Wilson病) 为常染色体隐性遗传疾病。受检者在该基因位点为纯合致病突变，意味着其两条 ATP7B 基因均发生失功能性突变。结合蛋白层面功能异常及特征性的铜代谢异常临床指标，受检者的肝豆状核变性 (Wilson病)患病风险为风险高。",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2024-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **疾病风险检测结果概览**

1.简介

（1）描述：该部分分析了与常见疾病（如心血管疾病、糖尿病等）相关的遗传风险因素，提供基于基因、蛋白、生命标志物等检测结果的风险评估。报告旨在帮助用户提前了解可能的健康风险，以便采取预防措施。但需注意，该健康检测结果不等同于疾病诊断，实际健康管理仍需结合临床检查和专业建议。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：disease\_risk\_overview

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | string | 用户编号 |
| sample\_id | string | 样本编号 |
| test\_items | string | 检测项目 |
| high\_risk | string | 风险高项目 |
| higher\_risk | string | 风险较高项目 |
| normal\_risk | string | 风险正常项目 |
| lower\_risk | string | 风险较低项目 |
| low\_risk | string | 风险低项目 |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| test\_result | string | 检测结果 |
| result\_explain | string | 结果解读 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "test\_items": "237项",  "high\_risk": "2项",  "higher\_risk": "6项",  "normal\_risk": "208项",  "lower\_risk": "16项",  "low\_risk": "5项",  "item\_code": "DR\_72",  "item\_name": "高血压",  "test\_result": "风险高",  "result\_explain": "检测结果显示，受检者携带ADD1、CALCA等多个与高血压相关基因的风险位点，科学研究证实与高血压发病风险显著升高相关，提示潜在健康隐患。建议加强风险防控，包括定期体检、坚持适度运动、避免高盐高脂饮食，并咨询专业医生制定个性化管理计划，以有效降低疾病发生概率。",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **用药指南检测结果概览**

1.简介

（1）描述：该部分基于基因、蛋白、生命标志物等多维检测，提供个体对不同药物的代谢能力、疗效和不良反应风险的分析。报告可用于指导个性化用药，但实际用药方案仍需由医生结合临床情况综合评估。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：medication\_guide\_overview

**（4）是否维度表：**

1. 字段说明

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | string | 用户编号 |
| sample\_id | string | 样本编号 |
| test\_items | string | 检测项目 |
| focus\_items | string | 需重点关注项目 |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| test\_result | string | 检测结果 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "test\_items": "105项",  "focus\_items": "7项",  "item\_code": "MG\_16",  "item\_name": "亚叶酸",  "test\_result": "谨慎用药",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **营养代谢检测结果概览**

1.简介

（1）描述：该部分基于基因、蛋白、生命标志物等多维检测评估了营养吸收与代谢情况，如维生素需求、乳糖耐受性、咖啡因代谢等。报告可帮助用户优化饮食结构，但具体营养建议需结合个人健康状况和专业指导。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：nutrition\_metabolism\_overview

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | string | 用户编号 |
| sample\_id | string | 样本编号 |
| test\_items | string | 检测项目 |
| outstanding | string | 相对出众项目 |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| item\_detail | string | 项目详情 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "test\_items": "41项",  "outstanding": "6项",  "item\_code": "NM\_20",  "item\_name": "钙营养需求",  "item\_detail": "钙营养需求稍高",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **运动健身检测结果概览**

1.简介

（1）描述：该部分分析了与运动表现、恢复能力、损伤风险关联基因、蛋白、生命标志物等，提供个性化运动建议。报告可用于制定更科学的锻炼计划，但实际训练安排需结合个人体能和健康状况。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：fitness\_exercise\_overview

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | string | 用户编号 |
| sample\_id | string | 样本编号 |
| test\_items | string | 检测项目 |
| outstanding | string | 相对出众项目 |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| item\_detail | string | 项目详情 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "test\_items": "19项",  "outstanding": "4项",  "item\_code": "EF\_2",  "item\_name": "运动积极性",  "item\_detail": "运动积极性差",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **个体特征检测结果概览**

1.简介

（1）描述：该部分析了与个体生理特征（如皮肤老化、味觉偏好、睡眠模式等）关联基因、蛋白、生命标志物等，帮助用户了解身体特质。报告结果仅供参考，具体表现可能受环境和生活方式影响。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：individual\_characteristics\_overview

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | string | 用户编号 |
| sample\_id | string | 样本编号 |
| test\_items | string | 检测项目 |
| outstanding | string | 相对出众项目 |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| item\_detail | string | 项目详情 |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "test\_items": "86项",  "outstanding": "10项",  "item\_code": "IC\_18",  "item\_name": "",  "item\_detail": "湿性耳垢",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **生活指导检测结果概览**

1.简介

（1）描述：该部分分析了与日常生活特征（如环境风险、感染风险和生活习惯）关联基因、蛋白、生命标志物等，帮助用户优化日常生活方式和健康管理，但实际应用需结合个人体质和健康状况。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：lifestyle\_guidance\_overview

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | string | 用户编号 |
| sample\_id | string | 样本编号 |
| test\_items | string | 检测项目 |
| outstanding | string | 相对出众项目 |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| item\_detail | string | 项目详情 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "test\_items": "28项",  "outstanding": "5项",  "item\_code": "LG\_10",  "item\_name": "肝炎病毒",  "item\_detail": "人类免疫缺陷病毒感染风险较低，感染人类免疫缺陷病毒后继发疾病遗传风险较低",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **个性化健康管理建议**

1.简介

（1）描述：该部分基于用户的多维健康检测结果，整合遗传性疾病风险、药物代谢能力、营养需求、运动适应性、个体特征等多维度数据，提供定制化的健康管理方案。报告结合科学研究和临床指南，从疾病预防、用药安全、饮食优化、运动计划、生活习惯等方面给出针对性建议，帮助用户更精准地管理健康。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：personalized\_health\_advice

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | string | 用户编号 |
| sample\_id | string | 样本编号 |
| report\_summary | string | 报告概述 |
| prevention | string | 预防措施 |
| screening | string | 体检筛查 |
| treatment | string | 治疗方式 |
| suggestion | string | 生活建议 |
| mental\_health | string | 心理健康与社交 |
| other\_notes | string | 其他注意事项 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "report\_summary": "本次检测融合基因、蛋白、临床检验和智能穿戴多维角度，全方位评估您的健康状况。基于您的个人健康检测结果，从预防未病、精准筛查、规范治疗和优化生活等关键维度，为您绘制如下个性化健康管理方案：",  "prevention\_measures": "（一）遗传性疾病预防：您的肝豆状核变性（Wilson病）患病风险评估显示风险高，建议生育规划和家庭成员筛查。（二）高血压风险防控：携带ADD1、CALCA等多个与高血压相关基因的风险位点，建议饮食调整、规律运动、体重管理、限制饮酒、压力管理。（三）阿尔茨海默病风险防控：携带AP2A2、CELF1等多个相关基因的风险位点，建议认知训练、生活方式干预、社交活动。",  "health\_screening": "（一）肝豆状核变性相关检查：定期进行肝肾功能、血清铜蓝蛋白、24小时尿铜等检测，每3-6个月检查一次。（二）高血压相关检查：每半年或一年进行一次全面体检，包括测量血压、血脂、血糖、肾功能等指标。（三）阿尔茨海默病筛查：每年进行一次认知功能筛查，如简易精神状态检查量表（MMSE）等。",  "treatment\_methods": "（一）肝豆状核变性治疗：主要采用螯合剂如青霉胺等药物治疗，促进体内铜的排泄。（二）高血压治疗：如果血压升高至需要药物治疗的程度，应根据医生建议选择合适的降压药物。（三）阿尔茨海默病治疗：目前尚无特效治疗方法，但如果出现认知功能下降等症状，可在医生指导下使用一些改善认知功能的药物。",  "life\_suggestions": "（一）饮食调整：钙、蛋白质、镁营养需求稍高，应适当增加富含优质蛋白质和钙的食物摄入。（二）运动健身：运动积极性差，但爆发力较强，建议选择乒乓球、羽毛球、短跑等需要爆发力的运动。（三）生活习惯调整：避免吸烟和过度饮酒，保持规律的作息时间。（四）个体特征护理：湿性耳垢、卷发可能性高、抗寒能力强、学习能力强、长寿可能性高。",  "mental\_health": "积极关注自身心理健康，保持积极乐观的心态。如果出现焦虑、抑郁等情绪问题，及时寻求心理医生或心理咨询师的帮助。积极参与社交活动，与家人、朋友保持良好的关系，建立广泛的社会支持网络。",  "other\_notes": "在使用药物时，建议在医生指导下根据药物基因组检测结果中的用药提示进行用药。对于需要谨慎用药的药物，要密切观察用药后的反应。您在日常生活中可主动学习和了解与自身健康相关的信息，提高自我健康管理能力。",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **报告结果说明**

1.简介

（1）描述：该部分为《个人健康检测报告》的通用说明，包括数据解读方法、专业术语解释、报告局限性等内容，帮助用户正确理解检测结果。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：report\_result\_description

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| genetic\_disease\_note | string | 遗传性疾病报告结果说明 |
| disease\_risk\_note | string | 疾病风险报告结果说明 |
| drug\_guide\_note | string | 用药指南报告结果说明 |
| nutrition\_note | string | 营养代谢报告结果说明 |
| exercise\_note | string | 运动健身报告结果说明 |
| trait\_note | string | 个体特征报告结果说明 |
| life\_guide\_note | string | 生活指导报告结果说明 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "genetic\_disease\_explain": "遗传性疾病概述：遗传性疾病是指由特定基因变异导致的疾病，在人类中已知超过8000种。遗传病携带者是指那些体内携带致病突变但自身并不表现出病症的个体。多维度风险评估整合了基因检测、蛋白检测、临床检验和智能穿戴监测技术进行综合评估。",  "disease\_risk\_explain": "疾病的发生是遗传因素、环境因素以及压力、心情等多方面共同作用的结果。随着科技的发展，我们采用多维度检测手段，更全面地评估疾病风险。风险倍数是指对比正常人群的风险比值。风险等级包括风险高、风险较高、风险正常、风险较低、风险低。",  "medication\_guide\_explain": "人体健康状态和对治疗的反应受多种因素影响，包括遗传因素、生物标志物表达、临床生理指标以及器官功能状态。本报告基于您的多维度健康数据，结合当前药物基因组学、蛋白组学、临床检验学和智能监测技术的研究进展，从多角度评估您的药物代谢能力。",  "nutrition\_metabolism\_explain": "营养代谢是指人体对食物中营养成分的摄取、吸收、利用和排泄的过程。每个人的营养代谢能力受基因、蛋白、生化免疫指标以及器官健康状态等多方面因素影响。本报告融合基因检测、蛋白检测、临床检验及智能穿戴设备监测数据，结合前沿医学研究进展，从多维度评估您的营养代谢能力。",  "exercise\_fitness\_explain": "运动健身受基因、蛋白表达、生化指标及器官功能等多方面影响。基因检测可揭示与运动相关的遗传特征；蛋白检测能反映肌肉代谢与炎症状态；临床检验可评估身体基础健康状况；智能穿戴设备则能实时监测运动中的生理数据。",  "individual\_traits\_explain": "个体特征是指个体在外貌、性格、能力、情感等方面所具有的独特特点。这些特征是每个人独特的标签，具有独特特征，往往与生俱来，且很难受外界因素影响发生改变。特质没有好坏之分，不同的特征可能让我们拥有不同的潜能。",  "life\_guidance\_explain": "生活指导报告综合运用基因检测、蛋白检测、临床检验及智能穿戴设备监测数据，旨在全方位剖析您在饮食习惯、感染抗性、风险倾向等方面的独特特征。这些特征如同与生俱来的个性标签，通常难以被外界因素轻易改变。",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **健康检测项目分类**

1.简介

（1）描述：该部分对多维健康检测涵盖的项目类别进行系统分类，便于用户快速了解检测范围和内容结构。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：health\_test\_project\_categories

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| item\_type | string | 项目类别 |
| item\_subtype | string | 项目子类 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "item\_code": "GD\_1",  "item\_name": "Ablepharon-Macrostomia综合征",  "item\_category": "遗传性疾病",  "item\_subcategory": "常染⾊体显性遗传病",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **基因数据库-遗传性疾病-常识-1**

1.简介

（1）描述：该部分提供与遗传性疾病相关的基础知识，帮助用户深入理解报告内容。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_genetic\_disease\_knowledge

