



Layout para interfaceamento com Unilab via Web Service

Última atualização: 08/07/2024



Sumário

Objetivo	3
Termos utilizados neste documento	3
Forma de comunicação	
Geração do Token	
Modelos de exames – XML	4
Inclusão de pedidos - JSON	
Descrição dos campos:	
Formatos específicos:	
Exemplo de retorno com sucesso JSON:	
Exemplo de retorno com erro – JSON:	.19
Inclusão de pedidos - XML	
Exemplo de retorno com sucesso XML:	.22
Exemplo de retorno com erro XML:	.23
Consulta de resultados – JSON	
Descrição dos campos de resultado	
Consulta de resultados – XML	32
Consulta de resultados em PDF	.36

Objetivo

Esta documentação auxiliará a realizar a inclusão de pedidos e recuperação dos resultados de laboratórios de apoio que utilizam o sistema Unilab através do web service.

O primeiro passo é a geração de um token, utilizando o usuário e senha exclusivo que o laboratório de apoio cadastrou (é necessário solicitar este usuário e senha ao laboratório de apoio).

Com o token disponível, os pedidos podem ser inclusos utilizando o método incluiPedido, responsável também por retornar as etiquetas que serão coladas nos tubos de amostra e enviadas ao laboratório de apoio.

Os resultados podem ser consultados utilizando o método consultaResultado, informando o período de liberação ou um pedido em específico.

Vale lembrar que para iniciar a implementação da comunicação, tanto do token quanto da inclusão de pedidos, é necessário entrar em contato com a Uniware e solicitar os dados para ambiente de homologação.

Termos utilizados neste documento

Apoio – Laboratório que utiliza o Unilab e realiza os exames.

Apoiado – É um cliente do Apoio. Ele terceiriza a realização dos exames ou encaminha pacientes ao Apoio e recebe os resultados para entregar ao paciente. Se o apoiado ou o apoio já utiliza Unilab já tem esta integração pronta.

Forma de comunicação

O Unilab disponibiliza uma interface web onde poderão ser realizadas os seguintes procedimentos:

- Um GET para geração do Token de comunicação
- Um GET para solicitação de modelos de exames
- Um POST para inclusão de pedidos
- Um POST para consulta de resultados

Solicitação



A solicitação deve partir do software do apoiado, sendo realizada via POST/GET e pode ser realizada com os seguintes endpoints:

/GetToken: Retorna o Token, necessário para utilização dos demais endpoints

/modelos: Retorna os modelos de exames em um arquivo .zip convertido em base64

/incluiPedido: Utilizado para incluir pedidos, após a inclusão retorna os dados do pedido no apoio, número

do pedido, dados de etiquetas e etc...

/consultaResultado: Retorna os resultados de acordo com parâmetros informados

/consultaResultadoPDF: Retorna os resultados do pedido em formato PDF convertido para base64.

O endereço utilizado pela API normalmente segue um padrão com URL, Porta e endpoint, como por exemplo:

localhost:12345/getToken

Nos demais endpoints é possível escolher entre o formato (media type) XML e JSON (com exceção do /modelos que no momento aceita apenas XML), onde tanto a solicitação quanto as respostas estarão no padrão escolhido e, também nestes endpoints, é obrigatório passar o Token via Authorization do tipo Bearer Token.

Geração do Token

Para gerar o Token, é necessário realizar um GET no endpoint /GetToken passando o usuário e senha no header da solicitação. Este usuário e senha deve ser solicitado ao laboratório de apoio.

Dados que devem ser enviados no Header:

usuario

senha

Passando como valor destes campos o usuário e senha informado pelo laboratório do apoio.

Será retornado um novo token que deve ser utilizado com os demais endpoints, o retorno deste endpoint possui o seguinte padrão:

"token":

"eyJorqkpJsOzdcZbopvnzHlsjy9GKTJ8KdEzfPd41yxiwKxHw397MoczUv7oalhn77N5RfIJnLRzQdPnxJMkLJQnKeDveu03VrkCy9Kgx1dVrk1DVQlumM1LulaZn/Ufgk9vPGFU9ZodYuuUP9pfCvH3JE5Cw83euZTOJOKcKZWdRWQ4zDAanM1zOtTipZvsJaxvEFHxXVT5TBEQ5svBKJUkE/LZpb86VhMlB/VLurdCvWTtDDsJISAWtcWGfpdXuxNwXzsRfDq3tMLiEk756Wqmx3UkMyZ+6Q=="

Com o Token gerado, utilizar apenas o conteúdo do mesmo, sem as aspas duplas, para os demais EndPoints.

O token tem duração de 3 horas, após este tempo é necessário solicitar um token novo.

Sempre que um token novo for solicitado, o anterior deixa de funcionar

O token deve ser utilizado como Authorization do tipo "Bearer Token"

Modelos de exames - XML

Se trata de um arquivo cuja estrutura será abordada abaixo, mas que resumidamente contém a forma que os exames estão configurados pelo laboratório no sistema Unilab. É com base nesta configuração que serão gerados os resultados de cada exame.

Cada vez que este arquivo é solicitado, ele sempre conterá a última versão das configurações de exames do laboratório de apoio.

Para solicitar este arquivo, é necessário realizar um GET no endpoint /modelos, passando o token como Authorization do tipo Bearer Token e a chave "agil" (sem as aspas) nos headers, com o valor S ou N (será explicado abaixo, mas é recomendado enviar sempre com S), além de um body XML com a mesma informação. No momento os modelos de exames estão disponíveis apenas com o media type XML.

LAYOUT DO XML DE SOLICITAÇÃO DE MODELOS:

<Agil>S</Agil>



Descrição dos campos:

Agil

Campo	Descrição	Formato	Obr
Agil	Indica se o arquivo de modelos retornado será do tipo Agil ou Completo. A diferença entre eles é que no modelo Completo é retornada uma tag blob com toda a estrutura interna de configuração dos exames no sistema Unilab. Como estes dados são úteis normalmente apenas para apoiados que utilizam Unilab, é recomendável para demais apoiados enviarem sempre o valor S para esta tag.	S ou N	S

RETORNO DA SOLICITAÇÃO DE MODELOS:

Ao solicitar os modelos, será retornado uma estrutura de dados em base64, que se trata do arquivo de modelos em formato .zip convertido para base64.

