上海市公共卫生网络实验室病原监测数据综合研判分析子系统-应用软件开发项目招标需求

# 一、项目名称

上海市公共卫生网络实验室病原监测数据综合研判分析子系统-应用软件开发

# 二、项目背景

## （一）项目来源

本项目是第六轮三年行动计划“超大城市生物安全关键能力和公共卫生实验室网络一体化建设”项目中的重要组成部分，旨在支撑本市生物安全关键能力建设，对提升本市基于病原体基因水平的监测检测信息分析及研判能力以及进一步推进菌毒种库建设具有重要意义。

2021年以来，依托第五轮三年行动计划信息化项目，市疾控中心通过上海市公共卫生网络实验室病原体基因序列溯源决策系统的建设，构架了统一的系统平台，打通了病原监测信息互联互通的各环节，实现了市区两级网络实验室的病原体基因序列、图谱、药敏等数据流的实时传输、查询、分析、比对等功能。有效提升了数据传输报送的及时性和标准化，解决了全市病原检测数据的汇总分析问题。

为持续推进数字赋能病原学应急检测技术能力建设，支撑突发公共卫生事件处置关口前移和快速应对。需要在基因序列溯源决策系统的基础上，进一步强化基因信息分析及研判能力，开展基因注释，毒力基因、耐药基因、关键元件等重要基因提取及位点比对，扩展宏基因组分析等功能研发，同时利用信息化手段对于应急事件中样本采集和运输进行实时监控，并从全局角度完善菌（毒）种及感染性生物样本信息的全过程管理和微生物可利用资源公示。

## （二）项目概况

### 1.项目单位职能

上海市疾病预防控制中心是实施市政府卫生防病职能的公共卫生核心专业机构，集疾病预防控制、监测检验与评价、应用科研与指导、技术管理与服务、综合防治与健康促进为一体，旨在预防和控制危险因素、疾病、伤害和失能，提高全人群健康水平和生命质量。

项目单位地址：上海市中山西路1380号。

### 2.项目所涉业务领域概况

基于上海市健康信息网的疾病预防控制子平台，在“技术一体化、数据一体化、业务一体化、组织一体化”的基础上实现对全市各级各类疾病预防控制服务资源的“全业务、全流程、全渠道、全时段”的信息接入与智能监管，加强公共卫生资源管理的透明度，使公共卫生服务协同以及公共卫生数据共享更加规范、安全。根据政务系统整合要求，中心现有系统将整合成上海市疾病预防控制管理服务系统（内部服务管理系统）、上海市疾病报告和管理信息系统（业务生产系统）、上海市疾病预防控制大数据应用系统（大数据应用系统）3个系统。上海市疾病预防控制管理服务系统（内部服务管理系统）满足中心内部管理（如OA、GRP系统），市区疾控用户的业务协同、综合通讯、应急协调、队伍建设、物资调配等，为市级疾控中心内部人员服务。上海市疾病报告和管理信息系统（业务生产系统）满足各类疾病报告、监测、社会服务的需求（如传染病直推、食品风险监测系统）。上海市疾病预防控制大数据应用系统（大数据应用系统）实现对疾病发生发展进行预警预测和趋势研判，对疾病防控工作的开展情况和防治效果进行专题分析和综合分析，实现业务指标和健康指标可视化展示（如健康期望寿命系统）。

### 3.项目所涉业务领域信息化建设概况

上海市疾病预防控制信息化起步较早，与各地疾控信息化建设特征相同，条线建设特征明显，自2011年开始上海市推进“基于市民电子健康档案的卫生信息化工程”，在“上海市突发公共卫生应急信息系统”建设的基础上对疾病预防控制信息化的架构进行重构，在人口健康信息平台的总体框架下，建立标准统一、资源共享、互联互通、完备安全的上海市级疾病预防控制业务子平台，完成疾控重点慢性病业务系统（包括高血压、糖尿病、脑卒中、肿瘤、结核病、伤害）、生命统计业务系统（出生、死亡）、免疫规划信息系统、传染病控制应急免疫管理信息系统以及儿童青少年健康管理信息系统的市级应用及区级应用，实现疾病预防控制数据的统一汇聚和数据管理，支撑疾控业务开展和公共卫生统计分析决策。

上海市在全国率先推进了疾病管理的平台化，目前上海市疾病预防控制信息化的建设有以下特点：

1、顶层设计、标准先行：上海市疾控从2010年开始就着手对机构内部及行业领域的信息资源进行梳理，从疾控信息资源规划入手，在业务属性归类的基础上制定角色、职能、活动等覆盖行业领域的数据目录树，确保业务数据的集成、依赖、继承及逻辑关系完整准确，由此构建了覆盖全业务领域的数据标准体系，指导全市各疾控业务条线基于标准的信息化建设。

2、市区两级、互联互通：上海市疾病预防控制信息化在顶层框架下，恪守市区两级的职能定位，市疾控通过规范性文档制订与下发，统一全市疾病预防控制的业务功能及数据采集交换的要求，推动以市区两级平台为核心的业务数据在辖区各机构间流转以及通过市级平台跨区县的流转，建立“两级平台，三级联动”的互联互通业务流转模式。各条线疾病预防控制信息通过市级疾控子平台，以居民健康档案为核心进行统一汇聚，构建疾控数据资源中心，形成跨业务、跨系统的数据共享，以及在其基础之上的大数据挖掘与应用，推动疾控的业务深度扩展及管理科学发展。

3、智慧感知、医防融合：在全国创新性突破了以往医、防两端“烟囱式”的建设模式，打破了临床诊疗与公共卫生之间的壁垒，实现跨区域、跨机构、跨业务的业务协同，使患者无论在区域范围内的那一家医疗卫生机构接受服务，都能保证服务的延续性，完成对疾病病例或事件发现、报告、诊疗、随访、干预全过程信息的动态管理，夯实了疾病全程管理的基础。该模式的具体特点如下：

通过部署于医院系统中的前端插件，实时监测各类诊疗系统，根据设定规则自动触发疾病报告，有效解决医院采集公共卫生数据及时性差、规范率低的难题，避免医生人为判断，大幅降低漏报、错报情况；同时自动获取医院信息系统内的相关数据，降低重复填报工作量，节省人力投入；

通过后端服务中心实现对业务系统的模块化管理，包括对具体业务的业务规则及需要挂载的疾病报告页面的管理与维护，以高度可扩展的模式及时响应需求的变化，实现对既有报告系统的快速升级、推广，以及某些新增突发疾病或突发公卫事件的快速布控；

通过智能报病实现监管触手在医生端的延伸，将原本只能事后进行的监管前移到事中，对任务派发后完成情况进行跟踪、审计，从而突破对疾病报告及时性、规范率的量化管理精度，以灵活的方式促进规范化疾病监测行为的普及。

在基因溯源领域，2021年以来，通过上海市公共卫生网络实验室病原体基因序列溯源决策系统的建设，构架了统一的系统平台，打通了病原监测信息互联互通的各环节，实现了市区两级网络实验室的病原体基因序列、图谱、药敏等数据流的传输、查询、预处理、比对等功能。有效提升了数据传输报送的及时性和标准化，解决了全市病原检测数据的汇总分析问题。