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| disease\_intro | string | 疾病介绍 |
| main\_symptom | string | 主要症状 |
| epidemiology | string | 流行病学 |
| onset\_time | string | 发病时间 |
| pathogenesis | string | 发病机制 |
| genetic\_bg | string | 遗传背景 |
| risk\_factor | string | 风险因素 |
| prevention | string | 预防措施 |
| screening | string | 体检筛查 |
| treatment | string | 治疗方式 |
| suggestion | string | 健康建议 |
| references | string | 参考文献 |
| disclaimer | string | 声明 |
| item\_type | string | 项目类别 |
| item\_subtype | string | 项目子类 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "item\_code": "GD\_1",  "item\_name": "Ablepharon-Macrostomia综合征",  "disease\_intro": "Ablepharon-Macrostomia综合征（Ablepharon-Macrostomia Syndrome, AMS, OMIM 200110）是一种常染色体显性遗传病，其特征为眼睑缺失、大口畸形、小口畸形、皮肤多余、毛发稀疏、鼻耳畸形、乳头、生殖器、手指和手的各种异常，智力和运动发育基本正常，生长不良。",  "main\_symptoms": "头颈部异常：颧弓缺失、外耳不发育；无眼睑、隐眼、小睑裂、无眉毛、睫毛缺失、眼轮匝肌肥大；鼻形状异常、外侧鼻翼缺损；大口畸形、上唇短、双侧下唇缺损、唇裂不融合、牙龈缺失。骨骼异常：手指发育不全、掌骨缩短、五指外翻、脚趾发育不全、马蹄内翻足。皮肤、指甲和头发异常：皮肤粗糙、皮肤干燥、多余褶皱、无毛。其他症状：乳头缺失或不发育；腹股沟疝；生殖器不明显、模糊生殖器；语言发育迟缓。",  "epidemiology": "Ablepharon-Macrostomia综合征是一种极为罕见的遗传性疾病，全球文献报道不足100例，无明确种族或地域偏好，男女均可发病。",  "onset\_time": "出生时即表现明显，所有特征在新生儿期即可识别。",  "pathogenesis": "主要由TWIST2基因的杂合突变引起。TWIST2基因编码一种碱性螺旋-环-螺旋转录因子，参与胚胎发育中细胞凋亡、迁移及组织分化调控。TWIST2基因突变导致其编码的转录因子功能异常，引起头面部发育障碍、皮肤和软组织异常、骨骼发育缺陷。",  "genetic\_background": "Ablepharon-Macrostomia综合征是常染色体显性遗传病。父母中有一方为患者时，若患者基因型纯合，则子女100%遗传该病；若患者基因型杂合，则子女有50%的几率遗传该病，但也可能存在新发突变的情况。",  "risk\_factors": "家族史：父母中若有Ablepharon-Macrostomia综合征患者或携带者，子女患病风险增加。",  "prevention\_measures": "1.对于有家族史的夫妇，建议进行遗传咨询和基因检测，评估后代患病风险。2.通过羊水穿刺或绒毛膜取样检测胎儿是否携带TWIST2基因突变。3.妊娠中期产前超声可能发现严重面部畸形，如无眼睑、巨口。",  "health\_screening": "临床评估：1.面部畸形如无眼睑、大嘴；皮肤缺损、肢体短缩等典型特征。2.神经系统检查评估智力及运动功能。影像学检查：1.头颅MRI评估脑部发育异常，如小脑发育不良。2.骨骼X线或CT检测脊柱侧弯、胸廓畸形等。基因检测：通过检测TWIST2等基因突变以评估疾病发生的风险。",  "treatment\_methods": "多学科综合治疗：1.整形外科修复眼睑、口部畸形，改善功能与外观。2.骨科矫正脊柱侧弯、肢体畸形，如手术或支具治疗。3.皮肤科处理皮肤缺损，如皮肤移植。康复干预：1.物理治疗改善肌张力及运动能力。2.语言治疗及特殊教育支持智力发育。营养管理：鼻饲或胃造瘘辅助喂养，纠正营养不良。心理支持：家庭心理辅导，应对疾病带来的社会适应问题。",  "health\_suggestions": "日常护理：1.保持皮肤清洁，预防感染；定期复查皮肤缺损部位。2.使用防护眼镜保护无眼睑的眼部。社会适应：1.早期干预计划，如特殊教育、社交技能训练。2.鼓励参与适应性体育活动，如水疗、轻度运动。家庭支持：1.建立规律作息，减少环境刺激引发焦虑。2.加入患者支持团体，获取专业指导与情感支持。",  "references": "[1] Landrum M J, Lee J M, Benson M, et al. ClinVar: public archive of interpretations of clinically relevant variants[J]. Nucleic acids research, 2016, 44(D1): D862-D868. [2] Landrum M J, Lee J M, Riley G R, et al. ClinVar: public archive of relationships among sequence variation and human phenotype[J]. Nucleic acids research, 2014, 42(D1): D980-D985. [3] Price N J, Pugh R E, Farndon P A, et al. Ablepharon macrostomia syndrome[J]. British journal of ophthalmology, 1991, 75(5): 317-319. [4] Rohena L ,Kuehn D ,Marchegiani S ,et al.Evidence for autosomal dominant inheritance of ablepharon-macrostomia syndrome[J].American Journal Of Medical Genetics. Part A,2011,155A(4):850-4. [5] Stevens C A, Sargent L A. Ablepharon‐macrostomia syndrome[J]. American journal of medical genetics, 2002, 107(1): 30-37.",  "disclaimer": "该检测结果仅供参考，不可作为临床诊断依据。",  "item\_category": "单基因疾病",  "item\_subcategory": "常染⾊体显性遗传病",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **基因数据库-遗传性疾病-结论-2**

1.简介

（1）描述：该部分提供与遗传性疾病相关的遗传模式及检测结论的详细说明，帮助用户深入理解报告内容。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_genetic\_disease\_conclusion

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | string | 用户编号 |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| sample\_id | string | 样本编号 |
| conclusion\_term | string | 结论-术语 |
| conclusion\_item | string | 结论-项目 |
| conclusion\_res | string | 结论-结果 |
| item\_type | string | 项目类别 |
| item\_subtype | string | 项目子类 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "item\_code": "GD\_1",  "item\_name": "Ablepharon-Macrostomia综合征",  "sample\_id": "25070801",  "conclusion\_term": "您的基因检测结果显示",  "conclusion\_item": "Ablepharon-Macrostomia综合征",  "conclusion\_res": "未携带",  "item\_type": "单基因疾病",  "item\_subtype": "常染⾊体显性遗传病",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **基因数据库-遗传性疾病-基因**

1.简介

（1）描述：该部分列出与遗传性疾病相关的关键基因及其功能，提供科学依据支持检测结果。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_genetic\_disease\_genes

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| gene | string | 基因 |
| gene\_desc | string | 基因描述 |
| item\_type | string | 项目类别 |
| item\_subtype | string | 项目子类 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "item\_code": "GD\_1",  "item\_name": "Ablepharon-Macrostomia综合征",  "gene": "TWIST2",  "gene\_desc": "该基因位于2号染色体（2q37.3），编码的蛋白是基本骨架链-链状结构域转录因子，与Twist具有相似性。该蛋白可能抑制成骨细胞的分化和维持成骨细胞的早期表型，该基因在某些癌症中可能表达上调。已发现编码相同蛋白质的两种转录变体。",  "item\_type": "遗传性疾病",  "item\_subtype": "常染色体显性遗传病",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **基因数据库-遗传性疾病-变异位点**

1.简介

（1）描述：该部分详细说明检测的特定基因位点及其与遗传性疾病的关联，帮助用户了解具体的遗传变异信息。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_genetic\_disease\_variants

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | string | 用户编号 |
| sample\_id | string | 样本编号 |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| gene | string | 基因 |
| locus | string | 位点 |
| chr\_position | string | 染色体位置 |
| locus\_detail | string | 位点详情 |
| ref\_genotype | string | 参考基因型 |
| test\_genotype | string | 检测基因型 |
| zygosity | string | 合子类型 |
| test\_result | string | 检测结果 |
| result\_explain | string | 结果解读 |
| scientific\_detail | string | 科学详情 |
| item\_type | string | 项目类别 |
| item\_subtype | string | 项目子类 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "item\_code": "GD\_1",  "item\_name": "Ablepharon-Macrostomia综合征",  "gene": "TWIST2",  "locus": "rs1553565140",  "chr\_position": "chr2:238848438",  "locus\_detail": "NM\_001271893.4:c.223G>A (p.Glu75Lys)",  "ref\_genotype": "G/G",  "test\_genotype": "G/G",  "zygosity": "纯合",  "test\_result": "未携带",  "result\_explain": "-",  "scientific\_detail": "-",  "item\_type": "遗传性疾病",  "item\_subtype": "常染⾊体显性遗传病",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **基因数据库-疾病风险-位点**

1.简介

（1）描述：该部分详细说明检测的基因位点及其对疾病风险的影响，帮助用户了解具体的遗传变异数据。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_disease\_risk\_loci

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | string | 用户编号 |
| sample\_id | string | 样本编号 |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| gene | string | 基因 |
| locus | string | 位点 |
| chr\_position | string | 染色体位置 |
| ref\_genotype | string | 参考基因型 |
| test\_genotype | string | 检测基因型 |
| test\_result | string | 检测结果 |
| item\_type | string | 项目类别 |
| item\_subtype | string | 项目子类 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "item\_code": "DR\_1",  "item\_name": "鼻咽癌",  "gene": "ITGA9",  "locus": "rs189897",  "chr\_position": "chr3:37477054",  "ref\_genotype": "T/T",  "test\_genotype": "T/T",  "test\_result": "风险正常",  "item\_type": "疾病风险",  "item\_subtype": "呼吸系统",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **基因数据库-疾病风险-常识-1**

1.简介

（1）描述：该部分介绍常见疾病的遗传风险因素、科学依据，帮助用户理解疾病风险评分的背景。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_disease\_risk\_knowledge

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| disease\_intro | string | 疾病介绍 |
| main\_symptom | string | 主要症状 |
| epidemiology | string | 流行病学 |
| onset\_time | string | 发病时间 |
| pathogenesis | string | 发病机制 |
| genetic\_bg | string | 遗传背景 |
| risk\_factor | string | 风险因素 |
| prevention | string | 预防措施 |
| screening | string | 体检筛查 |
| treatment | string | 治疗方式 |
| suggestion | string | 健康建议 |
| references | string | 参考文献 |
| disclaimer | string | 声明 |
| item\_type | string | 项目类别 |
| item\_subtype | string | 项目子类 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "item\_code": "DR\_1",  "item\_name": "鼻咽癌",  "disease\_intro": "鼻咽癌（Nasopharyngeal Carcinoma, NPC, OMIM 607107）是指起源于⿐咽粘膜上⽪和腺体的恶性肿瘤，也被称“⼴东瘤（Canton tumor）”。常发⽣于⿐咽顶后壁的顶部，其次为侧壁，发⽣于前壁及底壁者极为少⻅，发病⼈群⼤多为中年⼈，亦有⻘少年。世界卫⽣组织调查报道，全球有80%的⿐咽癌患者在中国。中国南⽅⿐咽癌的发病率较⾼，如⼴东、⼴⻄、湖南等省，特别是⼴东的中部和⻄部的肇庆、佛⼭和⼴州地区更⾼。据报道，居住在⼴东省中部以及讲⼴东地⽅语的男性，其发病率为30/10万～50/10万。就全国⽽⾔，⿐咽癌的发病率由南到北逐渐降低，如最北⽅的发病率不⾼于2/10万～3/10万。",  "main\_symptom": "⿐塞、涕中级⾎等⿐部症状，⽿鸣、⽿闷堵感、听⼒下降等⽿部症状，并可能伴有复视及头痛等。",  "epidemiology": "中国鼻咽癌的发病率约为2.4/10万，全球发病率约为1-2/10万，东南亚和中国南方地区发病率较高。男性发病率高于女性。",  "onset\_time": "通常在40岁以上发病，但也可能发生于年轻人。",  "pathogenesis": "遗传因素：HLA基因变异与鼻咽癌相关。家族史：有鼻咽癌家族史的个体患病风险增加。EB病毒感染：EB 病毒感染与鼻咽癌密切相关。环境因素：咸鱼、腌制食品过量摄入导致患病风险增加。免疫因素：免疫系统异常可能促进EB 病毒相关肿瘤发生。",  "genetic\_bg": "易感基因：HLA基因与鼻咽癌易感性相关。遗传方式：多基因遗传，有鼻咽癌家族史是重要风险因素。环境因素：咸鱼腌制食品过量摄入，吸烟，甲醛、木尘造成的职业暴露等因素可能触发疾病。",  "risk\_factor": "一般特征：男性风险高于女性。40岁以上人群风险显著增加。EB病毒感染：与鼻咽癌密切相关。家族史：有鼻咽癌家族史的个体风险增加。饮食：咸鱼、腌制食品过量摄入。",  "prevention": "健康饮食：减少咸鱼、腌制食品摄入，增加蔬菜和水果摄入。戒烟：戒烟有助于降低鼻咽癌风险。EB病毒疫苗：目前尚无有效疫苗，但研究正在进行中。早期筛查：对有家族史的高危人群定期进行EB 病毒检测和鼻咽镜检查。",  "screening": "鼻咽镜检查：直接或间接鼻咽镜检查，评估鼻咽部病变。影像学检查：CT或MRI检查评估肿瘤范围和淋巴结转移。EB病毒检测：如EB病毒DNA、EB病毒抗体检测。组织活检：取病变组织进行病理检查，确诊鼻咽癌。",  "treatment": "放疗：是鼻咽癌的主要治疗手段，适用于各期鼻咽癌。化疗：推荐顺铂、5-氟尿嘧啶，通常与放疗联合使用。靶向治疗：推荐西妥昔单抗，用于晚期或复发性鼻咽癌。免疫治疗：使用PD-1抑制剂用于晚期或复发性鼻咽癌，推荐帕博利珠单抗。手术治疗：适用于放疗后残留或复发病例。",  "suggestion": "健康饮食：减少咸鱼、腌制食品摄入，增加蔬菜和水果摄入。戒烟：戒烟有助于降低复发风险。心理支持：保持积极心态，必要时寻求心理支持或加入患者互助小组。定期随访：定期复诊，监测病情和复发。",  "references": "[1] BEI J-X, LI Y, JIA W-H, et al. ...",  "disclaimer": "该检测结果仅供参考，不可作为临床诊断依据。",  "item\_type": "疾病风险",  "item\_subtype": "呼吸系统",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **基因数据库-疾病风险-结论-2**