Então para ter acesso ao arquivo de modelos em si, é necessário converter este base64 para .zip e então extrair, tendo acesso assim aos XMLs referentes aos modelos de exames.

NOTA: Dependendo da quantidade de exames integrados, os arquivos de modelo podem ser quebrados em vários XMLs, então recomenda-se implementar uma forma de integrar o próprio arquivo .zip e todos os XMLs dentro do mesmo

LAYOUT DO XML DOS MODELOS:

A estrutura do arquivo XML de modelos é o seguinte:

```
<?xml version="1.0" encoding="ISO-8859-1"?>
staexames>
  <versao></versao>
  <vigenciaglobal></vigenciaglobal>
  <exames>
   <exame>
     <mnemonico></mnemonico>
      <nome></nome>
      <sexo></sexo>
      <metodo></metodo>
      <nomemtbi></nomemtbi>
     <alteramtbi></alteramtbi>
     <vigencia></vigencia>
     o>
      <agrupamentoamostra/>
     <volumerecomendavel/>
      <conservacao></conservacao>
     <tempodejejum/>
     <instrucoespaciente/>
     <instrucoessite/>
      <instrucoescoleta/>
     <instrucoestransporte/>
     <porsexo></porsexo>
      <porfaixaetaria></porfaixaetaria>
      <semresultado></semresultado>
      <perguntas>
        <pergunta>
         <codigo></codigo>
         <texto></texto>
          <obrigatorio></obrigatorio>
          <local></local>
        </pergunta>
```



```
</perguntas>
      <alertas>
        <alerta>
          <codigo></codigo>
          <texto></texto>
        </alerta>
      </alertas>
      <exigencias>
        <pesoAlturaIdade></pesoAlturaIdade>
        <volumeAmostra></volumeAmostra>
        <tempoCoagulacao></tempoCoagulacao>
        <tempoSangramento></tempoSangramento>
        <obsAmostra></obsAmostra>
      </exigencias>
      <amostraadicional>
        <exame>
          <mnemonico></mnemonico>
          <nome></nome>
          <agrupamentoamostra></agrupamentoamostra>
          <codigomtbi></codigomtbi>
        </exame>
      </amostraadicional>
      <configuracoes>
        <configuracao>
          <descricao></descricao>
          <sexoconf></sexoconf>
          <faixaetaria>
            <diasinicio></diasinicio>
            <diasfim></diasfim>
          </faixaetaria>
          <blob></blob>
          linhasderesultado>
            linhaderesultado>
              <variavel></variavel>
              <descricao/>
              <unidade/>
              <valordereferencia/>
              <tipo></tipo>
              <obrigatorio></obrigatorio>
              imites>
                <inteiros></inteiros>
                <decimais></decimais>
                <maximo></maximo>
                <criticosuperior></criticosuperior>
                <superior></superior>
                <inferior></inferior>
                <criticoinferior></criticoinferior>
                <minimo></minimo>
              </limites>
            </linhaderesultado>
          </linhasderesultado>
        </configuração>
      </configuracoes>
    </exame>
  </exames>
</listaexames>
```

<u>listaexames</u>

Campo	Descrição	Formato	Obr
versao	Sempre que houver uma modificação na estrutura deste arquivo	Número inteiro	S



	esta versão será incrementada. A versão atual está na capa deste documento.		
datageracaoarq uivo	É a data e o momento em que o arquivo foi gerado no laboratório de apoio.	dd/mm/aaaa hh:mm:ss	Ø
vigenciaglobal	Indica a versão do conteúdo da lista de exames. É composta pela vigência mais o mnemônico do último exame alterado.	ddmmaaaa_nnn _eeeeeeee	S
exames	Contém várias tags exame.		S

exames

Campo	Descrição	Formato	Obr
exame	Contém os dados dos exames da listagem, sendo uma tag exame para cada exame no arquivo. Conferir tag exame.	Tag exames	S

<u>exame</u>

Campo	Descrição	Formato	Obr
mnemonico	Mnemônico do exame no laboratório de apoio.	Alfanumérico até 8 caracteres.	S
nome	Nome do exame no laboratório de apoio	Alfanumérico até 120 caracteres.	S
sexo	A quando é um exame que pode ser realizado para Ambos os sexos, F ou M quando é um exame exclusivo para o sexo Feminino ou Masculino, respectivamente.	A, F ou M	S
metodo	Nome do método utilizado para realização do exame.	Alfanumérico até 85 caracteres	N
codigomtbi	Código do material biológico no laboratório de apoio. Utilizado por alguns laboratórios de apoio que não usam Unilab e neste caso o campo com este mesmo nome do arquivo de modelo de exames tem que estar populado.	Alfanumérico até 10 caracteres	N
nomemtbi	Nome do material biológico para este exame. Caso o campo alteramtbi seja S, então o exame pode ser realizado com outros MTBIs além deste.	Alfanumérico até 40 caracteres	S
alteramtbi	N se o MTBI deste exame é fixo e será sempre o definido no campo nomembi. S se este exame pode ser realizado com outros MTBIs.	S ou N	S
vigencia	Versão da configuração do exame. Sempre que o modelo do exame sofrer alguma modificação, este campo é atualizado. A vigência é composta da data em que ocorreu a modificação no modelo do exame e de um contador que é incrementado caso ocorra mais do que uma modificação no modelo no mesmo dia.	dd/mm/aaaa nnn	S
prazo	Prazo previsto para realização do exame em dias contados desde a chegada do MTBI no Laboratório de apoio até a liberação do resultado do exame. Verificar junto ao laboratório de apoio se devem ser considerados sábados, domingos e feriados.	3 inteiros	S
agrupamentoamo stra	Uma mesma amostra de material biológico pode servir para realizar mais do que um exame. Os exames que tem o mesmo valor neste campo são realizados com a mesma amostra de	Alfanumérico até 9 caracteres	N