### 4.项目与已有系统的关系

本单位病原检测相关实验室现有实验室信息管理系统（LIMS）和上海市公共卫生网络实验室病原体基因序列溯源决策系统共二套主要业务系统，主要功能如下：

实验室信息管理系统主要实现对于实验室质量管理相关资源进行统筹管理与监控。由于病原微生物检测实验种类繁多，结果数据庞大而复杂，现有LIMS系统仅能采集到极少数实验数据，同时功能上也不支持对生物学实验数据（尤其是基因序列信息）的处理和分析，目前主要应用于市级实验室部分检测需求单一的业务条线，对进入实验室后的资源进行统一管理以及对实验过程规范性的控制。

在第五轮三年行动计划中，病原所建设了上海市公共卫生网络实验室病原体基因序列溯源决策系统，构架了市区两级实验室统一的系统平台，打通了病原监测信息互联互通的各环节，实现了市区两级网络实验室的病原体基因序列、图谱、药敏等数据流的传输、查询、预处理、比对等功能。有效提升了数据传输报送的及时性和标准化，解决了全市病原检测数据的汇总分析问题。

本次建设的上海市公共卫生网络实验室病原监测数据综合研判分析子系统各模块与上述两系统的逻辑关系如下图所示。



现有实验室信息管理系统（LIMS）主要对入库后的实验室资源进行管理，但是在入库前，样本的采样、运输、接收过程完全靠手工操作，导致应急场景下，样本信息反馈不及时，样本数据的规范性和准确性难以保证，同时转运过程的样本质量面临重大风险。建设感染性生物样本管理模块，就是对于样本资源未进入实验室前，针对突发公共卫生事件中感染性生物样本的采集、运输和入库进行全生命周期管理。

基因序列溯源决策系统有效的汇聚了病原体的背景信息、基因序列、图谱、药敏数据等。并通过数据清洗、拼接、比对、可视化处理等一系列流程实现了数据的标准化与统一管理，并在此基础上形成了部分统计报表与分析结果。但是对标病原学研究的范畴和对于突发公共卫生事件的研判、决策与应对提供支持的要求仍有较大差距。同时病原所经过多年研究，积累了大量的菌（毒）种及感染性生物样本资源和实体，这些资源和实体对于医药科研具有十分宝贵的价值。但是受制于信息利用和管理制度不完善以及技术水平，这些信息仅在中心系统内的实验室范围公示和借阅，没有起到应有的作用。因此建设综合研判分析工具集模块就是为了对预处理后的实验数据，进行进一步分析研究和加工，如基因注释，毒力基因、耐药基因、关键元件等重要基因提取及位点比对，宏基因组分析等。建设微生物资源供应目录查询模块则是为了对教育科研机构、生物医药诊断试剂研发企业等公示保有的可向社会公布的菌（毒）种及样本信息，提供可利用的微生物资源目录查询、借用等服务。

本项目中涉及上海市公共卫生网络实验室病原监测数据综合研判分析数据库和菌（毒）种及感染性生物样本数据库建设，需要从病原体基因序列溯源决策系统中抽取病原体基础信息、病原体高通量测序数据和病原体样本数据。

# 三、项目建设目标、内容和要求

## （一）项目建设目标

为持续推进数字赋能病原学应急检测技术能力建设，支撑突发公共卫生事件处置关口前移和快速应对。利用信息化的手段，对于应急事件中样本采集和运输进行实时监控，建设菌（毒）种及感染性生物样本信息标准库并有效开展信息全过程管理和微生物可利用资源公示，研发基于病原数据进行综合研判分析的有效工具，如基因注释，毒力基因、耐药基因、关键元件等重要基因提取及位点比对，宏基因组分析等。从而进一步提升实验室基于病原监测数据进行趋势研判及循证预警的能力。

## （二）项目建设内容

本系统建设过程中系统的相关设计应以现有应用系统环境作为基础，结合国产化要求，同时考虑上海疾控中心已有的信息化建设环境，考虑已有数据标准和数据共享交换需求实现统一门户集成、统一用户管理、统一接入管理、统一授权管理、统一安全防护、统一资源管理，同时结合技术标准和业务应用场景，设计适用于本次系统建设的多层次技术架构，具备易操作、人性化等特点，满足业务需求。

1）上海市公共卫生网络实验室病原体数据标准完善：针对在病原体基因序列溯源决策系统建设过程中建立的大数据标准体系，结合本次项目的建设内容进行完善和迭代，进一步提升整体数据质量，有效保障信息共享、信息交换、信息关联的无障碍实现。

2）上海市公共卫生网络实验室病原监测数据综合研判分析数据库建设：对接病原体基因序列溯源决策系统中的病原体基础信息和病原体高通量测序数据；同时支持疾控系统、临床医疗机构、第三方检测机构等其他来源的病原体数据的录入、上传和存储。

3）菌（毒）种及感染性生物样本数据库建设：对接病原体基因序列溯源决策系统中的病原体样本数据；同时支持疾控系统、临床医疗机构、第三方检测机构等其他来源的菌（毒）种或感染性生物样本数据的录入、上传和存储。

4）微生物资源供应目录查询平台建设：对教育科研机构、生物医药诊断试剂研发企业等公示保有的可向社会公布的菌（毒）种及样本信息，提供可利用的微生物资源目录查询、借用等服务。

5）感染性生物样本管理平台建设：针对突发公共卫生事件中感染性生物样本的采集、运输和入库进行全生命周期管理。基于移动网络、地理定位信息以及物联网技术，实现重要、紧急生物样本的闭环管理。

6）综合研判分析工具集建设：研发基于病原数据进行综合研判分析的有效工具，如基因注释，毒力基因、耐药基因、关键元件等重要基因提取及位点比对，宏基因组分析等；同时支持自动任务模式，管理员可以通过配置调用指定分析工具对指定数据进行统一分析，形成相关研判报告或图表等。

## （三）项目建设周期

本项目是第六轮三年行动计划“超大城市生物安全关键能力和公共卫生实验室网络一体化建设”项目中的重要组成部分，于2025年6月30前完成并通过验收。

## （四）系统总体架构

本系统建设过程中系统的相关设计应以安可系统环境作为基础，同时考虑上海疾控中心已有的信息化建设环境，考虑已有数据标准和数据共享交换需求实现统一门户集成、统一用户管理、统一接入管理、统一授权管理、统一安全防护、统一资源管理，同时结合技术标准和业务应用场景，设计适用于本次系统建设的多层次技术架构，具备易操作、人性化等特点，满足业务需求。

本项目建设采用多层技术架构，由基础设施层、数据资源层、应用支撑层、业务应用层、门户层、标准规范体系和运维管理体系等组成。

### 1.基础设施层

基础设施承担着为本系统提供计算、存储、传输和交换等服务的重要职责。项目建设过程中将继续沿用病毒所现有的基础设施环境，为了确保平台满足大流量、高并发的处理需求，以及结构化数据和非结构化等多种数据类型的存储、分析、挖掘等关键需求，形态建设依托所内提供的高性能运算服务器、分布式部署技术、分布式存储技术、分布式缓存技术、负载均衡技术等环境和技术手段。

### 2.数据资源层

主要包括样本信息业务库、菌株信息业务库、毒株信息业务库、转运业务库、数据分析资源库以及数据交换平台，其中：

样本信息业务库、菌株信息业务库、毒株信息业务库为对接病原体基因序列溯源决策系统中相关数据和补录数据的集合。转运业务库是对接第三方物联网平台获取的转运箱数据和转运业务数据集合。

数据分析资源库是为综合研判分析工具集提供参考数据库和存储分析数据的主题库，包含参考资源库、过程数据库、结果数据库、历史报表库、数据下载统计库、驾驶舱明细库等主题库。