1.简介

（1）描述：该部分介绍常见疾病的遗传风险因素、科学依据及检测结论，帮助用户理解疾病风险评分的背景。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_disease\_risk\_conclusion

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | string | 用户编号 |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| sample\_id | string | 样本编号 |
| conclusion\_term | string | 结论-术语 |
| conclusion\_item | string | 结论-项目 |
| conclusion\_res | string | 结论-结果 |
| item\_type | string | 项目类别 |
| item\_subtype | string | 项目子类 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "item\_code": "DR\_1",  "item\_name": "鼻咽癌",  "sample\_id": "25070801",  "conclusion\_term": "您的基因检测结果显示",  "conclusion\_item": "鼻咽癌",  "conclusion\_res": "风险正常",  "item\_type": "疾病风险",  "item\_subtype": "呼吸系统",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **基因数据库-疾病风险-基因**

1.简介

（1）描述：该部分列出与疾病风险相关的基因及其作用机制，提供更深入的遗传学解释。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_disease\_risk\_genes

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| gene | string | 基因 |
| gene\_desc | string | 基因描述 |
| item\_type | string | 项目类别 |
| item\_subtype | string | 项目子类 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "item\_code": "DR\_1",  "item\_name": "鼻咽癌",  "gene": "CDKN2B-AS1",  "gene\_desc": "该基因位于第9号染色体（9p21.3），基因产物是一种功能性 RNA 分子，可与多聚核抑制复合体-1（PRC1）和-2（PRC2）相互作用，导致该基因簇中其他基因的表观遗传沉默。该区域是心血管疾病的重要遗传易感基因位点，也与其他一些病症有关，包括多种癌症、颅内动脉瘤、2 型糖尿病、牙周炎、阿尔茨海默病、子宫内膜异位症、老年虚弱症和青光眼。已检测到多种交替加工的转录本变体，其中一些可能以环状 RNA 分子的形式存在。研究表明，该基因变异与鼻咽癌有关。",  "item\_type": "疾病风险",  "item\_subtype": "呼吸系统",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **基因数据库-用药指南-常识-1**

1.简介

（1）描述：该部分提供药物基因组学的基础知识，包括基因如何影响药物代谢、疗效和不良反应风险。报告结合检测结果，给出个体对不同类别药物（如心血管药物、精神类药物等）的代谢能力评估，并总结关键结论。但需注意，实际用药方案必须由医生结合临床情况综合决定。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_medication\_knowledge

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| description | string | 描述 |
| brand\_name | string | 商品名 |
| generic\_name | string | 通用名 |
| indications | string | 适用症状 |
| adverse\_react | string | 不良反应 |
| contraindicate | string | 禁忌 |
| interaction | string | 相互作用 |
| pharmacokinetics | string | 药代动力学 |
| pharmacology | string | 药理作用 |
| references | string | 参考文献 |
| disclaimer | string | 声明 |
| item\_type | string | 项目类别 |
| item\_subtype | string | 项目子类 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "item\_code": "MG\_1",  "item\_name": "阿立哌唑",  "description": "阿立哌唑(Aripiprazole)作为一种第二代抗精神病药物，常见剂型为片剂、胶囊剂，用于治疗精神分裂症。",  "brand\_name": "博思清；奥派；安律凡",  "generic\_name": "阿立哌唑片；阿立哌唑口腔崩解片",  "indications": "本品用于治疗精神分裂症。",  "adverse\_react": "阿立哌唑作为非典型抗精神病药，其安全性特征具有以下特点：1）总体耐受性：短期安慰剂对照试验中因不良事件停药率与安慰剂相当（7% vs 9%）；2）剂量相关性：仅30mg/d剂量组嗜睡发生率（15.3%）显著高于安慰剂（7.7%），其他剂量组（2-20mg/d）与安慰剂无显著差异；3）锥体外系反应：短期（EPS发生率6% vs 安慰剂6%）和长期（26周）试验均未显示与安慰剂的显著差异，仅Barnes静坐不能评分存在微小差异（0.08 vs -0.05）。临床提示：在常规治疗剂量（10-20mg/d）范围内安全性良好，30mg/d时需警惕嗜睡风险，EPS发生率与传统抗精神病药相比具有优势。",  "contraindicate": "已知对本品过敏的患者禁用。",  "interaction": "阿立哌唑的药物相互作用需重点关注以下方面：1）代谢影响：CYP3A4强抑制剂（如酮康唑、伊曲康唑）可使阿立哌唑AUC增加63%-77%，需减量50%；CYP2D6强抑制剂（如奎尼丁、帕罗西汀）使阿立哌唑AUC增加112%而活性代谢物降低35%，同样需减量50%；CYP3A4强诱导剂（如卡马西平）则使药物暴露量降低70%，需加倍剂量；2）药理相互作用：可能增强中枢神经抑制剂（如酒精）及抗高血压药（通过α1受体拮抗）的作用。临床建议：联用相关药物时需调整剂量（抑制剂减半/诱导剂加倍），停用联用药物后应反向调整；慎与中枢抑制剂联用，监测血压变化。特殊提示：柚子汁等CYP3A4弱抑制剂的影响尚未明确。",  "pharmacokinetics": "阿立哌唑的药代动力学特征具有以下特点：1）吸收分布：口服生物利用度高（87%），3-5小时达峰，食物无影响，分布容积大（4.9L/kg），血浆蛋白结合率>99%；2）代谢排泄——主要经CYP3A4和CYP2D6代谢为活性产物脱氢阿立哌唑（占稳态AUC的40%），消除半衰期长（原药75小时/代谢物94小时），14天达稳态，约80%通过粪便排泄（18%为原药）；3）特殊人群：年龄、性别、种族、肝肾功能等因素不影响代谢，一般无需调整剂量。临床提示：活性代谢物贡献显著疗效，长半衰期支持每日一次给药，但需注意与CYP3A4/CYP2D6抑制剂的相互作用（需调整剂量）。",  "pharmacology": "阿立哌唑作为第三代抗精神病药，其独特的多受体作用机制具有以下特征：1）受体特征：高亲和力作用于D2/D3/5-HT1A/5-HT2A受体，中度亲和力作用于D4/5-HT2C/5-HT7/α1/H1受体及5-HT重吸收位点；2）药理特性：兼具D2和5-HT1A受体部分激动作用（区别于传统拮抗剂）及5-HT2A受体拮抗作用，这种\"多巴胺-5-HT系统稳定\"作用可能是其治疗精神分裂症的核心机制；3）不良反应关联：α1受体拮抗可能导致体位性低血压。临床优势：受体部分激动特性使其在改善阳性症状的同时，EPS风险低于传统抗精神病药，但需警惕体位性低血压等不良反应。",  "references": "[1] Whirl‐Carrillo M, McDonagh E M, Hebert J M, et al. Pharmacogenomics knowledge for personalized medicine[J]. Clinical Pharmacology & Therapeutics, 2012, 92(4): 414-417.",  "disclaimer": "该检测结果仅供参考，不可作为临床诊断依据。",  "item\_type": "用药指南",  "item\_subtype": "风湿免疫",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **基因数据库-用药指南-结论-2**

1.简介

（1）描述：该部分提供药物基因组学的基础知识，包括基因如何影响药物代谢、疗效和不良反应风险。报告结合检测结果，给出个体对不同类别药物（如心血管药物、精神类药物等）的代谢能力评估，并总结关键结论。但需注意，实际用药方案必须由医生结合临床情况综合决定。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_medication\_conclusion

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | string | 用户编号 |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| sample\_id | string | 样本编号 |
| conclusion\_term | string | 结论-术语 |
| conclusion\_item | string | 结论-项目 |
| conclusion\_res | string | 结论-结果 |
| item\_type | string | 项目类别 |
| item\_subtype | string | 项目子类 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "item\_code": "MG\_1",  "item\_name": "阿立哌唑",  "sample\_id": "25070801",  "conclusion\_term": "您的基因检测结果显示",  "conclusion\_item": "阿立哌唑",  "conclusion\_res": "正常用药",  "item\_type": "用药指南",  "item\_subtype": "风湿免疫",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **基因数据库-用药指南-基因**

1.简介

（1）描述：该部分列出与药物代谢、转运和靶点相关的关键基因（如ABCB1、CYP3A4等），详细说明其功能及对药物反应的影响，为检测结果提供科学依据。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_medication\_genes

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| gene | string | 基因 |
| gene\_desc | string | 基因描述 |
| item\_type | string | 项目类别 |
| item\_subtype | string | 项目子类 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "item\_code": "MG\_1",  "item\_name": "阿立哌唑",  "gene": "ABCB1",  "gene\_desc": "该基因位于第7号染色体（7q21.12），编码的膜蛋白属于ATP结合体（ABC）转运系统，主要功能是将多种药物从细胞外运输至细胞内，降低药物在细胞内的浓度。该蛋白还参与血脑屏障的形成，并与多药耐药性相关。其突变与草酸盐耐药性及炎症性肠病13相关。",  "item\_type": "用药指南",  "item\_subtype": "风湿免疫",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **基因数据库-用药指南-检测结果**

1.简介

（1）描述：该部分具体分析检测的基因位点（如ABCB1 rs1045642），解释其变异类型与药物剂量调整、不良反应风险的关联，帮助用户理解个性化用药建议的遗传基础。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_medication\_test\_results

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | string | 用户编号 |
| sample\_id | string | 样本编号 |
| item\_code | string | 项目编号 |
| item\_name | string | 项目名称 |
| gene | string | 基因 |
| locus | string | 位点 |
| chr\_position | string | 染色体位置 |
| evidence | string | 证据水平 |
| ref\_genotype | string | 参考基因型 |
| test\_genotype | string | 检测基因型 |
| test\_result | string | 检测结果 |
| result\_type | string | 结果归类 |
| item\_type | string | 项目类别 |
| item\_subtype | string | 项目子类 |
| create\_time | string | 创建时间 |
| update\_time | string | 更新时间 |

1. JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "item\_code": "MG\_1",  "item\_name": "阿立哌唑",  "gene": "ABCB1",  "locus": "rs1128503",  "chr\_position": "chr7:87550285",  "evidence": "较弱",  "ref\_genotype": "A/A",  "test\_genotype": "A/G",  "test\_result": "药物代谢较快",  "result\_type": "正常用药",  "item\_type": "用药指南",  "item\_subtype": "风湿免疫",  "create\_time": "2025-01-01 10:30:00",  "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"  }  } |

#### **基因数据库-营养代谢-常识-1**

1.简介

（1）描述：该部分介绍营养代谢相关的遗传机制，包括维生素利用、矿物质吸收、营养元素代谢等。报告基于基因检测结果，总结个体在营养需求上的潜在特点（如维生素D缺乏倾向、咖啡因代谢快慢等），并提供一般性饮食建议。实际营养干预需结合体检数据和专业指导。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_nutrition\_knowledge