Campo	Descrição	Formato	Obr
	material biológico.		
volumerecomend avel	Volume de material biológico recomendável a ser coletado para a realização deste exame. Campo descritivo, informado pelo Apoio.	Alfanumérico até 20 caracteres	N
conservacao	Método a ser utilizado para conservação do material biológico para este exame. Opções a serem usadas: ND para não definido, AM para temperatura ambiente, RE para refrigerado, CO para congelado e CA para Congelado ao abrigo da luz.	ND, AM, RE, CO ou CA.	N
tempodejejum	Tempo de jejum necessário para realização do exame. Campo descritivo, informado pelo Apoio.	Alfanumérico até 20 caracteres	N
instrucoespaci ente	Instruções para o paciente para a realização do exame.	Alfanumérico com o tamanho de um mediumblob	N
instrucoessite	Máscara em HTML para formatação da Instrução para paciente para publicação no site.	Alfanumérico com o tamanho de um mediumblob	N
instrucoescole ta	Instruções para o coletador de como ele deve proceder no momento da coleta.	Alfanumérico com o tamanho de um mediumblob	N
instrucoestran sporte	Instruções de como o Material biológico coletado deve ser transportado.	Alfanumérico com o tamanho de um mediumblob	N
porsexo	Indica que a configuração do exame é específica por sexo, ou seja, este exame tem uma configuração para cada sexo ou uma configuração específica para um determinado sexo.	S ou N	S
porfaixaetaria	Indica que a configuração do exame é específica por idade, ou seja, este exame tem uma configuração para cada faixa etária ou uma configuração específica para uma determinada faixa etária.	S ou N	S
amostraadicion al	Contém uma tag exame para cada amostra adicional do exame. Se o exame não possui amostra adicional, omitir a tag amostraadicional.	Tag amostraadicion al	N
perguntas	Contém uma tag pergunta para cada pergunta relacionada ao exame	Tag perguntas	N
alertas	Contém uma tag alerta para cada alerta relacionado ao exame	Tag alertas	N
exigencias	Contém as tags pesoAlturaldade, volumeAmostra, tempoCoagulacao, tempoSangramento e obsAmostra, cada uma indicando sua exigência	Tag exigencias	N
configuracoes	Contém as configurações do laudo do exame. Conferir tag configurações.	Tag configuracoes	S

perguntas

Campo	Descrição	Formato	Obr
pergunta	Contém as tags Codigo, Texto, Obrigatorio e local.	Tag pergunta	N

pergunta



Campo	Descrição	Formato	Obr
codigo	Código numérico que identifica a pergunta	5 inteiros	N
texto	Texto da pergunta que deve ser respondida	Alfanumérico até 500 caracteres	N
obrigatorio	Indica se é obrigatório enviar a resposta para esta pergunta no arquivo de pedidos.	S ou N	N
local	Indica se a pergunta é relacionada ao Pedido (P) ou a Coleta (C)	P ou C	N

<u>alertas</u>

Campo	Descrição	Formato	Obr
alerta	Contém as tags Codigo e texto	Tag alerta	Ζ

alerta

Campo	Descrição	Formato	Obr
codigo	Código numérico que identifica o alerta	5 inteiros	N
texto	Texto do alerta que deve será exibido	Alfanumérico até 500 caracteres	N

<u>exigencias</u>

Campo	Descrição	Formato	Obr
pesoAlturaIdad e	Indica se é obrigatório o Peso, altura e idade do paciente para o cadastro de pedidos	S ou N	N
volumeAmostra	Indica se é obrigatório o volume da amostra para o cadastro de pedidos	S ou N	N
tempoCoagulaca o	Indica se é obrigatório o tempo de coagulação da amostra para o cadastro de pedidos	S ou N	N
tempoSangramen to	Indica se é obrigatório o tempo de sangramento para o cadastro de pedidos	S ou N	N
obsAmostra	Indica se é obrigatório a observação da amostra para o cadastro de pedidos	S ou N	N

amostraadicional

Campo	Descrição	Formato	Obr
exame	Contém uma tag exame para cada amostra adicional, porem com somente as informações de: mnemônico, nome, agrupamentoamostra e codigomtbi que representam a amostra adicional do exame.	Tag exame	S

configuracoes

Campo	Descrição	Formato	Obr
	3		1



Campo	Descrição	Formato	Obr
configuracao	Representa a forma como deve ser retornado o resultado deste exame para um determinado sexo e/ou faixa etária, possuindo uma tag configuração para cada sexo e/ou faixa etária. Conferir tag configuração.	Tag configuracao	S

configuração

Campo	Descrição	Formato	Obr
descricao	Nome da configuração.	Alfanumérico até 40 caracteres	S
sexoconf	A quando a configuração é para Ambos os sexos, M ou F quando é específica para os sexos Masculino ou Feminino respectivamente.	A, M ou F	S
faixaetaria	Representa em dias a faixa etária sobre a qual a configuração se aplica. Conferir tag faixaetaria.	Tag faixaetaria	S
blob	Campo exclusivo para apoiados que utilizam Unilab, caso o apoiado não utiliza esta tag será omitida.	blob	N
linhasderesult ado	Contém uma ou mais tags linhaderesultado, dependendo do exame. Por exemplo, a maioria dos exames de bioquímica tem apenas uma linha de resultado, já o hemograma completo tem várias. Conferir tag linhasderesultado.	Tag linhasderesulta do	S

<u>faixaetaria</u>

Campo	Descrição	Formato	Obr
diasinicio	Idade do paciente em dias que indica o início da faixa etária (inclusive este valor).	5 inteiros	S
diasfim	Idade do paciente em dias que indica o fim da faixa etária (inclusive este valor).	5 inteiros	S

<u>linhasderesultado</u>

Campo	Descrição	Formato	Obr
linhaderesulta do	Representa uma linha de resultado da configuração, possuindo uma tag para cada linha. Conferir tag linhaderesultado.	Tag linhaderesultad o	S

<u>linhaderesultado</u>

Campo	Descrição	Formato	Obr
variavel	Texto que identifica uma linha de resultado. Não pode se repetir dentro de um mesmo exame. Pode conter letras ou números ou _ não pode conter outro caractere de pontuação.	Alfanumérico até 30 caracteres	S
descricao	Descrição da linha de resultado para apresentação no laudo.	Alfanumérico de tamanho livre	N
unidade	Unidade de medida da linha de resultado. Pode estar vazia quando não é aplicada.	Alfanumérico de tamanho livre	N
valordereferen cia	Valor de referência da linha de resultado para a configuração atual. Pode estar vazio quando não é aplicado.	Alfanumérico de tamanho livre	N