数据交换平台提供的数据标准化对接。

### 3.应用支撑层

包括统一门户集成中心、统一用户管理中心、统一接入管理中心、统一授权管理中心、统一安全防护中心、统一资源管理中心。

### 4.业务应用层

包括涵盖微生物资源供应目录查询后台子系统、微生物资源供应目录查询前台子系统、感染性生物样本管理前台子系统、感染性生物样本管理后台子系统、综合研判工具集子系统、报表与可视化子系统和平台管理子系统等子系统。

### 5.用户层

用户界面主要承载数据管理、业务处理、运维管理等任务入口。用户界面主要为系统管理部门提供相关运维支撑服务，为病原所业务部门提供统一的业务数据资源的入口。

## （五）项目开发应用模块需求

该系统包含微生物资源供应目录查询后台子系统、微生物资源供应目录查询前台子系统、感染性生物样本管理前台子系统、感染性生物样本管理后台子系统、综合研判工具集子系统、报表与可视化子系统和平台管理子系统七部分内容，七个子系统皆属于新开发内容。具体功能设计模块如下：

### 1. 微生物资源供应目录查询后台子系统

#### （1）基础数据管理

##### 数据标注

对从病原体基因序列溯源决策系统导入的数据进行标注，区分样本、基因、其他数据，并标定是否纳入共享数据管理。支持标注、取消标注，并将该操作纳入关键动作日志。

##### 数据校验

对手动输入的数据进行自动校验，验证其有效性、合规性，禁止非法字符串的输入。

#### （2）样本与基因管理

##### 样本与基因数据管理

除导入的数据外，支持新增、查询、修改、删除样本与基因记录等操作，可以手工录入或批量导入样本与基因的字段信息，支持不超过20M的附件上传。

##### 样本与基因树结构管理

支持按品类建立样本树结构，可以对树结构进行新增、修改和删除。基于同源基因差异构建系统发生树，可以维护基因树结构和关键描述信息。

#### （3）借阅管理

##### 流程配置管理

支持配置样本和基因的借阅流程，可以设置调整审批人员，先后次序，是否并行审批等。

##### 表单配置

支持对借阅表单的字段进行调整，修改借阅说明和增加字段注释等。

##### 借阅审批

按照所配置的流程，按权限对用户提出的借阅申请进行审批并反馈结果

##### 借阅记录查询

支持管理员分别按样本或基因维度查询历史借阅记录及审批结果，支持按日期，关键字，申请人等维度查询。

#### （4）系统配置

##### 子管理员配置

管理员可以设置、删除、修改子管理员，并按照菜单进行赋权。

##### 用户管理

查询注册用户信息，支持查询结果下载，点击查询结果，可以查看该用户的借阅记录

##### 操作日志

系统对管理员和用户的关键操作进行日志记录，支持查看和关键字搜索。

##### 留言管理

管理员可以对用户留言进行答复，答复内容用户端可见，也可以对其进行标注，标注内容用户端不可见。

#### （5）统计分析

##### 样本统计

统计一定周期内样本的浏览总数、分类浏览情况等

##### 基因统计

统计一定周期内基因的浏览总数、分类浏览情况等

##### 借阅统计

统计一定周期内样本或基因借阅申请的总次数、流程情况等

##### 用户统计

统计用户注册登陆情况等

### 2. 微生物资源供应目录查询前台子系统

#### （1）首页

网站介绍及相关快速入口

#### （2）样本与基因查询

##### 关键字查询

支持按样本常用关键字模糊查询，按基因名称、编号、Mlst分型等查询，查询结果以列表形式排列，支持对查询结果进行筛选与排序功能，选中相应结果可进行详情查看。

##### 分类检索

支持按样本分类树或基因树结构查看某类型下具体样本或基因的记录，该分类下的记录以列表形式排列，可以对列表进行筛选与排序，选中相应结果可进行样本详情查看。

##### 查询热点

按近期查询数排名提示热点样本或基因记录（统计数量包括由不同分类跳转查询的样本数据）。

##### 结果详情展示

展示样本与基因的完整信息，支持跳转到关联的样本或基因页面（如有），支持跳转到借阅申请页面。

##### 文档下载

支持下载样本详情、基因分析序列文件等文档。

#### （3）借阅办理

##### 借阅申请

说明可借阅的资料内容，支持用户在线填写借阅申请，未登陆的需要提示登陆或注册

##### 历史借阅记录查询

查询历史记录，查看审核状态

##### 借阅记录删除

删除借阅记录（由前台发起的删除只是在前台不显示，并不删除数据）

#### （4）用户中心

##### 注册

在线自注册（需验证手机号），用户填写注册信息后，系统调用短信服务发送动态码验证手机号码真实性。

##### 密码更改

修改登陆密码，需要手机动态码确认身份

##### 密码找回

忘记密码通过手机动态码重置

##### 更换绑定邮箱

更换账户绑定邮箱，更换接收动态码的手机号码，需要手机动态码确认身份

##### 公告

政策宣贯、数据管理办法章程等，支持关键字搜索

##### 帮助

网站使用说明、办事流程说明，支持关键字搜索

### 3. 感染性生物样本管理前台子系统

#### （1）登录及主页

显示操作员及功能按钮

#### （2）样本采集

##### 开箱操作

调取摄像头扫描采样箱码，进行开箱操作，对于无法识别的箱码，支持手动输入。

##### 开管操作

调取摄像头扫描采样试管码，进行开管操作，对于无法识别的试管码，支持手动输入。

##### 采集样本操作

扫身份证，识别身份信息，输入绑定手机号，注释采集对象身份后进行采样。无法识别身份证的，支持手动输入。采集完成后点击封管。

##### 封箱操作

如有多个试管需要采集，则在转运箱界面继续开管和采集操作，完成所有样本采集后，点击封箱。

#### （3）样本转运

##### 送检操作

在送检功能中扫箱码，输入转运开始地址、目的地址等转运信息，确认进入送检环节，支持手动输入箱码

##### 我的送检

查询检索由本账号负责送检的所有转运箱状态

#### （4）样本接收

##### 接收操作

在接收功能中扫箱码，查看采样信息、转运信息后，确认接收，支持手动输入箱码

##### 我的接受

查询检索由本账号负责接收的所有转运箱记录，按接收时间倒序排列。

#### （5）样本管理

##### 全局送检管理

根据时间查询全域范围内转运箱送检业务，点击查询结果可以查看业务详情，运送路径，当前温度、转运箱状态。该功能为市级领导专用。

##### 全局转运箱管理

可以根据箱号查询所有转运箱当前位置、温度、状态，是否处于业务中。该功能为市级领导专用。

### 4.感染性生物样本管理后台子系统

#### （1） 登录及主页

显示操作员及功能按钮

#### （2）打印转运箱码

##### 批量打印

根据转运箱需求量、转运箱类型等，选择打印转运箱码的数量，然后打印

##### 补打

指定箱码单个或批量打印

#### （3）打印试管码

批量打印：估计试管需求量，批量打印试管码，试管码不支持补打，丢失后作废即可。

#### （4）接收数据导出

##### 接收数据查询

对于已经在端接收的转运箱，若需要导出Excel文件，可以根据“送检时间”、“打印状态”、“转运箱码”等条件，进行查询，下方将显示相应的转运箱列表基本信息。

##### 接收数据查看

在查询结果中点击某一行转运箱信息，将展示该转运箱里面的所有试管信息。点击每行试管信息后面的“查看”，可以看到该试管里面所有患者已加密的基本信息。

##### 试管信息导出

选中单个转运箱可以导出该箱内的试管信息。

#### （5）检测结果上传

##### 结果录入

根据接收的试管号，选择检测种类，输入检测结果。

##### 结果查询、修改

已输入的结果支持修订和查询。