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| description | String | 描述 |
| nutrition\_source | String | 营养来源 |
| deficiency\_impact | String | 营养缺乏影响 |
| excess\_impact | String | 营养过剩影响 |
| knowledge\_tips | String | 知识小贴士 |
| metabolism\_principle | String | 代谢原理 |
| health\_advice | String | 健康建议 |
| references | String | 参考文献 |
| disclaimer | String | 声明 |
| category | String | 项目类别 |
| subcategory | String | 项目子类 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "project\_id": "NM\_1",  "project\_name": "蛋白质营养需求",  "description": "什么是蛋白质？蛋白质是生命活动的基本物质，由氨基酸组成，是构成人体细胞和组织的重要成分。它不仅参与细胞的结构构建，还参与许多生理功能，如酶的催化、激素的调节、免疫功能等。人体每天需要一定量的蛋白质来维持正常的生理功能和生长发育。",  "nutrition\_source": "蛋白质的来源动物性食物：肉类、鱼类、蛋类、奶制品等是优质蛋白质的来源，含有全部必需氨基酸。植物性食物：豆类、坚果、种子和全谷物也提供蛋白质，但可能缺乏一种或多种必需氨基酸。其他来源：蛋白粉（如乳清蛋白、大豆蛋白）、大豆制品（如豆腐和豆浆）和强化食品（如蛋白棒、高蛋白面包）等。",  "deficiency\_impact": "缺乏蛋白质的影响肌肉萎缩：蛋白质不足会导致肌肉质量下降和力量减弱。免疫力下降：蛋白质缺乏可能削弱免疫系统，增加感染风险。生长发育迟缓：在儿童中，蛋白质不足可能影响正常生长和发育。其他：皮肤、头发和指甲健康受损，伤口愈合缓慢，水肿（由于血浆蛋白减少）。",  "excess\_impact": "蛋白质过剩的影响肾脏负担：过量蛋白质会增加肾脏的排泄负担，长期可能导致肾功能损伤。骨质疏松风险：高蛋白饮食可能增加钙的排泄，导致骨密度下降。代谢问题：过量蛋白质可能转化为脂肪储存，导致体重增加。其他健康问题：可能引发消化不良、便秘或腹泻。",  "knowledge\_tips": "1、"完全蛋白质"与"不完全蛋白质"完全蛋白质（如动物蛋白、大豆）包含所有必需氨基酸，而不完全蛋白质（如大多数植物蛋白）缺乏一种或多种必需氨基酸。通过食物搭配（如豆类+谷物）可以获得完全蛋白质。2、"蛋白质互补"理论通过搭配不同植物性食物（如米饭+豆类），可以补充必需氨基酸，提高蛋白质的营养价值。3、"肌肉合成窗口期"运动后30分钟至2小时是蛋白质合成的"黄金窗口期"，此时摄入蛋白质有助于肌肉修复和生长。4、历史故事在19世纪，科学家首次发现蛋白质对生命的重要性，并将其命名为"protein"（源自希腊语"proteios"，意为"首要的"）。",  "metabolism\_principle": "蛋白质的代谢是一个复杂的过程，涉及到消化、吸收、合成和降解四个步骤。首先，在胃和小肠内，蛋白质被酶分解为游离氨基酸。接着，这些氨基酸被吸收到血液中并运输到细胞，在那里它们可以用于构建新的蛋白质分子或作为能量源进行代谢。当体内氨基酸过剩时，它们会被转化为葡萄糖或脂肪储存起来，或者通过尿素循环排出体外。",  "health\_advice": "均衡饮食：确保摄入多样化的蛋白质来源，包括动物性和植物性蛋白质，以获得全部必需氨基酸。适量摄入：根据年龄、性别、体重和活动水平调整蛋白质摄入量，避免过量摄入。关注特殊需求：孕妇、哺乳期妇女、运动员和老年人可能需要增加蛋白质摄入。",  "references": "[1] FISHER E, MEIDTNER K, ÄNGQUIST L, et al. Influence of dietary protein intake and glycemic index on the association between TCF7L2 HapA and weight gain [J]. The American journal of clinical nutrition, 2012, 95(6): 1468-76.",  "disclaimer": "该检测结果仅供参考，不可作为临床诊断依据。",  "category": "营养代谢",  "subcategory": "蛋白质"  }  } |

#### **基因数据库-营养代谢-结论-2**

1.简介

（1）描述：该部分介绍营养代谢相关的遗传机制，包括维生素利用、矿物质吸收、营养元素代谢等。报告基于基因检测结果，总结个体在营养需求上的潜在特点（如维生素D缺乏倾向、咖啡因代谢快慢等），并提供一般性饮食建议。实际营养干预需结合体检数据和专业指导。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_nutrition\_conclusion

**（4）是否维度表：**

1. 字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | String | 用户编号 |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| sample\_id | String | 样品编号 |
| conclusion\_term | String | 结论-术语 |
| conclusion\_item | String | 结论-项目 |
| conclusion\_result | String | 结论-结果 |
| category | String | 项目类别 |
| subcategory | String | 项目子类 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "project\_id": "NM\_1",  "project\_name": "蛋白质营养需求",  "sample\_id": "25070801",  "conclusion\_term": "您的基因检测结果显示",  "conclusion\_item": "蛋白质营养需求",  "conclusion\_result": "稍高",  "category": "营养代谢",  "subcategory": "蛋白质"  }  } |

#### **基因数据库-营养代谢-基因**

1.简介

（1）描述：该部分列出影响营养代谢的关键基因（如SLC23A1、SLC23A2等），阐明其在营养吸收、能量平衡或代谢疾病风险中的作用，帮助用户理解检测结果的生物学背景。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_nutrition\_genes

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| gene | String | 基因 |
| gene\_description | String | 基因描述 |
| category | String | 项目类别 |
| subcategory | String | 项目子类 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "project\_id": "NM\_1",  "project\_name": "蛋白质营养需求",  "gene": "TCF7L2",  "gene\_description": "该基因位于第10号染色体上（10q25.2-q25.3），编码一种高迁移率族 (HMG) 盒转录因子，在 Wnt 信号通路中起关键作用。有研究报道，该基因的多态性可能与蛋白质代谢相关。",  "category": "营养代谢",  "subcategory": "蛋白质"  }  } |

#### **基因数据库-营养代谢-位点**

1.简介

（1）描述：该部分详细说明检测的特定基因变异位点（如SLC23A1 rs11950646等），分析其对营养代谢能力的影响，为个性化饮食建议提供遗传学依据。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_nutrition\_loci

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | String | 用户编号 |
| sample\_id | String | 样本编号 |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| gene | String | 基因 |
| locus | String | 位点 |
| chromosome\_position | String | 染色体位置 |
| reference\_genotype\_original | String | 参考基因型-原始 |
| detected\_genotype\_original | String | 检测基因型-原始 |
| test\_result | String | 检测结果 |
| category | String | 类别 |
| subcategory | String | 子类 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "project\_id": "NM\_1",  "project\_name": "蛋白质营养需求",  "gene": "TCF7L2",  "locus": "rs7903146",  "chromosome\_position": "chr10:112998590",  "reference\_genotype\_original": "C/C",  "detected\_genotype\_original": "C/T",  "test\_result": "蛋白质营养需求稍高",  "category": "营养代谢",  "subcategory": "蛋白质"  }  } |

#### **基因数据库-运动健身-常识-1**

1.简介

（1）描述：该部分解析运动表现、恢复能力和损伤风险的遗传因素，如肌肉类型、有氧耐力、关节健康等。报告结合基因检测结果，给出运动类型选择、强度调整的参考结论，但实际训练计划需结合体能评估和教练指导。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_fitness\_knowledge

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| description | String | 描述 |
| indication\_details | String | 指征详情 |
| influencing\_factors | String | 影响因素 |
| knowledge\_tips | String | 知识小贴士 |
| health\_guidance | String | 健康指导 |
| references | String | 参考文献 |
| disclaimer | String | 声明 |
| category | String | 项目类别 |
| subcategory | String | 项目子类 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "project\_id": "EF\_1",  "project\_name": "肌肉耐劳度提升",  "description": "什么是肌肉耐劳度提升？肌肉耐劳度是指肌肉在长时间或重复性活动中抵抗疲劳、维持功能的能力。它对于需要持续体力输出的活动至关重要，如长跑、骑行、游泳等。也影响日常生活中的持久活动表现。通过专业训练、合理营养和休息等因素的调整，可以有效提升肌肉耐劳度，增强运动表现和日常活动能力。",  "indication\_details": "肌肉耐劳度的类型有氧耐劳度：指肌肉在长时间、中低强度运动中，依赖氧气参与能量代谢的能力。常见的有氧耐劳度运动包括长跑、游泳、骑自行车等。无氧耐劳度：指肌肉在高强度、短时间运动中，在缺氧条件下维持运动的能力。常见的无氧耐劳度运动包括短跑、举重等。",  "influencing\_factors": "肌肉纤维类型：1、慢肌纤维 (Type I) 富含线粒体和毛细血管，适合长时间、低强度的有氧运动，耐疲劳能力强。2、快肌纤维 (Type II) 适合短时间、高强度的无氧运动，但容易疲劳。能量供应系统：1、选择有氧代谢：通过氧气分解脂肪和碳水化合物，提供持续能量，适合长时间活动。2、选择无氧代谢：快速提供能量，但持续时间短，易导致乳酸堆积和疲劳。肌肉毛细血管密度：毛细血管丰富的肌肉能更高效地输送氧气和营养物质，排出代谢废物，延缓疲劳。肌肉内能量储备：肌糖原储备充足的肌肉能更长时间维持高强度运动。神经系统适应性：神经系统通过优化肌肉协调和运动单位募集，提升耐劳度。",  "knowledge\_tips": "1、"耐力的秘密"肌肉耐劳度就像一辆汽车的油箱，油箱越大，跑得越远。通过训练，可以扩大自己的'油箱'。2、坚持锻炼坚持锻炼，做一些有效的肌肉训练。可以提升肌肉力量，提升肌肉耐劳度。3、"营养的魔力"为了进一步支持耐力训练，调整饮食。摄入充足的碳水化合物、蛋白质和健康脂肪，确保能量供应和肌肉修复。4、名人故事英国长跑运动员莫·法拉赫从小就对跑步充满热情，但早期的训练发现自己的肌肉耐劳度远远不够。肌肉耐劳度是长跑运动员的核心能力，后期经过一段时间科学的训练和合理的营养调整，法拉赫的肌肉耐劳度显著提升。他在奥运会中赢得了金牌。",  "health\_guidance": "有氧训练：如长跑、游泳、骑行等，能增强心肺功能，提高有氧代谢能力，增加慢肌纤维的耐疲劳性。力量训练：通过中等重量、高次数的训练，增强肌肉耐力和力量，提升耐劳度。间歇训练：结合高强度与低强度运动，提升有氧和无氧代谢能力，增强耐劳度。合理营养：摄入足够的碳水化合物、蛋白质和健康脂肪，确保能量供应和肌肉修复。充足休息：保证睡眠和休息，促进肌肉恢复，避免过度训练导致的疲劳积累。交叉训练：结合多种运动方式，全面提升肌肉耐力和整体体能。",  "references": "[1] STEFAN N, THAMER C, STAIGER H, et al. Genetic variations in PPARD and PPARGC1A determine mitochondrial function and change in aerobic physical fitness and insulin sensitivity during lifestyle intervention [J]. The Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism, 2007, 92(5): 1827-33.",  "disclaimer": "该检测结果仅供参考，不可作为临床诊断依据。",  "category": "运动健身",  "subcategory": "锻炼反应"  }  } |

#### **基因数据库-运动健身-结论-2**

1.简介

（1）描述：该部分解析运动表现、恢复能力和损伤风险的遗传因素，如肌肉类型、有氧耐力、关节健康等。报告结合基因检测结果，给出运动类型选择、强度调整的参考结论，但实际训练计划需结合体能评估和教练指导。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_fitness\_conclusion

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | String | 用户编号 |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| sample\_id | String | 样品编号 |
| conclusion\_term | String | 结论-术语 |
| conclusion\_item | String | 结论-项目 |
| conclusion\_result | String | 结论-结果 |
| category | String | 项目类别 |
| subcategory | String | 项目子类 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "project\_id": "EF\_1",  "project\_name": "肌肉耐劳度提升",  "sample\_id": "25070801",  "conclusion\_term": "您的基因检测结果显示",  "conclusion\_item": "肌肉耐劳度提升",  "conclusion\_result": "正常",  "category": "运动健身",  "subcategory": "锻炼反应"  }  } |

#### **基因数据库-运动健身-基因**

1.简介

（1）描述：该部分列出与运动能力相关的基因（如PAPSS2、PPARA等），说明其在肌肉收缩、能量代谢或恢复机制中的功能，支持检测结果的科学性。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_fitness\_genes