Campo	Descrição	Formato	Obr
obrigatorio	Indica se a linha de resultado é obrigatória. Uma linha de resultado obrigatória sempre retornará um resultado no arquivo de resultados. Uma linha não obrigatória pode retornar com resultado ou pode simplesmente não existir no arquivo de retorno. S é obrigatória, N não é obrigatória.	S ou N	S
tipo	Indica o formato do resultado: N para numérico, A para alfanumérico ou I para IMAGEM.	N, A ou I	S
limites	Quando o tipo do resultado for numérico esta tag existe, é obrigatória e define o formato do número (inteiros e decimais) e os limites (maximo, superior, inferior e minimo). Se o tipo do resultado for alfanumérico, omitir a tag.	Tag limites	N

<u>limites</u>

Campo	Descrição	Formato	Obr
inteiros	Quantidade de dígitos inteiros que o resultado numérico pode ter.	1 inteiro	S
decimais	Quantidade de decimais que o resultado numérico pode ter.	1 inteiro	S
maximo	Limite máximo para o resultado. Nunca será gerado um resultado com um valor acima deste limite. Terá a quantidade de inteiros e decimais definido pelas tags inteiros e decimais	Conforme tags inteiros e decimais	Ø
criticosuperio r	Início da faixa superior de resultado crítico. Resultados acima deste valor são considerados críticos.	Conforme tags inteiros e decimais	S
superior	Limite superior da faixa de normalidade. Resultados acima deste limite são considerados fora da normalidade.	Conforme tags inteiros e decimais	S
inferior	Limite inferior da faixa de normalidade. Resultados abaixo deste limite são considerados fora da normalidade.	Conforme tags inteiros e decimais	S
criticoinferio r	Início da faixa inferior de resultado crítico. Resultados abaixo deste valor são considerados críticos.	Conforme tags inteiros e decimais	S
minimo	Limite mínimo para o resultado. Nunca será gerado um resultado com um valor abaixo deste limite. Conforme tags inteiros e decimais	Conforme tags inteiros e decimais	S

Inclusão de pedidos - JSON

Para incluir pedidos, é necessário realizar um POST no endpoint /IncluiPedido, passando o token como Authorization do tipo Bearer Token e escolhendo o media type (JSON ou XML), inicialmente será exemplificado o padrão JSON.

Todos os dados referentes ao pedido que será incluído devem ser informados no corpo deste POST, segue abaixo um exemplo de inclusão de pedido via JSON e também a explicação de cada campo e informações quanto a obrigatoriedade de cada campo:



```
LAYOUT DO JSON DE INCLUSÃO DE PEDIDOS:
 "convenio": "0007",
 "pedidos": [
    "codigo": "012313189",
    "paciente": {
     "codigo": "01000144",
     "nome": "NOME DO PACIENTE",
     "sexo": "F",
     "idade": "26A 2M 16D",
     "peso": "80",
     "altura": "1,8"
     "dum": "17/10/2023",
     "filhos": "2",
     "cesareas": "1".
     "abortos": "1",
     "menopausa": "NÃO",
     "lactante": "S".
     "gestacao": "5M",
     "histerectomizada": "S",
     "dtnasc": "31/07/1997",
     "cpf": "936.021.000-57",
     "rg": "99.999.999-9",
     "orgao_expedidor": "SSP",
     "telefone": "TEL PACI",
     "celular": "(049) 99747-8749",
     "email": "emaildopaciente@email.de.exemplo.com",
     "endereco": "Rua Otaviano Félix",
     "num_endereco": "70",
     "complemento endereco": "COMPLEMENTO",
     "bairro": "Nikko",
     "municipio": "Londrina",
     "ibge_municipio": "411370",
     "uf": "PR",
     "cep": "86.047-060",
     "nome mae": "NOME DA MÃE",
     "nome_pai": "NOME DO PAI",
     "cor": "6",
     "cns": "123456789123456",
     "nome_civil": "NOME CIVIL DO PACIENTE"
    "medico": {
     "codigo": "0100033",
     "nome": "NOME DO MÉDICO",
     "conselho": "CRM",
     "numeronoconselho": "99999/PR",
     "cpf": "936.021.000-57",
     "sexo": "M",
     "dtnasc": "31/07/1997",
     "especialidade": "213150",
     "endereco residencial": "Rua Otaviano Félix",
     "fone": "FONE RES",
     "bairro": "Nikko",
     "municipio": "Londrina",
     "ibge_municipio": "411370",
     "uf": "PR",
     "cep": "86.047-060",
     "celular": "(043) 98888-8888",
     "email": "EMAILDOMEDICO@EXEMPLO.DE.EMAIL.COM"
    "livreApoiado": "Qualquer informação que você quiser enviar para recuperar na hora do resultado.",
```



```
"observação do pedido",
"obstecnica": "OBS PEDI",
"obsdaamostra": "observação da amostra para o pedido",
"hormoniosmedicamentos": "hormônio / medicamento",
"internado": "I",
"acomodacao": "ACOMODAÇÃO",
"matricula": "123456789123456",
"empresaSolicitante": "00001",
"pedidoUrgente": "U",
"dataentrada": "20/10/2023 15:25:00",
"datasaidapedi": "20/10/2023 15:25:00",
"origemApoiado": "001",
"destinoApoiado": "002",
"dvalcartpedi": "17/11/2023",
"exames": [
  "idapoiado": "01000010046000010092",
  "obsamostraexpr": "OBSERVACAO DA AMOSTRA",
  "mnemonico": "APO1",
  "codigomtbi": "00027",
  "nomematerialbiologico": "Soro",
  "datahoracoleta": "17/10/2023 12:25",
  "urgente": "U",
  "livreexamapo": "Qualquer informação que você quiser enviar para recuperar na hora do resultado.",
  "volumeamostra": "100"
  "idapoiado": "01000010047000010093",
  "mnemonico": "APO6",
  "nomematerialbiologico": "Soro",
  "datahoracoleta": "17/10/2023 12:25",
  "urgente": "U",
  "amostraadicional": [
    "mnemonico": "APOAD1",
    "datahoracoleta": "17/10/2023 12:25"
   },
    "mnemonico": "APOAD2",
    "datahoracoleta": "17/10/2023 12:25"
"perguntas": [
  "codigo": "0002",
  "resposta": "teste",
  "exames": [
    "exame": "PERG"
```