#### （6）基础数据维护

##### 实验室信息维护

实验室信息的新增、查询、修改和删除

##### 人员信息维护

人员信息的新增、查询、修改和删除

#### （7）转运箱管理

##### 送检业务管理

根据时间或箱号查询转运箱送检业务，点击查询结果可以查看业务详情，运送路径，鼠标移至路径标识点上，可以查看路经该点的时间、温度、转运箱状态。

##### 转运箱一览

在地图上标识出所有转运箱位置，点击标识点可以查看当前转运箱当前位置、温度、状态，是否处于业务中。

### 5. 综合研判工具集子系统

#### （1）基因功能注释工具

##### 核心注释功能

对输出基因组进行功能注释，通过将输入基因序列的部分比对到已知的基因数据库，可以标记出序列上存在的与已知基因相似的元件。一般认为这些序列与已知基因有相似的生物学功能。这个过程称之为基因注释。将输入基因序列上所有的基因注释后，可以预测该微生物的功能或者其他特性。

##### Gff结果文件

GFF3 格式的主注释，包含序列和注释，该文件为制表符分隔的文本文件。包括了序列ID，注释来源，类型，起始位置，终止位置，得分等信息。

##### Gbk结果文件

由Gff 派生的标准 Genbank 文件，GBK文件格式是指与GenBank关联的序列遗传数据库文件, GBK 文件类型是一种用于保存基因组相关信息的科学数据类型。 GBK 文件包含纯文本格式的 DNA 序列和其他数据，例如示例来源、描述和作者描述。

##### Fna结果文件

序列的核苷酸fasta格式文件，也称为注释结果的序列文件，该文件为文本文件，contig名称以“>”开头，第二列为核酸序列。

##### Faa结果文件

序列翻译的蛋白质fasta格式文件，输出注释结果的蛋白序列文件，蛋白序列由核酸序列翻译得来，格式与fna文件类似。

##### Ffn结果文件

预测相关的转录本，转录本是仅用于编码蛋白的序列，去除了非编码区域和调控区域等。

##### 过程统计文件

注释过程相关的统计数据，主要是运行日志。

##### 其他结果文件

制表符分隔的相关功能文件，包括locus\_tag（位置标识），ftype（注释类型）， len\_bp（注释序列长度）， gene（注释得到的基因）， COG（COG编号）, product(基因产物名称)等。

##### 参照数据库设置

可列出所有已配置的数据库和所有软件依赖项，支持索引已安装的数据库或删除数据库索引，可以列出或修改目前设置的数据库列表。

##### 输出设置

输出文件夹设置，输出文件名前缀设置，locus标签前缀，位置标签等设置。

##### 生物细节设置

支持设置属名、物种名称、菌株名称、质粒名称或标识符，设置物种分类级别中属（Genus），种（species），菌株（strain）的名称。设置质粒（plasmid）的名称或者表示。

##### 注释模式

支持古菌（Archaea）， 细菌（Bacteria），线粒体（Mitochondria）和病毒（Viruses）四种模式。需要根据输入的基因类别来选择。

##### 优先级设置

选择以FASTA或GBK文件作为第一优先级，选择以序列的核苷酸fasta格式文件还是由Gff 派生的标准 Genbank 文件优选生成蛋白序列。

##### HMM设置

先从信任的HMM进行注释，设置注释顺序优先从信任的hmm开始。

##### 相似度值设置

相似度e值截止值设置，设置相似度e的阈值。e值越小，越相似。大于该值认为是不可靠注释

##### 蛋白覆盖率设置

设置查询蛋白的最小覆盖率，设置最小的蛋白注释覆盖度，小于该覆盖度被认为是不可靠注释。

##### CPU算力设置

设置分析过程调用的CPU核心数

##### 最小序列设置

设置最小序列的大小，设置用于分析的最小contig长度。小于该长度的contig将不用于分析。

##### 基因注释结果结构化

对基因功能注释结果数据进行结构化处理并存储

#### （2）毒力基因分析工具

##### 核心分析工具

将蛋白或核苷酸序列与毒力基因数据库进行比对分析，得出各序列毒力分析结果，包含已验证的毒力基因及预测的毒力基因。通过比对微生物携带的毒力基因，可以预测微生物的毒性。

##### evalue设置

设置比对的最大evalue值，设置相似度e的阈值。e值越小，越相似。大于该值认为是不可靠注释

##### 最大序列数设置

设置一个序列最多报告多少比对结果，设置一条输入序列最多报告多少可能的毒力基因比对结果。

##### 高精度模式设置

设置是否使用高准确度模式进行比对。

##### 数值样式设置

设置是否用百分数的形式表示。

##### 最新评分设置

设置报告的最小评分要求，低于该评分的结果将不被报告。

##### 指定百分比

设置报告出一致性大于指定百分比的结果，低于该百分比的结果不被报告。

##### 最小覆盖度设置

设置报告的最小覆盖度要求，小于该覆盖度的比对结果将不被报告。

##### 未比对reads输出

设置是否输出未比对上的reads，支持输出未能比对至毒力基因数据库的reads。

##### 序列对齐设置

设置是否需要对齐较长的序列，对齐模式下输入序列和数据库将进行头对头比对，两序列全长相似才会被认为是成功比对结果。非对其模式下只需部分序列相似就会被认为成功比对结果。

##### 毒力基因结果结构化

对毒力基因分析结果数据进行结构化处理并存储

#### （3）耐药性基因分析工具

##### 核心分析工具

可在全部或部分细菌分离序列中鉴定获得性抗微生物药物耐药性基因。微生物获得耐药性和抗性的主要方式是通过质粒或者基因转移，这导致了即使是同一种微生物也可能有不同的耐药性和抗性。通过将组装结果与已知的耐药和抗性基因比对，可以预测微生物的特性。

##### 设置特征值

在给定范围内设置特征阈值。设置最小相似度要求，低于该相似度的结果不被报道。范围为0~1。1代表要求100%相似。

##### 覆盖值设置

在给定范围内设置最小覆盖值。设置覆盖度要求，低于该覆盖度的结果不被报道。范围为0~1。1代表要求100%覆盖。

##### 物种设置

设置样本中的物种。设置输入序列的来源物种

##### 抗性基因设置

设置是否需要查找获得性抗性基因。

##### 突变设置

设置是否需要显示所有发现的突变，即使在未知的。设置是否报告所有突变，即使突变位于未注释的序列上。

##### 指定对比基因设置

指定数据库中存在的基因查找，如果没有指定，则默认为所有基因。

##### 耐药基因结果结构化

对耐药基因分析结果数据进行结构化处理并存储

#### （4）关键元件基因功能比对工具

##### 核心对比工具

使用配对的末端 Illumina测序数据进行 IS查询和参考基因组在序列数据中搜索 IS 位置。

##### 双端模式设置

支持双端测序数据对比。

##### 参考基因组设置

设置一个或多个参考基因组，多个参考基因组以空格分隔。输出时给出来自参考基因组的基因和RNA注释。

##### 最小深度设置

在给定的范围内设置最小深度，设置输出的最小深度要求，小于该深度的结果将不会输出。

##### 合并设置

设置是否需要合并左右hit相交区域，设置搜索到的区域间隔小于多少bp时，将两个区域合并。合并之后能减少计算量，加快运行速度。

#### （5）宏基因组数据分析工具

##### 核心分析工具

使用 k-mer 方法对输入数据的每一条序列进行分类分析，每个 k-mer 在分类数据库寻找 LCA (lowest common ancestor), 序列所有 k-mers 所在的分类及其祖先组成一个分类树——属于总分类树的子集。该工具主要用于寻找宏基因组数据种存在的物种，输出物种对应的丰度。该功能将输入序列安k-mer划分为小段，与已知物种比对后给出序列最可能的物种来源。