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| gene | String | 基因 |
| gene\_description | String | 基因描述 |
| category | String | 项目类别 |
| subcategory | String | 项目子类 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "project\_id": "EF\_1",  "project\_name": "肌肉耐劳度提升",  "gene": "PPARD",  "gene\_description": "该基因位于第6号染色体（6p21.31），编码过氧化物酶体增殖激活受体（PPAR）家族的一个成员。编码的蛋白质被认为具有转录抑制和核受体信号转导的整合功能。它可能会抑制配体诱导的过氧化物酶体增殖激活受体α和γ的转录活性，但这种作用的证据并不一致。该基因在结直肠癌细胞中的表达量可能不同，但通常相对较低。对小鼠的基因敲除研究表明，这种蛋白质在胼胝体的髓鞘化、脂质代谢、分化和表皮细胞增殖中发挥作用。替代剪接会产生多种转录本变体，编码不同的蛋白质异构体。",  "category": "运动健身",  "subcategory": "锻炼反应"  }  } |

#### **基因数据库-运动健身-位点**

1.简介

（1）描述：该部分具体分析检测的基因位点（如PAPSS2 rs10887741等），解释其变异与运动适应性、损伤风险的关联，帮助用户理解个性化运动建议的基础。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_fitness\_loci

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | String | 用户编号 |
| sample\_id | String | 样本编号 |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| gene | String | 基因 |
| locus | String | 位点 |
| chromosome\_position | String | 染色体位置 |
| reference\_genotype\_original | String | 参考基因型-原始 |
| detected\_genotype\_original | String | 检测基因型-原始 |
| test\_result | String | 检测结果 |
| category | String | 项目类别 |
| subcategory | String | 项目子类 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "project\_id": "EF\_1",  "project\_name": "肌肉耐劳度提升",  "gene": "PPARD",  "locus": "rs2267668",  "chromosome\_position": "chr6:35410145",  "reference\_genotype\_original": "G/G",  "detected\_genotype\_original": "A/G",  "test\_result": "肌肉耐劳度提升一般",  "category": "运动健身",  "subcategory": "锻炼反应"  }  } |

#### **基因数据库-个体特征-常识-1**

1.简介

（1）描述：该部分探讨遗传对生理特征的影响，如皮肤特性（抗氧化能力）、感官偏好（苦味敏感度）、睡眠节律等。报告总结检测结果反映的个体特质，但需注意环境因素（如紫外线暴露、生活习惯）同样起重要作用。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_characteristics\_knowledge

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| description | String | 描述 |
| indication\_details | String | 指征详情 |
| influencing\_factors | String | 影响因素 |
| knowledge\_tips | String | 知识小贴士 |
| health\_guidance | String | 健康指导 |
| references | String | 参考文献 |
| disclaimer | String | 声明 |
| category | String | 项目类别 |
| subcategory | String | 项目子类 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "project\_id": "IC\_1",  "project\_name": "疤痕体质",  "description": "什么是疤痕体质？疤痕体质（Keloid Tendency）是指皮肤创伤后，修复过程异常导致结缔组织过度增生的特殊生理状态。其本质是成纤维细胞增殖失控和胶原代谢失衡，表现为疤痕持续生长超出原始伤口范围，形成隆起性、质地坚硬的病理性疤痕（瘢痕疙瘩）。全球发病率约4%-16%，具有显著的人种差异（黑人群体发病率达白人6-8倍）。",  "indication\_details": "疤痕体质的主要表现形态异常：瘢痕疙瘩呈蟹足样向正常皮肤延伸，增生性疤痕则局限于伤口但显著隆起。病程持续：普通疤痕6-12个月退化，而病理性疤痕可持续生长数年。伴随症状：80%患者伴有瘙痒/刺痛感，30%出现关节活动受限（如颈部疤痕导致转头困难）。好发部位：胸骨前区、肩背部、耳垂等皮肤张力较大区域最易发生。",  "influencing\_factors": "遗传机制:全基因组关联研究定位到NEDD4基因与瘢痕形成强相关，其变异使TGF-β1信号通路活性提升40%。免疫调控:免疫异常表现为Th2细胞因子（IL-4/IL-13）过度分泌，刺激成纤维细胞合成Ⅲ型胶原（正常皮肤以Ⅰ型为主）。创伤特征：垂直于皮肤张力线的伤口瘢痕风险提高3倍，而深达网状真皮的损伤几乎100%诱发异常修复。激素影响：青春期和妊娠期发病率骤增，提示雌激素对瘢痕生长的促进作用。",  "knowledge\_tips": "1、神奇的海洋生物：鲨鱼皮肤创伤后可再生出正常组织而非疤痕，科学家正研究其Wnt信号通路调控机制。另外斑马鱼心脏损伤后可完全再生，其fibroblast growth factor受体结构与人类差异或是关键。2、"疤痕"奇用：非洲马赛族人传统耳廓整形术（故意制造瘢痕作装饰）成功率高达90%，反证环境张力对瘢痕形态的关键影响。3、太空的"美容修复"太空微重力环境下宇航员伤口几乎不留疤，因胶原纤维呈规则网状排列而非地球上的杂乱堆积。4、防止疤痕的"古法"：中国古代"烧灼止血法"实际通过高温破坏成纤维细胞，意外达到抑制瘢痕效果。",  "health\_guidance": "预防阶段：需严格执行伤口"4C原则"：Clean（清创）、Close（早期闭合）、Compress（减张处理）、Cover（硅酮敷料覆盖）。急性期干预：首选病灶内注射（曲安奈德+5-FU混合制剂有效率85%），配合脉冲染料激光（585nm）改善红斑。顽固性瘢痕：建议放射治疗（浅层X线单次剂量15Gy）联合压力疗法（23-30mmHg持续6个月）。日常管理：避免不必要的穿刺/纹身；蚊虫叮咬后严禁抓挠；瘢痕部位全年防晒（UV诱发胶原交联）。基因检测（如NEDD4 SNP分型）可提前10年预测高风险个体。",  "references": "[1] Zhao Y ,Liu S ,Xie J ,et al.NEDD4 single nucleotide polymorphism rs2271289 is associated with keloids in Chinese Han population[J].American Journal Of Translational Research,2016,8(2):544-55.",  "disclaimer": "该检测结果仅供参考，不可作为临床诊断依据。",  "category": "个体特征",  "subcategory": "皮肤特性"  }  } |

#### **基因数据库-个体特征-结论-2**

1.简介

（1）描述：该部分探讨遗传对生理特征的影响，如皮肤特性（抗氧化能力）、感官偏好（苦味敏感度）、睡眠节律等。报告总结检测结果反映的个体特质，但需注意环境因素（如紫外线暴露、生活习惯）同样起重要作用。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_characteristics\_conclusion

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | String | 用户编号 |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| sample\_id | String | 样本编号 |
| conclusion\_term | String | 结论-术语 |
| conclusion\_item | String | 结论-项目 |
| conclusion\_result | String | 结论-结果 |
| category | String | 项目类别 |
| subcategory | String | 项目子类 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "project\_id": "IC\_1",  "project\_name": "疤痕体质",  "sample\_id": "25070801",  "conclusion\_term": "您的基因检测结果显示",  "conclusion\_item": "疤痕体质",  "conclusion\_result": "中等",  "category": "个体特征",  "subcategory": "皮肤特性"  }  } |

#### **基因数据库-个体特征-基因**

1.简介

（1）描述：该部分列出与个体特征相关的基因（如ABCC11、EDAR等），阐明其在肤色、生物钟调节等生理过程中的作用，提供检测结果的遗传学解释。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_characteristics\_genes

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| gene | String | 基因 |
| gene\_description | String | 基因描述 |
| category | String | 项目类别 |
| subcategory | String | 项目子类 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "project\_id": "IC\_3",  "project\_name": "抗黑色素产生能力",  "gene": "IRF4",  "gene\_description": "该基因位于6号染色体（6p25.3），编码的蛋白属于IRF家族，具有独特的五肽螺旋DNA结合域。IRF家族在病毒感染后对干扰素产生调节作用，在干扰素诱导基因的调控中起重要作用。该家族成员是淋巴细胞特异性，能够抑制Toll样受体(TLR)信号通路激活，参与固有免疫和适应性免疫系统的启动和维持。与该基因有关的染色体重排包括t(6;14)(p25;q32)，可能成为多发性骨髓瘤的一个原因。此外，还发现存在多种转录版本，其中一种为IRF-1基因的全拷贝型。",  "category": "个体特征",  "subcategory": "皮肤特性"  }  } |

#### **基因数据库-个体特征-位点**

1.简介

（1）描述：该部分详细说明检测的特定位点（如ABCC11 rs17822931等），分析其变异对个体特征的影响，帮助用户了解自身遗传特质的科学依据。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_characteristics\_loci

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | String | 用户编号 |
| sample\_id | String | 样本编号 |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| gene | String | 基因 |
| locus | String | 位点 |
| chromosome\_position | String | 染色体位置 |
| reference\_genotype | String | 参考基因型 |
| detected\_genotype | String | 检测基因型 |
| test\_result | String | 检测结果 |
| category | String | 项目类别 |
| subcategory | String | 项目子类 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "project\_id": "IC\_2",  "project\_name": "胶原蛋白保持能力",  "gene": "IL6",  "locus": "rs1800795",  "chromosome\_position": "chr7:22727026",  "reference\_genotype": "C/C",  "detected\_genotype": "C/G",  "test\_result": "胶原蛋白保持能力中等",  "category": "个体特征",  "subcategory": "皮肤特性"  }  } |

#### **基因数据库-生活指导-常识-1**

1.简介

（1）描述：该部分整合基因检测结果，提供涵盖常识介绍、生活小贴士、健康建议等方面的内容。报告基于遗传倾向给出一般性指导，但实际调整需结合个人健康状况和专业意见。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_lifestyle\_knowledge

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| description | String | 描述 |
| indication\_details | String | 指征详情 |
| influencing\_factors | String | 影响因素 |
| knowledge\_tips | String | 知识小贴士 |
| health\_advice | String | 健康建议 |
| references | String | 参考文献 |
| disclaimer | String | 声明 |
| category | String | 项目类别 |
| subcategory | String | 项目子类 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "project\_id": "LG\_1",  "project\_name": "尘螨过敏",  "description": "什么是尘螨过敏？尘螨过敏（Dust Mite Allergies）是一种常见的过敏反应，通常由免疫系统对尘螨排泄物和尸体中的蛋白质产生过度反应引起。尘螨是一种微小的节肢动物，主要存在于家居环境中，尤其是床垫、枕头、地毯和软家具中。尘螨过敏的症状可以从轻微的呼吸道不适到严重的过敏反应，尤其在哮喘患者中可能引发哮喘发作。",  "indication\_details": "尘螨过敏的症状尘螨过敏的症状因个体差异而异，常见的包括：1、呼吸道症状：鼻塞、流涕、打喷嚏；咳嗽、喘息，尤其是夜间或清晨加重。2、眼部症状：眼睛发痒、发红、流泪。3、皮肤症状：皮肤瘙痒、红斑、湿疹。4、全身症状：头痛、疲劳、睡眠障碍。",  "influencing\_factors": "环境因素：高湿度和温暖的环境有利于尘螨的繁殖，家庭中使用地毯、窗帘和软垫家具会增加尘螨的滋生。遗传因素：家族中有过敏性疾病史（如哮喘、湿疹）的人群更易发生尘螨过敏。过敏原暴露量：长期暴露于高浓度尘螨过敏原会增加过敏风险。交叉反应：对尘螨过敏的人可能对其他过敏原如花粉、霉菌）产生交叉过敏反应。",  "knowledge\_tips": "1、看不见的"室友"尘螨是一种微小的节肢动物，肉眼几乎看不见。它们以人类脱落的皮屑为食，喜欢生活在温暖潮湿的环境中，如床垫、枕头和地毯。2、尘螨的"最爱"尘螨特别喜欢床垫和枕头，因为那里有充足的食物（皮屑）和适宜的湿度。据统计，一张使用两年的床垫可能含有数百万只尘螨！3、如何预防尘螨过敏？保持室内干燥，将湿度控制在50%以下；定期清洗床上用品，使用55℃以上的热水杀死尘螨；使用防螨床罩和枕头套，减少尘螨接触；避免使用地毯和厚重织物，减少尘螨藏匿的地方。4、尘螨过敏可以脱敏治疗吗？是的，脱敏治疗是一种有效的长期解决方案。通过使用标准化的尘螨过敏原提取物，患者反复接触并逐渐增加剂量，使免疫系统对该过敏原产生耐受性。这种治疗通常适用于5岁以上的儿童。",  "health\_advice": "1、减少过敏原暴露：使用防尘螨的床垫套、枕头套和被子套；定期清洁家居环境，使用高效空气过滤器（HEPA）减少空气中的过敏原。2、改善室内空气质量：保持室内通风良好，定期清洁地毯、家具和窗帘；使用除湿机控制室内湿度，保持在50%以下，抑制尘螨繁殖。",  "references": "[1] CANIATTI M C D C L, BORELLI S D, GUILHERME A L F, et al. Association between HLA genes and dust mite sensitivity in a Brazilian population [J]. Human Immunology, 2017, 78(2): 88-94.[2] ZHAO Y, ZHAO Y, LI J, et al. HLA‐DRB1\* 08: 03: 02 and HLA‐DQB1\* 06: 01: 01 are associated with house dust mite–sensitive allergic rhinitis in Chinese subjects; proceedings of the International forum of allergy & rhinology, F, 2016 [C]. Wiley Online Library.[3] 周道平, 区宇洁, 薛晓芳, et al. HLA DRB1∗ 0901 多态性与常见过敏原致过敏反应易感性的关系 [J]. 实用医学杂志, 2021, 37(15): 1972-81.",  "disclaimer": "该检测结果仅供参考，不可作为临床诊断依据。",  "category": "生活指导",  "subcategory": "风险倾向"  }  } |