Descrição dos campos:

incluiPedido

Campo	Descrição	Formato	Obr
convenio	Código que o laboratório apoiado recebe quando é cadastrado no sistema Unilab do Apoio. Neste arquivo este número identifica o apoiado e a quem os resultados deste arquivo serão destinados. Este número é fornecido ao apoiado, e deve ser informado em toda comunicação.	Número inteiro	S
pedidos	Contem os pedidos do lote.	Tag pedidos	S

pedidos

Campo	Descrição	Formato	Obr
pedido	Contém um objeto "pedido" para cada pedido do lote.	Tag pedido	S

pedido

Campo	Descrição	Formato	Obr
codigo	Código de identificação do pedido no laboratório apoiado.	Alfanumérico com até 30 caracteres.	S
paciente	Contem um objeto "paciente" para identificar o paciente do pedido.	Tag paciente	S
medico	Contem um objeto "medico" para identificar o médico do pedido.	Tag medico	S
IivreApoiado	Livre para enviar e armazenar informações técnicas úteis para o próprio apoiado, as quais serão retornadas no pedido no resultado. Este dado não é visível para o apoio.	Alfanumérico de até 16 MiB	N
observacao	Disponível para informar alguma observação geral do pedido.	Alfanumérico de até 200 caracteres.	N
obstecnica	Esta observação pode ser utilizada quando for necessário colocar alguma informação que influencie na coleta do material ou no resultado do exame.	Alfanumérico de até 300 caracteres.	N
obsdaamostra	Esta observação pode ser utilizada quando for necessário colocar alguma informação importante referente a todas amostras do pedido.	Alfanumérico de até 70 caracteres.	N
hormoniosmedicamentos	Utilizado para informar os medicamentos e/ou hormônios que o paciente estiver utilizando. Campo descritivo.	Alfanumérico de até 300 caracteres.	N
internado	Informa se o paciente está internado	Valores possíveis: A: Ambulatorial I: Internado	N
acomodacao	Se internado descreve a acomodação utilizada pelo paciente	Alfanumérico de até 50 caracteres	N
matricula	Matrícula (Carteirinha) do paciente utilizada no pedido.	Alfanumérico de até 20 caracteres	N
empresaSolicitante	Código da empresa solicitante previamente cadastrado no sistema do apoio.	Alfanumérico de até 5 caracteres	N
pedidoUrgente	Indica se o pedido é urgente	Valores possíveis: U: Urgente N: Não urgente	N
dataentrada	Data que o pedido foi cadastrado no laboratório	dd/mm/aaaa	N



	apoiado	hh:mm:ss		
datasaidapedi	Data prevista para entrega do pedido	dd/mm/aaaa hh:mm:ss	N	
origemApoiado	Código da origem do pedido previamente cadastrada no sistema do apoio.	Alfanumérico com 3 dígitos.	m 3 N	
destinoApoiado	Código do destino do pedido previamente cadastrado no sistema do apoio.	Alfanumérico com 3 dígitos.	N	
exames	Contem os exames contidos do pedido.	Tag exames	S	
perguntas	Contem as respostas para as perguntas do pedido. Conferir tag Perguntas	Tag Perguntas	N	

paciente

Campo	Descrição	Formato	Obr
codigo	Código do paciente no sistema do apoiado. Nota: Obrigatório caso queira importar o paciente no Unilab	Alfanumérico com até 30 caracteres.	N
nome	Nome do paciente.	Alfanumérico com até 70 caracteres.	S
sexo	Sexo do paciente. As opções aceitas nesta tag são M, F e I que correspondem a Masculino, Feminino e Ignorado.	Valores possíveis: M: Masculino/Macho F: Feminino/Fêmea I: Indefinido	S
idade	Idade do paciente. Deve ser informada no seguinte formato. 999A 99M 99D onde A indica a quantidade de Anos, M a quantidade de meses e D a quantidade de dias.	Alfanumérico de até 12 caracteres (999A 99M 99D).	S
peso	Peso do paciente em kg.	3 inteiros e 1 decimal.	N*
altura	Altura do paciente em metros. *Peso e altura podem ser obrigatórios, de acordo com as exigências individuais dos exames, como listado nos modelos de exames	1 inteiro e 2 decimais.	N*
dum	Data da ultima menstruação. Campo utilizado caso paciente seja do sexo feminino.	dd/mm/aaaa	N
filhos	Número de filhos do paciente. Campo utilizado caso paciente seja do sexo feminino.	Número inteiro com 2 dígitos.	N
cesareas	Número de cesáreas realizadas pela paciente. Campo utilizado caso paciente seja do sexo feminino.	Número inteiro com 2 dígitos.	N
abortos	Número de abortos realizados pela paciente. Campo utilizado caso paciente seja do sexo feminino.	Número inteiro com 2 dígitos.	N
menopausa	Tempo desde que a paciente entrou em menopausa. Campo utilizado caso paciente seja do sexo feminino.	Padrão informado no tópico "Menopausa/Gestacao".	N
lactante	Informa se a paciente é lactante. Campo utilizado caso paciente seja do sexo feminino.	Valores possíveis: S: Sim/Macho N: Não	N
gestacao	Quantidade de meses de gestação. Campo utilizado caso paciente seja do sexo feminino.	Padrão informado no tópico "Menopausa/Gestacao".	N
histerectomizada	Informa se a paciente é histerectomizada (teve o útero retirado). Campo utilizado caso paciente seja do sexo feminino.	Valores possíveis: S: Sim/Macho N: Não	N
dtnasc	Data de nascimento do paciente. OBS: O Unilab considera a idade do paciente no momento da coleta	dd/mm/aaaa	N