##### 丰度表

在分类报告的基础上，输出水平定量物种丰度表。丰度表记录了每个物种在每个样本中的相对数量。是用于差异比较等其他分型的主要结果。

##### 过程统计文件

注释结果统计报告（每个物种的reads数目），输出注释成为该物种的read数目。

##### 注释详情文件

每条reads注释详情输出文件，输出每一条read物种来源注释结果。

##### paired-end模式

支持输入数据为paired-end数据的分析，使用双端数据分析。

##### 未分类文件

输出未分类序列文件，输出未能成功注释物种来源的read。

##### 设置输出类型

设置输出科学命名或分类，设置是否输出科学分类命名。通常包括七个主要级别：界、门、纲、目、科、属、种。

##### 格式设置

设置输出文件格式，标准输出格式包括5列：是否成功被注释、序列ID、物种注释、序列注释区域、LCA比对结果

##### 质量评分设置

设置输入序列最小质量评分，低于该评分的read被认为时低质量，将不进行分析。

##### 信度分数设置

在给定范围内设置信度分数，这是物种注释的可信度阈值，低于该阈值的注释被认为不可靠。

#### （6）序列比对工具

##### 核心对比工具

在蛋白质数据库或DNA数据库中进行相似性比较的分析，在数据库种寻找与输入序列相似的序列。

##### 对比模式设置

支持蛋白序列与蛋白库做比对、核酸序列对蛋白库的比对、核酸序列对核酸库的比对、蛋白序列对核酸库的比对，不同的输入序列类型和比对数据库需要运行对模式。

##### 对比库设置

指定对比的数据库路径。

##### 屏蔽设置

设置是否屏蔽简单重复和低复杂度序列，重复序列一般为一个核酸序列在整个序列内多次重复，例如（TCGATCGTCG）。低复杂度序列表现为某个碱基占比过高，例如（AAARCAAAA）。这些序列难以比对而且一般没有生物学意义。该项设置是否忽略这些序列。

##### 过滤e值设置

设置最大e值，过滤大于该值的结果，e值代表了比对结果与输入的可信程度，e值越大比对结果越可靠。

##### 结果样式设置

在给定的范围内设置比对结果样式，最少能支持11种样式，包括

1、query-anchored showing identities,查询-比上区域，显示一致性

2、query-anchored no identities,查询-比上区域，不显示一致性

3、flat query-anchored, show identities,查询-比上区域的屏文形式，显示一致性

4、flat query-anchored, no identities,查询-比上区域的屏文形式，不显示一致性

5、query-anchored no identities and blunt ends,查询-比上区域，不显示一致性，无突然的结束

6、flat query-anchored, no identities and blunt ends,查询-比上区域的屏文形式，不显示一致性

7、XML Blast output,XML格式的输出

8、tabular,TAB格式的输出

9、tabular with comment lines,带注释行的TAB格式的输出

10、ASN, text,文本方式的ASN格式输出

11、ASN, binary [Integer] default = 0,二进制方式的ASN格式输出

#### （7）拼接结果评估工具

##### 核心评估工具

通过计算N50等contig基本信息和比对参考基因组计算fraction, duplication, misassembly, unaligned, mismatch等信息进而比较评估基因组组装质量。Quast通过计算一系列组装指标来评估组装效果。指标包括但不限于：最长contig长度，长contig（长度大于500bp）数目，N50（覆盖50%全组装长度的contig数目），预测基因数等。

##### 报告汇总表

在统计数据表格和图的基础上生成汇总表，包括制表符分隔表格，pdf格式表格，html格式报告等。

##### 参考基因特征设置

设置参考基因组fasta文件和特征位置文件（GFF），如果已知了输入组装结果的参考序列和基因，用该项指定后，该功能能输出更多的质控结果。包括与reference相比未知的contig，组装得到的基因比例，重复的contig比例，每100kb与reference不一致的区域和插入缺失等。

##### 最低长度设置

设置contigs最低长度（bp），Contig为组装得到的一段相对相对完整的核酸序列。低于该长度的contig将不用于评估。

##### 拆分设置

当组装不是 contigs ，而是 scaffolds 时，通过该参数进行拆分

##### 评估对象设置

支持真核生物和真菌，不同的物种用了不同的数据库。--eukaryote为真核生物模式，--fungus为真菌模式。

##### 大型基因组设置

设置是否要使用大型基因组模式，基因组大于100Mbp时使用。

#### （8）特异基因查找工具

##### 核心查找工具

能够快速把相关的呈共线性的比对结果连接成为更大的比对结果，从中也可以很容易的找到exons 和introns。

##### 设置是否输出表头

默认不输出表头信息，有助于结果文件的后续处理。

##### 指定数据库查找

指定数据库的类型(dna/prot/dnax)，Dna：脱氧核糖核酸序列；prot：蛋白序列；dnax：为蛋白序列的脱氧核糖核酸序列。

##### 设置输出文件格式

指定输出的文件格式(默认为psl)，Psl格式的结果包含了详细的比对位置信息，每一列的意义都 在文件开头列出。第1~8列是总体的比对统计，包括精确比对碱基数、错配、query和subject上的gap个数总长等等；第9～17 列是比对位置信息，包括比对方向、query 和subject的名字、长度、比对起止位置；18～21 列是显示每一个精确比对的block 的信息，包括blocks数、每个block的长度和在query、subject上的位置

##### 指定序列查找

指定序列类型(dna/rna/prot/dnax/rnax)，Dna：脱氧核糖核酸序列；rna：核糖核酸序列；prot：蛋白序列；dnax：为蛋白序列的脱氧核糖核酸序列；rnax：为蛋白序列的核糖核酸序列。

#### （9）质粒分析工具

##### 核心分析工具

从全部或部分细菌分离序列中鉴定质粒基因。质粒时一段环状DNA，可以在不同细菌之间转移。通过与数据库比对，可以找出输入序列种可能存在的质粒。

##### 置信度设置

设置最低置信度阈值，低于该阈值的质粒被认为不可靠。

#### （10）Mlst分型分析工具

##### 核心分析工具

使用与核心或整个基因组相对应的大量基因，每个独特的序列都匹配特定的等位基因，等位基因的组合决定了菌株的序列类型。多位点序列分析（MLST）般测定6~10个管家基因内部400~600bp的核苷酸序列，每个位点的序列根据其发现的时间顺序赋予一个等位基因编号，每一株菌的等位基因编号按照指定的顺序排列就是它的等位基因谱，也就是这株菌的序列型。通过mlst分型，可以判断出输入数据种可能存在的菌株。