#### **基因数据库-生活指导-结论-2**

1.简介

（1）描述：该部分整合基因检测结果，提供涵盖常识介绍、生活小贴士、健康建议等方面的内容。报告基于遗传倾向给出一般性指导，但实际调整需结合个人健康状况和专业意见。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_lifestyle\_conclusion

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | String | 用户编号 |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| sample\_id | String | 样品编号 |
| conclusion\_term | String | 结论-术语 |
| conclusion\_item | String | 结论-项目 |
| conclusion\_result | String | 结论-结果 |
| category | String | 项目类别 |
| subcategory | String | 项目子类 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "project\_id": "LG\_1",  "project\_name": "尘螨过敏",  "sample\_id": "25070801",  "conclusion\_term": "您的基因检测结果显示",  "conclusion\_item": "尘螨过敏",  "conclusion\_result": "风险较低",  "category": "生活指导",  "subcategory": "风险倾向"  }  } |

#### **基因数据库-生活指导-基因**

1.简介

（1）描述：该部分列出与生活方式适应性相关的基因（如CCR5、PARD3B等），说明其在病毒感染、食物过敏、接触风险等环境适应中的作用，为生活建议提供科学支持。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_lifestyle\_genes

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| gene | String | 基因 |
| gene\_description | String | 基因描述 |
| category | String | 项目类别 |
| subcategory | String | 项目子类 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "project\_id": "LG\_2",  "project\_name": "狗过敏",  "gene": "GSDMB",  "gene\_description": "该基因位于第17号染色体（17q21.1），编码含gasdermin-domain蛋白家族的一个成员。其他 gasdermin 家族基因参与上皮细胞凋亡的调节，并与癌症有关。替代剪接和使用替代启动子会产生多种转录本变体。其他变体已被描述，但它们是无义介导的 mRNA 衰减（NMD）的候选变体，不太可能编码蛋白质。",  "category": "生活指导",  "subcategory": "风险倾向"  }  } |

#### **基因数据库-生活指导-位点**

1.简介

（1）描述：该部分具体分析检测的基因位点（如CCR5 rs333等），解释其变异对病毒感染、食物过敏、接触风险等的影响，帮助用户理解个性化生活建议的遗传基础。

（2）数据库：genetic

（3）数据表名称：gene\_db\_lifestyle\_loci

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | String | 用户编号 |
| sample\_id | String | 样本编号 |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| gene | String | 基因 |
| test\_locus | String | 检测位点 |
| chromosome\_position | String | 染色体位置 |
| reference\_genotype | String | 参考基因型 |
| detected\_genotype | String | 检测基因型 |
| test\_result | String | 检测结果 |
| category | String | 项目类别 |
| subcategory | String | 项目子类 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "project\_id": "LG\_1",  "project\_name": "尘螨过敏",  "gene": "",  "test\_locus": "rs2395185",  "chromosome\_position": "chr6:32465390",  "reference\_genotype": "G/G",  "detected\_genotype": "T/T",  "test\_result": "接触尘螨后引发过敏反应的风险较低",  "category": "生活指导",  "subcategory": "风险倾向"  }  } |

### 3.2蛋白topic

#### **蛋白数据库-项目结果**

1.简介

（1）描述：该部分整合蛋白质检测的总体结果，包括关键生物标志物水平的变化；它提供基于蛋白质表达的一般健康评估，但实际应用需结合个体临床背景和专业咨询。

（2）数据库：protein

（3）数据表名称：protein\_db\_project\_results

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | String | 用户编号 |
| sample\_id | String | 样本编号 |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_type | String | 项目类型 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| omim\_number | String | OMIM编号 |
| detected\_protein | String | 检测蛋白 |
| protein\_count | String | 检测蛋白数量 |
| abnormal\_protein\_count | String | 异常蛋白数量 |
| project\_score | String | 项目评分 |
| score\_range | String | 项目分数区间 |
| project\_result | String | 项目结果 |
| result\_description | String | 结果说明 |
| percentile | String | 百分位值 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "project\_id": "GD\_1849",  "project\_type": "遗传性疾病",  "project\_name": "尿苷5'-磷酸水解酶缺乏引起的溶血性贫血",  "omim\_number": "OMIM 266120",  "detected\_protein": "5NT3A",  "protein\_count": "1",  "abnormal\_protein\_count": "0",  "project\_score": "10.67",  "score\_range": "[0.00, 21.34]",  "project\_result": "较低风险",  "result\_description": "您在该项目的结果相较于参考人群略有偏离，如果没有尿苷5'-磷酸水解酶缺乏引起的溶血性贫血相关症状，无需担忧。",  "percentile": "50"  }  } |

#### **蛋白数据库-蛋白介绍**

1.简介

（1）描述：该部分详细介绍与健康相关的蛋白质（如CRP、胰岛素等），解释其在炎症反应、代谢调控等功能中的作用；旨在为用户提供科学背景，支持个性化预防建议。

（2）数据库：protein

（3）数据表名称：protein\_db\_protein\_introduction

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| omim\_number | String | OMIM编号 |
| detected\_protein | String | 检测蛋白 |
| protein\_introduction | String | 蛋白介绍 |
| scientific\_details | String | 科学详情 |
| references | String | 参考文献 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "project\_id": "GD\_1849",  "project\_name": "尿苷5'-磷酸水解酶缺乏引起的溶血性贫血",  "omim\_number": "OMIM 266120",  "detected\_protein": "5NT3A",  "protein\_introduction": "胞质5'-核苷酸酶3A（Cytosolic 5'-nucleotidase 3A，5NT3A）是一种特异性分解尿苷单磷酸（CMP）及甲基化鸟苷单磷酸（m7GMP）的核苷酸酶，通过催化核苷酸水解反应参与细胞能量代谢调控与核苷酸库平衡。该蛋白由基因NT5C3A编码，其编码产物可能通过调控红细胞发育过程中的核苷酸代谢产物浓度，影响细胞增殖与分化效率。通过检测血液中5NT3A含量，可为评估核苷酸代谢状态及红细胞发育相关健康风险提供参考依据，其异常水平可能提示遗传性核苷酸代谢缺陷风险，特别是与P5N缺乏症相关的代谢紊乱存在关联性。该指标在监测红细胞功能稳定性及早期识别代谢异常相关健康表现方面可能具有辅助参考价值，尤其在胎儿及婴幼儿发育阶段的功能研究中值得关注。",  "scientific\_details": "研究表明尿苷5'-磷酸水解酶缺乏引起的溶血性贫血与基因NT5C3A突变相关，5NT3A是其编码的蛋白。",  "references": "[1] Gloerich J ,Denis S ,Van GE ,et al.A novel HPLC-based method to diagnose peroxisomal D-bifunctional protein enoyl-CoA hydratase deficiency[J].Journal Of Lipid Research,2003,44(3):640-4."  }  } |

#### **蛋白数据库-结果详情**

1.简介

（1）描述：该部分具体分析检测的蛋白质表达数据（如特定浓度变异），解释其对疾病风险（如糖尿病、心血管病）的影响；帮助用户理解检测结果的详细机制和健康应用依据。

（2）数据库：protein

（3）数据表名称：protein\_db\_result\_details

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | String | 用户编号 |
| sample\_id | String | 样本编号 |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| detected\_protein | String | 检测蛋白 |
| protein\_target | String | 蛋白检测靶标 |
| gene\_name | String | 基因名 |
| uniprot | String | UniProt |
| test\_result | String | 检测结果 |
| reference\_range | String | 参考范围 |
| result\_description | String | 结果说明 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "project\_id": "GD\_1849",  "project\_name": "尿苷5'-磷酸水解酶缺乏引起的溶血性贫血",  "detected\_protein": "5NT3A",  "protein\_target": "Cytosolic 5'-nucleotidase 3A",  "gene\_name": "NT5C3A",  "uniprot": "Q9H0P0",  "test\_result": "449.67",  "reference\_range": "268-1349",  "result\_description": "正常"  }  } |

### 3.3临床topic

#### **临床数据库-项目结果**

1.简介

（1）描述：该部分总结临床研究或筛查项目的关键发现，包括疾病发病率或治疗反应趋势；提供基于临床数据的总体健康指导，但决策需以专业医疗意见为基础。

（2）数据库：clinical

（3）数据表名称：clinical\_db\_project\_results

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | String | 用户编号 |
| sample\_id | String | 样本编号 |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| conclusion\_term | String | 结论-术语 |
| conclusion\_item | String | 结论-项目 |
| conclusion\_result | String | 结论-结果 |
| remarks | String | 备注 |
| disease\_introduction | String | 疾病介绍 |
| reference\_source | String | 参考来源 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "project\_id": "DR\_154",  "project\_name": "急性乙型肝炎",  "conclusion\_term": "您的临床检测结果显示",  "conclusion\_item": "急性乙型肝炎",  "conclusion\_result": "未见明显异常",  "remarks": "",  "disease\_introduction": "急性乙型肝炎是由乙型肝炎病毒（HBV）引起的肝脏急性炎症，通常病程在6个月以内。",  "reference\_source": "[1] MICHAEL LAPOSATA. Laposata检验医学: 原书第3版 [M]. 王前, 郑磊, 周宏伟, 译. 北京: 中国科学技术出版社, 2024.[2] 王前. 临床检验医学 [M]. 北京: 人民卫生出版社, 2022."  }  } |

#### **临床数据库-指标介绍**

1.简介

（1）描述：该部分概述相关临床临床指标（如血脂四项、肿瘤标志物等）及其在疾病筛查、疗效监测中的医学意义，建立检测结果与健康管理的桥梁。

（2）数据库：clinical

（3）数据表名称：clinical\_db\_indicator\_introduction

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| indicator\_name | String | 指标名称 |
| indicator\_abbreviation | String | 指标简称 |
| indicator\_description | String | 指标描述 |
| clinical\_significance | String | 临床意义 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "project\_id": "DR\_154",  "project\_name": "急性乙型肝炎",  "indicator\_name": "乙型肝炎表面抗原",  "indicator\_abbreviation": "HBsAg",  "indicator\_description": "乙型肝炎表面抗原是保护乙型肝炎病毒的外壳蛋白，由病毒DNA的S基因编码，在感染后1-10周即可检出（早于抗体和症状）。用于诊断乙型肝炎病毒感染，携带，观察抗病毒疗效。在急性感染时90%成人6个月内转阴（提示康复）。在慢性感染时持续阳性＞6个月（定义慢性乙肝的关键标准）。",  "clinical\_significance": "乙型肝炎表面抗原升高提示体内可能存在乙型肝炎病毒或携带状态。"  }  } |

#### **临床数据库-结果详情**

1.简介

（1）描述：该部分深逐项列示临床检测的具体数值（如LDL-C 3.5 mmol/L、CEA 5 ng/mL等），结合参考范围解读异常结果的潜在健康影响，指导后续健康决策。

（2）数据库：clinical

（3）数据表名称：clinical\_db\_result\_details

**（4）是否维度表：**

2.字段说明

| **字段名称** | **数据类型** | **描述** |
| --- | --- | --- |
| u\_id | String | 技术主键(唯一性，可以使用uuid或者雪花算法生成) |
| user\_id | String | 用户编号 |
| sample\_id | String | 样本编号 |
| project\_id | String | 项目编号 |
| project\_name | String | 项目名称 |
| sample\_number | String | 样本编号 |
| indicator\_name | String | 指标名称 |
| indicator\_abbreviation | String | 指标简称 |
| test\_result | String | 检测结果 |
| prompt | String | 提示 |
| unit | String | 单位 |
| reference\_interval | String | 参考区间 |
| methodology | String | 方法学 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| create\_time | String | 创建时间 |
| update\_time | String | 修改时间 |

3.JSON格式

|  |
| --- |
| {  "sourceTable": "",  "database": "genetic",  "table\_type\_flag": "",  "timestamp": 1703123456789,  "data": {  "u\_id": "1111111",  "user\_id": "25070801",  "sample\_id": "25070801",  "project\_id": "DR\_154",  "project\_name": "急性乙型肝炎",  "sample\_number": "",  "indicator\_name": "乙型肝炎表面抗原",  "indicator\_abbreviation": "HBsAg",  "test\_result": "0.02",  "prompt": "",  "unit": "IU/mL",  "reference\_interval": "＜0.05",  "methodology": "直接化学发光法"  }  } |