cpf	CPF do paciente.	Alfanumérico de 14 caracteres	N
rg	RG do paciente.	Alfanumérico de 20 caracteres	N
orgao_expedidor	Órgão expedidor do RG do paciente	Alfanumérico de 8 caracteres	N
telefone	Número do telefone do paciente.	Alfanumérico de 30 caracteres	N
celular	Número do celular do paciente. Padrão: 0+ddd+número	Alfanumérico de 30 caracteres	N
email	E-mail do paciente.	Alfanumérico de 120 caracteres	N
endereco	Endereço da residência do paciente.	Alfanumérico de 40 caracteres	N
num_endereco	Número do endereço da residência paciente.	Alfanumérico de 10 caracteres	N
complemento_ende reco	Complemento da residência do paciente.	Alfanumérico de 60 caracteres	N
bairro	Nome do bairro que o paciente habita.	Alfanumérico de 30 caracteres	N
municipio	Município onde o paciente habita.	Alfanumérico de 60 caracteres	N
ibge_municipio	Número do IBGE referente ao município do paciente.	Alfanumérico, de 6 caracteres	Ν
uf	Sigla do estado do paciente.	Alfanumérico de 2 caracteres	N
сер	CEP da residência do paciente.	Alfanumérico de 10 caracteres	N
nome_mae	Nome da mãe do paciente	Alfanumérico de 70 caracteres	N
nome_pai	Nome do pai do paciente	Alfanumérico de 70 caracteres	N
cor	Cor do paciente.	Valores possíveis: 0: Vazio 1: Branca 2: Preta 3: Amarela 4: Parda 5: Indígena 6: Não informada.	N
cns	CNS para ficar armazenado no cadastro do paciente	Alfanumérico de 15 caracteres	N
nome_civil	Nome civil do paciente.	Alfanumérico com até 70 caracteres.	N

medico

Campo	Descrição	Formato	Obr
codigo	Identificação do médico no sistema apoiado. Nota: Obrigatório caso queira importar o paciente no Unilab		N
nome	Nome do médico que solicitou o exame.	Alfanumérico de até 142 caracteres.	s
conselho	Sigla do conselho médico.	Valores possíveis: CRM CRV CRAS COREN CRF CRFA CREFITO CRN CRO CRP CRBM CRMV CRBIO CREF CRTR OUT (Outros).	N
numeronoconselho	Número no conselho médico e UF	Alfanumérico de até 15 caracteres.	N
cpf	Número do CPF do médico	Alfanumérico de 14 caracteres	N
sexo	Sexo do médico	Valores possíveis: M: Masculino. F: Feminino. I: Indefinido.	s
dtnasc	Data de nascimento do médico	dd/mm/aaaa	N
especialidade	Especialidade do médico	Alfanumérico de 20 caracteres	N
endereço_residencial	Endereço residencial do médico	Alfanumérico de 40 caracteres	N
fone	Telefone para contato com o médico	Alfanumérico de 30 caracteres	N
bairro	Bairro da residência do médico	Alfanumérico de 30 caracteres	N
municipio	Nome do município do médico	Alfanumérico de 60 caracteres	N
ibge_municipio	Código de IBGE do município	Alfanumérico de 6 caracteres	N
uf	Sigla UF do estado do médico	Alfanumérico de 2 caracteres	N



сер	Número de CEP do médico	Alfanumérico de 10 caracteres	N
celular	Número de Celular do médico	Alfanumérico de 30 caracteres	N
email	Email do médico.	Alfanumérico de 120 caracteres	N

exames

Campo	Descrição	Formato	Obr
exame	Contém um objeto "exame" para cada exame do pedido.	Tag exame	S

exame

Campo	Descrição	Formato	Obr
idapoiado	Campo contendo a chave de identificação do exame no laboratório apoiado, este campo será retornado no resultado com o mesmo conteúdo informado.	Alfanumérico de até 30 caracteres.	S
obsamostraexpr	Observação de uma amostra em específico.	Alfanumérico até 200 caracteres.	N
mnemonico	Mnemônico do exame que será realizado. Este mnemônico deve ser o do laboratório de apoio, conforme o arquivo de modelo de exames que deve ser solicitado ao apoio	Alfanumérico de até 8 caracteres.	S
codigomtbi	Código do material biológico no laboratório de apoio. Caso for enviado, deve ser utilizado o mesmo código do arquivo de modelos.	Alfanumérico até 50 caracteres	N
nomematerialbiologico	Nome do material biológico coletado para a realização do exame. Campo descritivo.	Alfanumérico de até 50 caracteres.	S
datahoracoleta	Data e hora em que a coleta do material biológico foi realizada. Somente não será obrigatório caso o laboratório de apoio aceite importar os exames como pendente.	dd/mm/aaaa HH:mm	N
urgente	Informa se o exame é urgente.	Valores possíveis: U: Urgente N: Não urgente	N
livreexamapo	Livre para enviar e armazenar informações técnicas úteis para o próprio apoiado, as quais serão retornadas no pedido na hora do resultado. Este dado não é visível para o apoio.	Alfanumérico de até 16 MiB	N
volumeamostra	Volume da amostra	Número inteiro com 5 dígitos.	N
amostraadicional	Contém as amostras adicionais do exame, utilizando um objeto "amostraadicional"	Tag amostraadicional	N

amostraadicional

Campo	Descrição	Formato	Obr
	Contém uma tag exame para cada amostra adicional do exame. Se o exame não possui amostra adicional, omitir a tag amostraadicional.	Formato Tag exame	N

Perguntas

Campo	Descrição	Formato	Obr
Pergunta	Contém uma tag pergunta para cada resposta de cada pergunta do pedido. Conferir tag pergunta	Tag pergunta	N*

Pergunta

Campo	Descrição	Formato	Obr
codigo	Código numérico que identifica a pergunta	5 inteiros	N*



Campo	Descrição	Formato	Obr
resposta	Resposta para a pergunta do pedido. *Pode ou não ser obrigatória, dependendo se o apoio exige ou não a resposta das perguntas de acordo com o modelo de exames.	Alfanumérico até 200 caracteres	N*
exames	Uma tag exame para cada exame vinculado a resposta, dentro da tag exame deve ser indicado o mnemônico do exame vinculado a resposta (mnêmonico do exame no APOIO)	Tag exames	N*

Formatos específicos:

Menopausa/Gestacao

Nestes campos poderão ser informado somente "SIM" ou "NÃO", além de poder mencionar exatamente o tempo do acontecido. Para enviar o tempo, deve seguir um dos dois possíveis formatos:

- 2 inteiros e nenhuma decimal e o tempo (##T)
- 1 inteiro e 1 decimal (#,#T)

Onde o "T" deve ser substituído por:

- D para Dias
- S para Semanas
- M para Meses
- · A para Anos.