##### 分析模式设置

选择使用经典MLST算法（cla）还是全基因MLST算法（wg）

##### 最小菌株设置

设置保留一个基因的最小菌株数量，高于该数值的菌株才会被输出到矩阵。

##### 保留设置

设置是否只保留具有不同等位基因的基因，若以区分菌株为目的，一般不具有不同等位基因的基因没有关注意义。

##### 重复基因设置

设置是否保留重复基因，一些基因在输入序列种可能由多拷贝，设置是否要输出全部的拷贝。

##### 距离矩阵文件

在分析结果基础上生成距离矩阵文件，距离越远，多菌株可能性越大。

##### 分型序列文件

在分析结果基础上导出分型序列，不同的分型序列可能属于不同的菌株。

##### 等位基因参考序列文件

在分析结果基础上输出等位基因的参考序列，不同等位基因的序列是不一致的，该选项可以输出每个等位基因的参考序列。

#### （11）基础信息管理

##### 序列数据管理

除导入的数据外，支持手动录入序列基础信息（包括不超过20M的附件），支持新增、查询、修改、删除等操作，支持批量导入（不包括附件）

##### 宏基因数据管理

除导入的宏基因数据外，支持手动录入宏基因组基础信息，支持上传宏基因组文件（超大文件5-20G，支持断点续传），支持新增、查询、修改、删除等操作，支持批量导入（不包括附件）