## 4.测试案例

### 4.1生产消息（LInux）

|  |
| --- |
| # 0.登录到堡垒机liuf4  ssh liuf4  # 1. 进入Kafka安装目录  cd /opt/datasophon/kafka  # 2. 创建genetic\_test\_database topic  bin/kafka-topics.sh --bootstrap-server liuf4:9092 \  --create \  --topic genetic\_test\_database \  --partitions 3 \  --replication-factor 1  # 3. 验证topic创建成功  bin/kafka-topics.sh \  --list \  --bootstrap-server liuf4:9092  # 4. 查看topic详细信息  bin/kafka-topics.sh \  --describe \  --bootstrap-server liuf4:9092 \  --topic genetic\_test\_database    # 5.生产数据 （6条数据）  bin/kafka-console-producer.sh --broker-list liuf4:9092 --topic genetic\_test\_database  {"sourceTable": "gene\_db\_genetic\_disease\_genes", "database": "genetic", "table\_type\_flag": "", "operation": "INSERT", "primaryKey": "", "timestamp": 1703123456789, "data": {"item\_code": "GD\_1", "item\_name": "Ablepharon-Macrostomia综合征", "gene": "TWIST2", "gene\_desc": "该基因位于2号染色体（2q37.3），编码的蛋白是基本骨架链-链状结构域转录因子，与Twist具有相似性。该蛋白可能抑制成骨细胞的分化和维持成骨细胞的早期表型，该基因在某些癌症中可能表达上调。已发现编码相同蛋白质的两种转录变体。", "item\_type": "遗传性疾病", "item\_subtype": "常染色体显性遗传病", "create\_time": "2025-01-01 10:30:00", "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"}}  {"sourceTable": "gene\_db\_genetic\_disease\_genes", "database": "genetic", "table\_type\_flag": "", "operation": "INSERT", "primaryKey": "", "timestamp": 1703123456790, "data": {"item\_code": "GD\_2", "item\_name": "ACCES综合征", "gene": "UBA2", "gene\_desc": "该基因位于19号染色体（19q13.11），在蛋白质的翻译后修饰过程中，SUMO蛋白（SUMO1；MIM601912）或sumoylation通过将小分子蛋白添加到蛋白质中来调节其结构和细胞内定位。SAE1（MIM613294）和UBA2可形成一个SUMO激活酶复合体，用于对蛋白质进行sumoylation（Okuma等，1999；PubMed9920803）。", "item\_type": "遗传性疾病", "item\_subtype": "常染色体显性遗传病", "create\_time": "2025-01-01 10:31:00", "update\_time": "2025-01-01 10:31:00"}}  {"sourceTable": "gene\_db\_genetic\_disease\_genes", "database": "genetic", "table\_type\_flag": "", "operation": "INSERT", "primaryKey": "", "timestamp": 1703123456791, "data": {"item\_code": "GD\_3", "item\_name": "ACTH非依赖性巨结节性肾上腺皮质增生症2型", "gene": "ARMC5", "gene\_desc": "该基因位于16号染色体（16p11.2），编码ARM（armadillo/β-连环蛋白样重复序列）超家族的成员。ARM重复结构域是由约40个氨基酸组成的串联重复序列基序，该结构域参与介导蛋白质-蛋白质相互作用。其编码蛋白包含七个ARM重复结构域。该基因的突变与原发性双侧大结节性肾上腺增生（亦称促肾上腺皮质激素非依赖性大结节性肾上腺增生2型）相关。已发现该基因存在编码不同异构体的可变剪接转录本变体。", "item\_type": "遗传性疾病", "item\_subtype": "常染色体显性遗传病", "create\_time": "2025-01-01 10:32:00", "update\_time": "2025-01-01 10:32:00"}}  {"sourceTable": "gene\_db\_genetic\_disease\_genes", "database": "genetic", "table\_type\_flag": "", "operation": "INSERT", "primaryKey": "", "timestamp": 1703123456792, "data": {"item\_code": "GD\_4", "item\_name": "Adams-Oliver综合征3型", "gene": "RBPJ", "gene\_desc": "该基因位于4号染色体（4p15.2），编码的蛋白质是Notch信号通路中重要转录调节因子。其作用机制为：当与Notch蛋白结合时，该蛋白可招募包括组蛋白去乙酰化酶或组蛋白甲基转移酶在内的染色质重塑复合体到Notch信号通路基因上；而当未与Notch蛋白结合时，该蛋白可招募染色质重塑复合体到Notch信号通路基因上，从而调控该基因的表达。此外，在该基因编码的多种同源基因中，已发现有几种不同的转录本，这些转录本具有不同的功能。", "item\_type": "遗传性疾病", "item\_subtype": "常染色体显性遗传病", "create\_time": "2025-01-01 10:33:00", "update\_time": "2025-01-01 10:33:00"}}  {"sourceTable": "gene\_db\_genetic\_disease\_genes", "database": "genetic", "table\_type\_flag": "", "operation": "INSERT", "primaryKey": "", "timestamp": 1703123456793, "data": {"item\_code": "GD\_5", "item\_name": "Adams-Oliver综合征5型", "gene": "NOTCH1", "gene\_desc": "该基因位于9号染色体（9q34.3），编码NOTCH蛋白家族的一个成员。该I型跨膜蛋白家族的成员具有相同的结构特征，包括一个由多个表皮生长因子样（EGF）重复序列组成的胞外结构域，以及一个由多个不同结构域类型组成的胞内结构域。Notch 信号转导是一种进化上保守的细胞间信号通路，它通过 Notch 家族受体与其同源配体的结合来调节物理相邻细胞之间的相互作用。编码的前原蛋白在反式高尔基体网络中进行蛋白水解加工，产生两条异二聚化形成成熟细胞表面受体的多肽链。这种受体在许多细胞和组织类型的发育中发挥作用。该基因的突变与主动脉瓣疾病1型、Adams-Oliver综合征5型、T细胞急性淋巴细胞白血病、慢性淋巴细胞白血病和头颈部鳞状细胞癌有关。", "item\_type": "遗传性疾病", "item\_subtype": "常染色体显性遗传病", "create\_time": "2025-01-01 10:34:00", "update\_time": "2025-01-01 10:34:00"}}  {"sourceTable": "gene\_db\_genetic\_disease\_genes", "database": "genetic", "table\_type\_flag": "", "operation": "INSERT", "primaryKey": "", "timestamp": 1703123456794, "data": {"item\_code": "GD\_6", "item\_name": "Adams-Oliver综合征6型", "gene": "DLL4", "gene\_desc": "该基因位于15号染色体（15q15.1），delta基因家族编码的Notch配体具有DSL样结构域、EGF重复序列和跨膜结构域。", "item\_type": "遗传性疾病", "item\_subtype": "常染色体显性遗传病", "create\_time": "2025-01-01 10:35:00", "update\_time": "2025-01-01 10:35:00"}} |

### 4.2消费数据

#### 4.2.1 Linux命令消费

|  |
| --- |
| #验证topic中是否有数据  cd /opt/datasophon/kafka  bin/kafka-console-consumer.sh --bootstrap-server liuf4:9092 --topic genetic\_test\_database --from-beginning  --------------------输出结果 start----------------------------  [root@liuf4 kafka]# bin/kafka-console-consumer.sh --bootstrap-server liuf4:9092 --topic genetic\_test\_database --from-beginning  {"sourceTable": "gene\_db\_genetic\_disease\_genes", "database": "genetic", "table\_type\_flag": "", "operation": "INSERT", "primaryKey": "", "timestamp": 1703123456789, "data": {"item\_code": "GD\_1", "item\_name": "Ablepharon-Macrostomia综合征", "gene": "TWIST2", "gene\_desc": "该基因位于2号染色体（2q37.3），编码的蛋白是基本骨架链-链状结构域转录因子，与Twist具有相似性。该蛋白可能抑制成骨细胞的分化和维持成骨细胞的早期表型，该基因在某些癌症中可能表达上调。已发现编码相同蛋白质的两种转录变体。", "item\_type": "遗传性疾病", "item\_subtype": "常染色体显性遗传病", "create\_time": "2025-01-01 10:30:00", "update\_time": "2025-01-01 10:30:00"}}  {"sourceTable": "gene\_db\_genetic\_disease\_genes", "database": "genetic", "table\_type\_flag": "", "operation": "INSERT", "primaryKey": "", "timestamp": 1703123456790, "data": {"item\_code": "GD\_2", "item\_name": "ACCES综合征", "gene": "UBA2", "gene\_desc": "该基因位于19号染色体（19q13.11），在蛋白质的翻译后修饰过程中，SUMO蛋白（SUMO1；MIM601912）或sumoylation通过将小分子蛋白添加到蛋白质中来调节其结构和细胞内定位。SAE1（MIM613294）和UBA2可形成一个SUMO激活酶复合体，用于对蛋白质进行sumoylation（Okuma等，1999；PubMed9920803）。", "item\_type": "遗传性疾病", "item\_subtype": "常染色体显性遗传病", "create\_time": "2025-01-01 10:31:00", "update\_time": "2025-01-01 10:31:00"}}  --------------------输出结果 end---------------------------  注意：有六条数据输出，由于演示，只写两条 |

#### 4.2.2 Java代码消费

1.导入依赖

|  |
| --- |
| <!-- Kafka客户端 -->  <dependency>  <groupId>org.apache.kafka</groupId>  <artifactId>kafka-clients</artifactId>  <version>2.4.1</version>  </dependency>    <!-- json解析 https://mvnrepository.com/artifact/com.alibaba/fastjson -->  <dependency>  <groupId>com.alibaba</groupId>  <artifactId>fastjson</artifactId>  <version>1.2.47</version>  </dependency> |

2.消费代码

|  |
| --- |
| package com.liuf.kafka;  import com.alibaba.fastjson.JSON;  import com.alibaba.fastjson.JSONObject;  import org.apache.kafka.clients.consumer.Consumer;  import org.apache.kafka.clients.consumer.ConsumerConfig;  import org.apache.kafka.clients.consumer.ConsumerRecord;  import org.apache.kafka.clients.consumer.ConsumerRecords;  import org.apache.kafka.clients.consumer.KafkaConsumer;  import org.apache.kafka.common.serialization.StringDeserializer;  import java.time.Duration;  import java.util.Collections;  import java.util.Properties;  /\*\*  \* 基因数据消费  \*/  public class SimpleGeneticConsumer {  public static void main(String[] args) {  // Kafka消费者配置  final String KAFKA\_TOPIC = "genetic\_test\_database";  final String CONSUMER\_GROUP = "genetic-consumer-" + System.currentTimeMillis();  Properties props = new Properties();  props.put(ConsumerConfig.BOOTSTRAP\_SERVERS\_CONFIG, "liuf4:9092");  props.put(ConsumerConfig.GROUP\_ID\_CONFIG, CONSUMER\_GROUP);  props.put(ConsumerConfig.KEY\_DESERIALIZER\_CLASS\_CONFIG, StringDeserializer.class.getName());  props.put(ConsumerConfig.VALUE\_DESERIALIZER\_CLASS\_CONFIG, StringDeserializer.class.getName());  props.put(ConsumerConfig.AUTO\_OFFSET\_RESET\_CONFIG, "earliest");  // 创建消费者  Consumer<String, String> consumer = new KafkaConsumer<>(props);  consumer.subscribe(Collections.singletonList(KAFKA\_TOPIC));  System.out.println("开始消费基因数据...");  System.out.println("========================================");  try {  ConsumerRecords<String, String> records =null;  JSONObject rootObject=null;  String sourceTable=null;  JSONObject dataObject =null;  while (true) {  // 拉取消息  records= consumer.poll(Duration.ofMillis(1000));  for (ConsumerRecord<String, String> record : records) {  try {  // 检查消息是否为空  if (record.value() == null || record.value().trim().isEmpty()) {  System.out.println("data数据为空，跳过");  continue;  }  // 解析JSON  rootObject= JSON.parseObject(record.value());  // 检查是否是gene\_db\_genetic\_disease\_genes表的数据  sourceTable=rootObject.getString("sourceTable");  if (sourceTable != null && "gene\_db\_genetic\_disease\_genes".equals(sourceTable)) {  // 获取data字段  dataObject = rootObject.getJSONObject("data");  if (dataObject != null) {  System.out.println("收到基因数据:");  System.out.println(" 项目编号: " + dataObject.getString("item\_code"));  System.out.println(" 项目名称: " + dataObject.getString("item\_name"));  System.out.println(" 基因: " + dataObject.getString("gene"));  System.out.println(" 基因描述: " + dataObject.getString("gene\_desc"));  System.out.println(" 项目类型: " + dataObject.getString("item\_type"));  System.out.println(" 项目子类: " + dataObject.getString("item\_subtype"));  System.out.println(" 创建时间: " + dataObject.getString("create\_time"));  System.out.println(" 更新时间: " + dataObject.getString("update\_time"));  System.out.println("----------------------------------------");  }  }  } catch (Exception e) {  System.err.println("解析消息失败: " + e.getMessage());  }  }  }  } catch (Exception e) {  System.err.println("消费者运行异常: " + e.getMessage());  } finally {  consumer.close();  }  }  } |