Exemplo de retorno com sucesso JSON:

Ao incluir um pedido via API, será retornado um conjunto de dados como status, código do pedido no apoio, número da amostra e a estrutura da etiqueta primária, segue um exemplo de retorno em caso de sucesso:

```
JSON
 "pedidos": [
   "status": "OK".
   "codigoApoio": "080000175",
   "codigoApoiado": "012313189",
   "amostras": [
      "codBarras": "9080000232",
      "etiqueta": "N\r\nB0070,0012,0,3,2,4,056,B,\"9080000232\"\r\nA0059,0096,0,2,1,1,N,\"NOME DO
PACIENTE\"\r\nA0022,0176,3,2,1,1,N,\"080000175\"\r\nA0044,0192,3,2,1,1,N,\"\r\nA0062,0122,0,1,1,1,N,\"
Soro\"\r\nA0062,0146,0,1,1,1,N,\"APO1\"\r\nA0061,0169,0,1,1,1,N,\"\"\r\nA0292,0122,0,1,1,1,N,\"\"\r\nA0210,
0122,0,1,1,1,N,\"Dt. Col:\"\r\nP1\r\n",
      "exames": [
        "mnemonico": "APO1",
        "codigoApoio": "08000000530000000530",
        "codigoApoiado": "01000010046000010092"
   "amostras": [
```



```
"codBarras": "0007010459",
      "etiqueta": "N\r\nB0070,0012,0,3,2,4,056,B,\"0007010459\"\r\nA0059,0096,0,2,1,1,N,\"NOME DO
PACIENTE\"\r\nA0022,0176,3,2,1,1,N,\"080000175\"\r\nA0044,0192,3,2,1,1,N,\"\r\nA0062,0122,0,1,1,1,N,\"
Soro\"\r\nA0062,0146,0,1,1,1,N,\"APO6\"\r\nA0061,0169,0,1,1,1,N,\"\"\r\nA0292,0122,0,1,1,1,N,\"\"\r\nA0210,
0122,0,1,1,1,N,\"Dt. Col:\"\r\nP1\r\n",
      "exames": [
       {
        "mnemonico": "APO6",
        "codigoApoio": "08000000531000000531",
        "codigoApoiado": "01000010047000010093"
     ]
      "codBarras": "0007010460",
      etiqueta": "N\r\nB0070,0012,0,3,2,4,056,B,\"0007010460\"\r\nA0059,0096,0,2,1,1,N,\"NOME DO"
PACIENTE\"\r\nA0022,0176,3,2,1,1,N,\"080000175\"\r\nA0044,0192,3,2,1,1,N,\"\"\r\nA0062,0122,0,1,1,1,N,\"
Soro\"\r\nA0062,0146,0,1,1,1,N,\"APOAD1\"\r\nA0061,0169,0,1,1,1,N,\"\"\r\nA0292,0122,0,1,1,1,N,\"\"\r\nA02
10,0122,0,1,1,1,N,\"Dt. Col:\"\r\nP1\r\n",
      "exames": [
        "mnemonico": "APOAD1",
        "codigoApoio": "08000000532000000532",
        "codigoApoiado": "01000010047000010093"
      ]
      "codBarras": "0007010461",
      "etiqueta": "N\r\nB0070,0012,0,3,2,4,056,B,\"0007010461\"\r\nA0059,0096,0,2,1,1,N,\"NOME DO
PACIENTE\"\r\nA0022,0176,3,2,1,1,N,\"080000175\"\r\nA0044,0192,3,2,1,1,N,\"\r\nA0062,0122,0,1,1,1,N,\"
Soro\"\r\nA0062,0146,0,1,1,1,N,\"APOAD2\"\r\nA0061,0169,0,1,1,1,N,\"\"\r\nA0292,0122,0,1,1,1,N,\"\"\r\nA02
10,0122,0,1,1,1,N,\"Dt. Col:\"\r\nP1\r\n",
      "exames": [
        "mnemonico": "APOAD2",
        "codigoApoio": "08000000533000000533",
        "codigoApoiado": "01000010047000010093"
```

Exemplo de retorno com erro – JSON:

```
ERRO EM UM DOS PEDIDOS:
```

```
"pedidos": [
{
    "status": "ERRO",
    "codigoApoiado": "012313189",
    "erros": [
    {
        "codigo": "400",
        "descricao": "Falha causada pelo exame APO1: Este exame já foi importado"
    },
```



```
{
    "codigo": "239",
    "descricao": " O pedido com o código de terceiros 012313189 já foi importado anteriormente"
    }
    ]
}

ERRO GERAL DE COMUNICAÇÃO:
{
    "erro": "Erro: JSON inválido."
}
```

Inclusão de pedidos - XML

A inclusão de pedidos em formato XML segue exatamente o mesmo padrão do formato JSON (com os mesmos campos), modificando apenas o media type, que agora passa a ser XML tanto para a solicitação quanto para o que é retornado.

Este formato deve ser utilizado por quem já utiliza interface com o Unilab hoje via arquivos (pois já estará no padrão XML) ou por quem preferir o formato XML.

Vale ressaltar que com o formato XML é possível utilizar a marcação CDATA, tanto na inclusão quanto no retorno. O CDATA é uma marcação utilizada na estrutura XML para identificar que os dados dentro da mesma se tratam de caracteres e/ou textos comuns e que devem ser ignorados como parte da estrutura do XML. Desta forma, é possível a existência de todos os caracteres especiais ou acentuações possíveis dentro de um texto sem que estes 'quebrem' a estrutura do XML, desde que estes estejam dentro de um CDATA.