##### 数据校验

对手动输入的数据进行自动校验

#### （12）我的分析

##### 新建分析任务

调用分析工具开展分析任务，进行参数配置或选择，提交后进入排队系统由系统统筹安排完成分析任务。

##### 分析任务列表

展示本账号调用分析工具开展的任务列表，支持筛选和查询

##### 分析任务详情

点击列表中的任务，可以查看任务详情，包括使用的工具设置的具体参数等，下载分析结果。

##### 分析任务管理

新增和删除分析任务，任务提交后无法修改，尚未完成的任务不支持删除。

#### （13）批处理

##### 批处理管理

管理员可以对指定的批量病原数据同时调用若干分析工具进行批处理。系统仅支持一项批处理任务，可以对进行中的批处理任务暂停。

##### 历史批处理列表

已完成的批处理任务列表，可以进行删除。

##### 批处理详情

点击列表中的批处理任务，可以查看任务详情，包括使用的工具设置的具体参数等。

##### 批处理共享

批处理的结果数据可以共享，作为病原的基础数据纳入统一管理，并支持下载。

### 6. 报表与可视化子系统

#### （1）智能分析图表

##### 复合检索

支持对病原数据进行多复合条件筛选与检索，检索结果支持下载。

##### 模糊查询

支持对病原数据进行模糊查询，查询结果支持下载。

##### 毒力基因统计图表

对筛选结果进行毒力基因全量分析结果的统计，形成报表支持下载，形成统计图支持部分预览。

##### 耐药基因统计图表

对筛选结果进行耐药基因全量分析结果的统计，形成报表支持下载，形成统计图支持部分预览。

##### 毒力基因发展图表

支持对毒力基因进行复合条件统计，根据时间设置生成报表支持下载，形成统计图支持部分预览。支持月度、季度、年度和自定义周期的设置。

##### 耐药基因发展图表

支持对耐药基因进行复合条件统计，根据时间设置生成报表支持下载，形成统计图支持部分预览。支持月度、季度、年度和自定义周期的设置。

#### （2）周期分析图表

##### 毒力基因的性别构成图

根据热点毒力基因统计，形成毒力基因的性别构成图

##### 毒力基因的年龄构成图

根据热点毒力基因统计，形成毒力基因的年龄构成图

##### 毒力基因所在区域地图展示

根据热点毒力基因统计，形成毒力基因的区域展示

##### 耐药基因的性别构成图

根据热点耐药基因统计，形成耐药基因的性别构成图

##### 耐药基因的年龄构成图

根据热点耐药基因统计，形成耐药基因的年龄构成图

##### 耐药基因所在区域地图展示

根据热点耐药基因统计，形成耐药基因的区域展示

#### （3）基因注释图谱

##### 基因注释图预览

根据结构化以后的基因功能注释结果数据生成基因功能注释预览图

##### 基因注释图明细

鼠标在预览图上选定区域后，在基因注释图明细显示区显示选定区域放大后的注释细节图

##### 基因注释图标注

在基因注释图明细显示区内，鼠标移动至注释区块上，可显示注释详情

##### 基因注释查找

支持搜索具体的基因功能注释项，在基因注释图明细显示区内，显示该搜索结果及邻近注释项

#### （4）数据驾驶舱

##### 转运箱状态图

在地图上标识出所有转运箱位置，轮询显示转运箱当前位置、温度、状态，是否处于业务中。

##### 转运业务信息

轮询显示24小时内转运业务情况

##### 样本基因资源公示统计数据

微生物资源供应目录查询子系统运行数据

##### 热点病原毒力基因统计

对近期若干项热点病原进行毒力基因分析结果的统计，显示前若干项分布情况。以轮询方式切换病原显示。

##### 热点病原耐药基因统计

对近期若干项热点病原进行耐药基因分析结果的统计，显示前若干项分布情况。以轮询方式切换病原显示。

##### 系统数据指标

显示系统目前的主要数据指标

### 7. 平台管理子系统

#### （1）六统一对接

##### 身份认证

对接现有身份认证系统，系统支持所内现有的身份认证机制，有效的保证真实身份，合乎国家相关身份认证安全规定

##### 系统角色优化

新增六统一平台的系统角色，新增用户与业务角色关联配置，新增业务角色的菜单权限管理

##### 权限管理优化

新增层级管理逻辑，完善市区两级实验室的登入权限，根据不同角色可以实现按菜单授权。

##### 实验室机构优化

新增感染性生物样本采集的组织机构与相关用户，新增用户与业务角色关联配置。

#### （2）操作日志新增

关键操作日志新增：新增本次开发功能的关键操作日志，为系统管理员和业务管理员提供关键操作类的日志详情。

### 8. 密码应用

#### （1）用户身份认证

调用云平台提供的安全认证网关服务接口，并在终端部署用户证书、服务端部署站点证书，绑定应用用户数字证书和应用用户ID，实现对终端和服务端身份的鉴别。

#### （2）用户访问控制信息签名验签

调用云平台提供的签名验签服务接口，实现应用系统登录用户的访问控制列表完整性保护。

#### （3）应用系统重要数据签名验签

调用云平台提供的签名验签服务接口，实现登录用户身份鉴别数据、业务日志、重要业务数据的存储完整性保护。

#### （4）应用系统重要数据加解密

调用云平台提供的数据库加密服务接口，实现登录用户身份鉴别数据、重要业务数据等结构化数据的存储机密性保护。

#### （5）服务器虚拟机设备日志/访问控制信息完整性

调用云平台提供的签名验签服务接口，实现应用服务器虚拟机、数据库服务器虚拟机等设备日志/访问控制信息的完整性保护。

#### （6）业务重要数据安全传输

调用云平台提供的安全认证网关服务接口，实现应用系统通信数据的机密性和完整性保护。

#### （7）重要可执行程序签名验签

调用云平台提供的签名验签服务接口，实现重要可执行程序的完整性、来源真实性保护。

### 9. 系统对接

#### （1）病原体基因序列溯源决策系统

病原体基础信息、样本信息和病原体高通量测序数据

#### （2）第三方物联网平台

转运箱位置、温度、工作状态等数据信息。

## （六）数据标准要求

按照国家标准、行业标准、地方标准、自研的序列，引用和编制系统涉及的业务数据集标准，包括数据元名称、定义、数据类型、表格格式、值域代码等。

本项目建设采用的主要规范和标准包括：

《GB\_T10114-2003县级以下行政区划代码编制规则》

《GB+02261.1-2003-T个人基本信息分类与代码》

《GB2260中华人民共和国行政区划代码》

《GBT+6565-2015职业分类与代码》

《WS+371-2012基本信息基本数据集个人信息》

《WS+375.10-2012疾病控制基本数据集》

《中华人民共和国传染病防治法》

《人间传染的病原微生物名录》

## （七）数据库要求

本系统部署在上海市政务云环境，数据库建设必须符合上海市政务云环境开发部署相关要求。

## （八）性能要求

系统应支持至少300用户的同时在线

系统应支持至少50用户并发操作

系统最大单表记录数至少支持50万条

结构化性数据保存、修改、删除等操作的相应反馈速度最大不应超过2秒。

一般1万条数据的简单查询及统计不应超过2秒。复杂综合性跨模块查询及统计不应超过2分钟。

## （九）存储要求

本系统部署在上海市政务云环境，由政务云统一提供存储资源。

## （十）网络环境要求

本系统部署在上海市政务云环境，由政务云统一提供网络环境。

## （十一）终端系统和接口要求

本系统支持主流操作系统和浏览器访问，符合疾控中心六统一要求，同时通过疾控统一的标准接口规范，对外仅实现与市数据资源平台的互联互通，不再涉及与其他系统的接口。

实验室用户通过六统一认证后，通过专网或政务外网的形式访问服务。系统支持主流操作系统和指定2款浏览器的访问。

互联网用户通过在线自注册验证手机号码后，通过互联网访问服务。系统支持主流操作系统和指定2款浏览器的访问。

应急采样用户经安全认证网关认证身份后，通过互联网访问服务，终端到服务端通过安全认证网关提供的加密传输服务来确保数据传输的完整性、机密性。

## （十二）操作系统要求

本系统部署在上海市政务云环境，服务器操作系统必须符合上海市政务云环境开发部署相关要求。

## （十三）浏览器要求

系统应支持Chrome或Firefox等至少两种主流浏览器版本的正常访问。

## （十四）系统安全要求

本系统按信息系统等级保护三级要求建设，整体安全管控要求需依据国家相关法律规定标准、信创要求以及我中心网络安全管理制度、个案数据使用管理制度落实实施。

系统需长期不间断运行且有较高时效性要求的系统，其网络、主机、存储备份设备、系统软件、应用软件等部分应该进行高可用性设计；同时系统涉及公民个人隐私数据，应具备良好的安全策略、安全手段、安全环境及安全管理措施。

使用通用国产密码技术、加密算法对数据进行保密性、完整性安全防护。不得使用弱加密技术和算法。

根据《中心（院）个案数据使用管理制度》要求对系统中数据查询、数据打印、数据下载、数据导出功能进行数据安全防护，支持对数据查询、打印、下载、导出功能进行授权；支持对展示、打印、下载条数进行限制，支持显示界面和导出界面添加水印功能。

主机层面应采用校验技术或密码技术保证重要数据在存储过程中的完整性，包括但不限于鉴别数据、重要业务数据、重要审计数据、重要配置数据、重要视频数据和重要个人信息等。

应用层面应采用校验技术或密码技术保证重要数据在传输过程中的完整性，包括但不限于鉴别数据、重要业务数据、重要审计数据、重要配置数据、重要视频数据和重要个人信息等；应采用密码技术保证重要数据在传输过程中的保密性，包括但不限于鉴别数据、重要业务数据和重要个人信息等。

用户操作不涉及敏感信息的查询、导出、打印。

## （十五）系统备份要求

每日增量备份，每周全备，保留3年。

## （十六）系统部署及软硬件集成要求

本系统部署在上海市政务云环境，系统部署及软硬件集成必须遵循国家信息技术创新的要求和电子政务云相关标准规范。

# 四、项目管理及售后服务要求

## （一）项目建设原则

上海市公共卫生网络实验室病原体基因序列溯源决策系统的总体设计以满足国家相关技术标准与业务规范的要求为前提，结合当前的业务需求和未来业务规划对系统进行设计，为实现其目标，本平台设计遵循以下几项原则：

1、规范化原则

统一标准信息化建设的基础工作，也是进行信息交换与共享的基本前提。因此，需要强调“统一规范，统一代码，统一接口”。本次项目设计和开发须符合国家及医疗卫生行业的相关信息化和数据标准或规范，特别是遵循医改以来中国卫生信息标准最新研究成果，功能符合国家的医疗卫生相关管理规范要求。

2、开放性原则

注重系统的开放性，以适应系统扩充的需要。开放性包括对环境的开放，提供跨系统、跨平台的标准接口，使各分系统有较强的交互操作能力；开放性还体现在系统的互联上，体现在系统的升级、扩充和更新上，体现在应用目标和功能的变化上。

3、先进性原则

软件系统的设计要采用先进技术，如：构架/构件技术、数据交换中间件技术、海量数据管理技术、多种数据引擎、数据标准及规范化技术、面向对象的数据仓库和联机分析技术、软件开发和建成平台技术、选择先进的开发工具等。

4、安全性原则

本系统按照信息系统安全等级保护三级要求建设，整体安全管控要求需依据国家网络安全法等相关法律规定标准以及我中心网络安全管理制度、个案数据使用管理制度落实实施，系统设计应保证系统的运行和数据传输，在软件的组织和设计方法的选择、数据的安全性和完整性以及系统的运行和管理等方面采取必要的措施，并防止和能够恢复由内在因素和危机环境造成的错误和灾难性故障，以保证系统的可靠性。

5、扩展性原则

系统设计应在满足现有需求基础上，充分考虑系统的可扩展性，以满足业务的不断发展，形成一个易于管理、可持续发展的体系结构。要充分考虑国家医疗制度改革对卫生信息系统带来的业务流程变动。

6、高性能、高可靠原则

系统应具有较高数据处理能力，满足各相关用户7\*24小时的服务要求，从而实现充分利用系统资源。

7、经济实用原则

坚持经济实用原则，注重投入产出效益，不盲目追求技术超前，力图以较少投入，产出适宜效果。以保证围绕实现目标为基础，确保所建设的系统是准确反映信息系统的业务需求，同时在使用上是简单、易用、可靠的。

## （二）项目实施进度要求

项目实施进度要求如下：

1）项目启动会后60个工作日内完成项目需求分析、概要设计、详细设计，细化系统建设计划和测试验收方案，并报采购人审查通过。

2）2025年3月15日前完成项目开发、编码测试，实现系统全部功能，完成调试、集成等，通过供应商内部测试与联调；

3）2025年4月30日前完成用户测试前培训、用户测试与修改、系统功能确认和系统初验。

4）2025年6月30日前完成第三方软件测评、第三方安全测评、第三方密码测评，系统试运行前培训、系统试运行，系统修改完善后正常、稳定运行，通过验收，进入维护期。

## （三）安装调试环境

本系统部署在上海市政务云环境，安装调试环境必须符合上海市政务云环境开发部署相关要求。

## （四）系统安装要求

本系统部署在上海市政务云环境，系统安装必须符合上海市政务云环境开发部署相关要求。

## （五）项目文档要求

1、在项目建设过程中，投标人应在相应阶段提供采购人双方签订的《合同》、《合同》的补充说明、《合同》的保密协议、《开工报审》文档、《系统集成实施方案》、《集成实施计划》、《安装调试报告》、《需求调研表》、《需求分析说明书》、《系统开发总体设计说明》、《系统概要设计书》、《系统详细设计书》、《数据库设计》、《接口规范和标准》、《源代码》、《软件采购对照表》、《应用软件功能对照表》、《测试方案》、《测试用例》、《测试记录》、《测试报告》、《系统安装确认书》、《安装配置报告》、《系统测试问题反馈表》、《项目初步验收报告》、《试运行阶段问题修改情况表》、《试运行报告》、《项目竣工验收报告》、《用户培训记录》、《项目工作总结》、《用户使用报告》、《数据资源目录注册表》、《验收确认单》、《系统使用规范》、《系统维护手册》、《软件用户使用手册》、《软件开发和实施计划》、《进度报告》、《培训计划》、《培训记录》等采购人认为必要的其他文档，按照负责项目验收单位的要求，提供项目验收所需的所有验收文档。