|  |
| --- |
| 输出结果：  开始消费基因数据...  ========================================  收到基因数据:  项目编号: GD\_1  项目名称: Ablepharon-Macrostomia综合征  基因: TWIST2  基因描述: 该基因位于2号染色体（2q37.3），编码的蛋白是基本骨架链-链状结构域转录因子，与Twist具有相似性。该蛋白可能抑制成骨细胞的分化和维持成骨细胞的早期表型，该基因在某些癌症中可能表达上调。已发现编码相同蛋白质的两种转录变体。  项目类型: 遗传性疾病  项目子类: 常染色体显性遗传病  创建时间: 2025-01-01 10:30:00  更新时间: 2025-01-01 10:30:00  ----------------------------------------  跳过空消息  收到基因数据:  项目编号: GD\_2  项目名称: ACCES综合征  基因: UBA2  基因描述: 该基因位于19号染色体（19q13.11），在蛋白质的翻译后修饰过程中，SUMO蛋白（SUMO1；MIM601912）或sumoylation通过将小分子蛋白添加到蛋白质中来调节其结构和细胞内定位。SAE1（MIM613294）和UBA2可形成一个SUMO激活酶复合体，用于对蛋白质进行sumoylation（Okuma等，1999；PubMed9920803）。  项目类型: 遗传性疾病  项目子类: 常染色体显性遗传病  创建时间: 2025-01-01 10:31:00  更新时间: 2025-01-01 10:31:00  ---------------------------------------- |

#### 4.2.3特殊JSON（重要）

**说明：文本字段包含换行符、单双引号、冒号、分号等 ，需要生信部门转换成标准JSON格式;**

|  |
| --- |
| #生产消息  echo '{"sourceTable": "user\_dimension\_info", "database": "genetic", "table\_type\_flag": "false", "operation": "INSERT", "primaryKey": "", "timestamp": 1703123456789, "data": {"letter\_to\_customer": "尊敬的客户：\n您好！\n首先，衷心感谢您选择我们提供的全面《数智生命健康报告》服务。您的信任与支持是我们不断追求卓越的动力源泉。本报告整合了基因组测序、蛋白组检测、临床检验和智能穿戴设备的数据分析，旨在为您提供一个全方位了解自身健康的窗口，助您实现健康管理的个性化目标。\n基因组测序揭示了您先天遗传信息中的疾病易感性，从根源探寻健康密码；蛋白组检测聚焦于生命活动的关键执行者——蛋白质，反映细胞当下功能状态及潜在异常；临床检验通过生化指标、免疫功能等检测，精准把握身体近期运行状况；智能穿戴设备则实时监测、持续追踪，为您勾勒出器官的动态健康画像。\n重要的是，尽管我们的检测能够提供重要的健康参考信息，但维护良好的健康状况还需要您的积极参与。科学的生活方式调整，比如均衡饮食、规律运动、充足休息和减少压力，都是不可或缺的部分。我们将根据您的具体情况提出相应的建议，以帮助您优化生活方式，预防可能的健康问题。\n您的健康并非一成不变，它是动态发展的。这次检测结果是一个现阶段的健康\"快照\"，它与您的生活习惯、环境因素相互交织，共同勾勒出未来健康走向的轮廓。我们期望通过这份报告，能助您更清晰地洞悉自我，将健康管理融入日常点滴，未病先防、既病防变。\n此外，随着科学技术的不断发展，我们将持续更新和完善我们的检测技术和分析方法，确保为您提供最前沿、最精准的服务。如果您对本报告中的任何内容有任何疑问，或需要进一步的健康管理指导，请随时与我们联系。我们希望这份《数智生命健康报告》能够成为您健康旅程中的有力助手，为您揭示健康的秘密，为您的幸福生活保驾护航。再次感谢您选择我们的服务，祝您生活愉快！\n\nXXXX有限公司", "disclaimer": "为确保您全面理解本次综合健康检测的意义和局限性，请仔细阅读以下声明：\n检测范围与局限性\n本检测整合了基因组测序、蛋白组检测、临床检验及智能穿戴设备的数据分析，旨在为您提供一个全方位的健康评估。然而，请注意：\n特定范围的检测：本次检测主要关注特定范围内的基因位点信息、蛋白质表达水平、临床检验指标及通过智能穿戴设备获取的身体机能状态数据。对于未在范围内或超出技术能力限制的信息暂不涉及。\n复杂性和技术限制：鉴于基因组和蛋白组的复杂性以及当前检测技术的局限性，我们无法覆盖所有相关疾病的所有潜在标志物。此外，低覆盖区域可能导致漏检，个体差异等因素可能引起假阳性和假阴性结果。\n健康评估而非诊断：本检测从多维度评估您的健康状况，但并非医疗诊断结论。疾病风险评估需结合家族史、既往病史、外界环境及生活方式等多种因素进行综合考量，因此本检测无法确切预测您将来是否会患病。\n样本真实性\n请确保提供给我们的生物样品是您本人的，或者是您已获得合法授权采集的样本。若样品存在未经授权的情况，或存在法律和技术上的问题，由此引发的所有侵权和赔偿责任将由您全权承担，包括因委托我司服务而产生的相关责任。\n隐私安全性\n您的遗传基因信息、蛋白质表达数据、临床检验结果及通过智能穿戴设备收集的个人信息均为个人隐私。除必要的健康管理外，我们将严格保密您的个人资料和健康信息，并不会在未经您本人同意或无法律法规强制要求的情况下向第三方披露。为了保护您的隐私，本报告仅展示部分具有代表性的检测结果。\n感谢您的理解和支持。我们致力于为您提供最优质的服务，同时保障您的权益和隐私安全。如果您对本免责声明有任何疑问，请随时联系我们。", "life\_story": "解读生命奥秘\n每个人的身体都是一部独一无二的生命史诗，由基因、蛋白质表达、临床指标和日常活动等多维度信息编织而成。随着科学技术的发展，我们不仅能解码生命的文字——基因，还能通过分析蛋白组、临床检验数据以及智能穿戴设备的监测结果，全面理解身体的运作机制与健康状态。今天，让我们一起探索这部复杂的\"生命之书\"。\n谱写生命蓝图\n基因：基因是构成生命的基本单位，决定了我们的外貌、性格、天赋及对疾病的易感性。人类基因组包含约31.6亿个碱基对，构成了大约2万到2.5万个基因。\n蛋白质：蛋白质作为基因指令的实际执行者，在身体的各项功能中扮演关键角色。通过对蛋白组的分析，我们可以了解体内各种生物过程的状态，包括免疫反应、代谢水平等。\n临床检验：血液生化指标、免疫功能等临床检验数据为评估当前健康状况提供了重要依据。这些指标反映了身体在不同条件下的实际表现，有助于及时发现潜在问题。\n智能穿戴：智能穿戴设备可以实时监控心率、睡眠质量、运动量等多项生理参数，帮助我们动态了解器官状态，如心脏、肺部等的功能状态。\n管理健康风险\n健康的维护是一个综合性的过程，涉及到基因、环境和个人生活方式的相互作用。例如，某些基因变异可能增加患病的风险，但通过健康的生活方式（均衡饮食、适量运动、充足休息）和科学的健康管理可以显著降低这些风险。同时，结合蛋白组的变化、临床检验的结果以及智能穿戴设备提供的连续监测数据，我们可以更加精准地预测和管理健康风险。\n指导个性化生活\n营养与健康：通过基因检测了解个体对特定营养素的需求，结合蛋白组分析和临床检验数据，制定个性化的营养计划，确保身体获得最佳支持。\n运动潜能：利用基因和蛋白组数据揭示个体在耐力、爆发力等方面的潜力，结合智能穿戴设备记录的运动数据，设计最适合您的锻炼方案，提升运动效果。\n疾病预防：对于具有遗传性疾病倾向的人群，早期识别相关基因变异，结合其他健康监测手段，采取预防措施，减少疾病发生的机会。\n家族传承与责任\n基因不仅影响个人健康，还关系到家族成员的健康状况。许多疾病具有遗传性，通过基因检测，我们可以了解自身是否携带这些疾病的致病变异，为家族提供重要的健康信息。此外，分享自己的健康管理和检测经验，可以帮助家庭成员更好地预防和控制疾病，共同构建一个更健康的未来。\n在这段探索之旅中，我们希望这份《数智生命健康报告》能够成为您了解自我、优化生活的有力工具。通过整合基因组测序、蛋白组检测、临床检验和智能穿戴设备的数据，我们致力于为您提供最全面、最个性化的健康管理建议。愿这部\"生命之书\"引导您走向更加健康、美好的人生旅程。", "report\_directory": "目录", "report\_guide": "报告导读", "health\_detection\_content": "", "create\_time": "2025-07-21 17:30:00", "update\_time": "2025-07-21 17:30:00"}}' | bin/kafka-console-producer.sh --broker-list liuf4:9092 --topic genetic\_test\_database |

|  |
| --- |
| package com.liuf.kafka;  import com.alibaba.fastjson.JSON;  import com.alibaba.fastjson.JSONObject;  import org.apache.kafka.clients.consumer.\*;  import org.apache.kafka.common.serialization.StringDeserializer;  import java.time.Duration;  import java.util.Collections;  import java.util.Properties;  public class ConsumerUserDimension\_Info {  public static void main(String[] args) {  // Kafka消费者配置  final String KAFKA\_TOPIC = "genetic\_test\_database";  final String CONSUMER\_GROUP = "genetic-consumer-" + System.currentTimeMillis();  Properties props = new Properties();  props.put(ConsumerConfig.BOOTSTRAP\_SERVERS\_CONFIG, "liuf4:9092");  props.put(ConsumerConfig.GROUP\_ID\_CONFIG, CONSUMER\_GROUP);  props.put(ConsumerConfig.KEY\_DESERIALIZER\_CLASS\_CONFIG, StringDeserializer.class.getName());  props.put(ConsumerConfig.VALUE\_DESERIALIZER\_CLASS\_CONFIG, StringDeserializer.class.getName());  props.put(ConsumerConfig.AUTO\_OFFSET\_RESET\_CONFIG, "earliest");  // 创建消费者  Consumer<String, String> consumer = new KafkaConsumer<>(props);  consumer.subscribe(Collections.singletonList(KAFKA\_TOPIC));  System.out.println("开始消费基因数据...");  System.out.println("========================================");  ConsumerRecords<String, String> records = null;  JSONObject rootObject = null;  String sourceTable = null;  JSONObject dataObject = null;  try {  while (true) {  // 拉取消息  records = consumer.poll(Duration.ofMillis(1000));  for (ConsumerRecord<String, String> record : records) {  try {  // 检查消息是否为空  if (record.value() == null || record.value().trim().isEmpty()) {  System.out.println("data数据为空，跳过");  continue;  }  // 解析JSON  rootObject = JSON.parseObject(record.value());  sourceTable = rootObject.getString("sourceTable");  System.out.println(sourceTable);  if (sourceTable != null && "user\_dimension\_info".equals(sourceTable)) {  // 获取健康报告data字段  dataObject = rootObject.getJSONObject("data");  System.out.println(sourceTable);  if (dataObject != null) {  System.out.println("收到健康报告数据:");  System.out.println(" 数据库: " + rootObject.getString("database"));  System.out.println(" 操作类型: " + rootObject.getString("operation"));  System.out.println(" 时间戳: " + rootObject.getLong("timestamp"));  System.out.println("========== 健康报告内容 ==========");  System.out.println(" 致您的一封信: " + dataObject.getString("letter\_to\_customer"));  System.out.println(" 免责声明: " + dataObject.getString("disclaimer"));  System.out.println(" 生命故事: " + dataObject.getString("life\_story") );  System.out.println(" 报告目录: " + dataObject.getString("report\_directory"));  System.out.println(" 报告导读: " + dataObject.getString("report\_guide"));  System.out.println(" 健康检测内容: " + dataObject.getString("health\_detection\_content"));  System.out.println(" 创建时间: " + dataObject.getString("create\_time"));  System.out.println(" 更新时间: " + dataObject.getString("update\_time"));  System.out.println("========================================");  }  }  } catch (Exception e) {  System.err.println("解析消息失败: " + e.getMessage());  }  }  }  } catch (Exception e) {  System.err.println("消费者运行异常: " + e.getMessage());  } finally {  consumer.close();  }  }  } |