2、如采购人无明确要求，所有的技术文件应用中文书写或有完整的中文注释。

3、文档撰写要求语言文字描述清晰、逻辑通顺、内容全面具体、结构严谨。

4、文档内容变更应及时修订，并对文档进行版本化管理。

5、中标人需要设置专人在项目建设期间对文档进行撰写、检查、修订和管理，项目最终验收后全部移交采购人。

6、本项目所有文档最终需要向采购人提供纸质和电子文档各一套。

7、中标人在双方合同签订后应向采购人提交投标文件的电子版。各类文档应遵循版本化管理，并及时做好文档的更新管理工作。

## （六）系统测试要求

软件开发完成后，中标人应先自行完成软件功能和性能内部测试，并出具相应的内部测试报告。

系统应至少经过如下测试：

单元模块测试；

内部联调测试；

系统整体性能和压力测试；

例外应急处理测试。

## （七）第三方测评要求

采购人完成对系统功能确认后，中标人应全力配合第三方测评机构完成系统软件测评，系统安全测评，系统密码测评，问题记录和整改，直至出具第三方测评报告，满足项目验收要求。

## （八）系统验收及交付要求

1、按照双方签订的合同要求，中标人需要配合采购人共同完成项目验收，主要是针对采购的硬件、软件和开发的应用软件配置集成，软件功能，操作规范，网络和安全体系等内容进行验收。

2、验收要求系统完全实现项目建设内容，配置安装到位，集成后运行正常；系统功能实现上完全符合系统的设计文档；系统各模块性能和功能稳定、使用正常；操作规范符合用户的操作习惯；系统安全符合国家标准，能够充分保证数据安全、网络安全和应用安全。

3、中标人需交付项目成果物及所有验收文档，文档要求应按照负责项目验收单位的验收文档要求。

4、通过第三方软件测评、第三方安全测评和第三方密评，并获得相应报告。

## （九）售后服务与技术支持要求

投标方提供的集成和开发服务需满足不少于1年的免费维护期（即质保期）。

故障响应：中标方在免费维护期中故障响应时间不超过0.5小时。对于直接导致应用系统瘫痪的软件故障，中标方的技术支持工程师应在采购人报修后2小时内到达现场，配合有关方处理故障，尽快使系统恢复工作。

所有保修服务方式均为中标人上门保修，即由中标人派员到使用单位使用现场维护。由此产生的一切费用均由中标人承担；

质保期内每三个月进行一次系统安全检测；

中标人必须提出保修期内的维护内容和范围（产品、技术、模块）；

投标人需提供完整的售后服务和保障方案。

所有软件产品的质保期自本项目验收之日起开始计算。

工程建设期间及质保期均属于免费服务期，该期限内的所有售后服务，包括软件维护、应用软件升级、提供替代品等所产生的费用（不包含更换硬件和系统软件的费用）均由中标人承担。

中标人在质保期满后应继续向业主提供保证质量的售后服务，以维持系统正常运作，售后服务定价不得偏离市场价格规律。

## （十）项目培训要求

1、在项目建设期间，中标人需提供三次免费的应用软件和使用操作等方面现场培训。所有培训应在项目验收前完成。投标人须在投标文件中提出全面、详细的培训计划，并在双方合同签订后征得采购人同意后实施。

2、对于所有培训，中标人应在培训前提供采购人相应的培训资料和操作手册（纸质和电子各一份），中标人应派出具有相应专业资格和实际工作、教育经验培训教员进行培训，主要培训教员应至少具有三年的教学经验，培训所使用的语言应为中文，否则中标人需要提供同声翻译。

## （十一）安全保密要求

对于采购人提供给各投标方的招标文件和其他业务需求说明文件，投标方有为采购人保密的义务。

中标人应在采购人指定的工作机房内对系统及数据进行处理，不得对用户的数据进行拷贝、备份并带出工作机房，同时不得对外泄露用户数据资料（包括自然人、法人和其他共享数据）的具体内容。否则由此引起的用户损失、相关社会和法律责任，由中标人负责承担。

中标人必须协助用户采取各种管理和技术的手段，确保用户的数据不外传和泄露。

双方签署《保密协议》。

## （十二）项目管理要求

1、投标人需在投标文件中提供相应的项目管理要求，并承诺在项目建设过程中严格遵照执行。

2、投标人应根据采购人的项目建设周期和项目实施进度要求，在投标文件中提出相应的项目实施计划。

3、在项目管理方案中，应充分体现投标方在项目管理方面的经验和能力以及对该项目管理的设想和具体方法。

4、投标人应建立有效的信息沟通机制，未经采购人允许，不得擅自决议。

5、投标人应高度重视项目建设过程中的风险控制，建立防控措施。

6、投标人应遵守项目例会制度，项目经理不得缺席项目例会。

7、如系统试运行在正式环境中进行，必须通过第三方安全测评和第三方软件测评，第三方安全测评由采购人组织，费用由采购人承担。

8、系统试运行期间，如系统出现故障或异常，投标人应及时响应解决，采购人可根据实际情况适当延长系统试运行期限。

9、本项目不得转让、不得分包。

## （十三）项目建设团队要求

1、投标人需在投标文件中明确项目建设团队，未经采购人同意，投标人在中标后不得擅自变更项目团队人员，包括人员职责。

2、项目建设团队应具备项目经理1人，架构师1人，开发人员不少于4人，测试人员1人。团队人员应具有丰富的项目经验和相应技术资质或能力证明：其中项目经理应承担过软件开发项目的项目经理或项目负责人，具备5年及以上软件开发从业经验，具有本科以上学历以及信息系统项目管理师证书；项目组实施人员专业人员素质、技术能力、专业分布等符合要求，所有成员具备3年及以上软件开发从业经验，具有本科以上学历及卫生健康领域软件开发项目实施经历的优先考虑。

3、项目建设团队应根据项目供应商要求提供驻场服务，驻场人员不少于4人，项目经理需常驻现场，以及时响应项目建设需求。

## （十四）版权、知识产权及其他权益

1、在本项目建设过程中，投标人为本项目所产生的设计方案、应用软件、管理文档、管理制度，其版权归采购人所有。

2、除了投标人在投标书中明确知识产权权属的产品外，所有应用软件开发，包括二次开发的成果和知识产权应归采购人所有。

3、投标人按照合同交付采购人的所有软件产品（包括有可能涉及的数字资源产品）不得侵犯任何第三方的知识产权和其他合法权益。投标人对采购人正常使用这些交付物的合法性负责。为合法使用这些交付物，如果投标人需要采购人支付与所签合同总额以外的费用，该投标人应该事先在其投标文件中说明。

## （十五）企业综合实力要求

企业具备ISO9001及ISO27001证书的优先考虑。