Segue abaixo um exemplo de inclusão de pedido via XML.

```
LAYOUT DO XML DE INCLUSÃO DE PEDIDOS:
```

```
<convenio>0007</convenio>
 <pedidos>
   <pedido>
     <codigo>012313189</codigo>
     <paciente>
      <codigo>01000144</codigo>
      <nome><![CDATA[NOME DO PACIENTE]]></nome>
      <sexo>F</sexo>
      <idade>26A 2M 16D</idade>
      <peso>80</peso>
      <altura>1,8</altura>
      <dum>17/10/2023</dum>
      <filhos>2</filhos>
      <cesareas>1</cesareas>
      <abortos>1</abortos>
      <menopausa>NÃO</menopausa>
      <lactante>S</lactante>
      <gestacao>5M</gestacao>
      <histerectomizada>S</histerectomizada>
      <dtnasc>31/07/1997</dtnasc>
      <cpf><![CDATA[936.021.000-57]]></cpf>
      <rg><![CDATA[99.999.999-9]]></rg>
      <orgao_expedidor><![CDATA[SSP]]></orgao_expedidor>
      <telefone><![CDATA[TEL PACI]]></telefone>
      <celular><![CDATA[(049) 99747-8749]]></celular>
      <email><![CDATA[emaildopaciente@email.de.exemplo.com]]></email>
      <endereco><![CDATA[Rua Otaviano Félix]]></endereco>
      <num_endereco><![CDATA[70]]></num_endereco>
```



```
<complemento_endereco><![CDATA[COMPLEMENTO]]></complemento_endereco>
      <bairro><![CDATA[Nikko]]></bairro>
      <municipio><![CDATA[Londrina]]></municipio>
      <ibqe_municipio><![CDATA[411370]]></ibge_municipio>
      <uf><![CDATA[PR]]></uf>
      <cep><![CDATA[86.047-060]]></cep>
      <nome_mae><![CDATA[NOME DA MÃE]]></nome_mae>
      <nome_pai><![CDATA[NOME DO PAI]]></nome_pai>
      <cor><![CDATA[6]]></cor>
      <cns><![CDATA[123456789123456]]></cns>
      <nome_civil><![CDATA[NOME CIVIL DO PACIENTE]]></nome_civil>
    </paciente>
    <medico>
      <codigo>0100033</codigo>
      <nome><![CDATA[NOME DO MÉDICO]]></nome>
      <conselho>CRM</conselho>
      <numeronoconselho>99999/PR</numeronoconselho>
      <cpf>936.021.000-57</cpf>
      <sexo>M</sexo>
      <dtnasc>31/07/1997</dtnasc>
      <especialidade><![CDATA[213150]]></especialidade>
      <endereco_residencial><![CDATA[Rua Otaviano Félix]]></endereco_residencial>
      <fone><![CDATA[FONE RES]]></fone>
      <bairro><![CDATA[Nikko]]></bairro>
      <municipio><![CDATA[Londrina]]></municipio>
      <ibge_municipio><![CDATA[411370]]></ibge_municipio>
      <uf><![CDATA[PR]]></uf>
      <cep><![CDATA[86.047-060]]></cep>
      <celular><![CDATA[(043) 98888-8888]]></celular>
      <email><![CDATA[EMAILDOMEDICO@EXEMPLO.DE.EMAIL.COM]]></email>
    </medico>
    </l></l></l></l></l
resultado.]]></livreApoiado>
    <observação do pedido]]></observação do pedido]]></observação</p>
    <obstecnica><![CDATA[OBS PEDI]]></obstecnica>
    <obsdaamostra><![CDATA[observação da amostra para o pedido]]></obsdaamostra>
    <hormoniosmedicamentos><![CDATA[hormônio / medicamento]]></hormoniosmedicamentos>
    <internado>l</internado>
    <acomodacao><![CDATA[ACOMODACÃO]]></acomodacao>
    <matricula><![CDATA[123456789123456]]></matricula>
    <empresaSolicitante>00001
         <pedidoUrgente>U</pedidoUrgente>
    <dataentrada>20/10/2023 15:25:00</dataentrada>
    <datasaidapedi>20/10/2023 15:25:00</datasaidapedi>
    <origemApoiado>001</origemApoiado>
    <destinoApoiado>002</destinoApoiado>
    <dvalcartpedi>17/11/2023</dvalcartpedi>
    <exames>
      <exame>
        <idapoiado>01000010046000010092</idapoiado>
        <obsamostraexpr>OBSERVACAO DA AMOSTRA</obsamostraexpr>
        <mnemonico>APO1</mnemonico>
       <codigomtbi>00027</codigomtbi>
        <nomematerialbiologico><![CDATA[Soro]]></nomematerialbiologico>
        <datahoracoleta>17/10/2023 12:25</datahoracoleta>
        <urgente>U</urgente>
        </l></l></l></l></l></l
resultado.]]></livreexamapo>
        <volumeamostra>100</volumeamostra>
      </exame>
      <exame>
        <idapoiado>01000010047000010093</idapoiado>
        <mnemonico>APO6</mnemonico>
```



```
<nomematerialbiologico><![CDATA[Soro]]></nomematerialbiologico>
      <datahoracoleta>17/10/2023 12:25</datahoracoleta>
      <urgente>U</urgente>
      <amostraadicional>
        <exame>
          <mnemonico>APOAD1</mnemonico>
          <datahoracoleta>17/10/2023 12:25</datahoracoleta>
        </exame>
        <exame>
          <mnemonico>APOAD2</mnemonico>
          <datahoracoleta>17/10/2023 12:25</datahoracoleta>
        </exame>
      </amostraadicional>
     </exame>
   </exames>
     <perguntas>
            <pergunta>
            <codigo></codigo>
            <resposta></resposta>
            <exames>
                   <exame></exame>
            </exames>
            </pergunta>
     </perguntas>
 </pedido>
</pedidos>
```

Exemplo de retorno com sucesso XML:

```
<retornolnserePedido>
 <pedidos>
  <pedido>
   <status>OK</status>
   <codigoApoio>080000174</codigoApoio>
   <codigoApoiado>012313189</codigoApoiado>
   <amostras>
    <amostra>
     <codBarras>9080000231</codBarras>
             B0070,0012,0,3,2,4,056,B,"9080000231"
A0059,0096,0,2,1,1,N,"NOME DO PACIENTE"
A0022,0176,3,2,1,1,N,"080000174"
A0044,0192,3,2,1,1,N,""
A0062,0122,0,1,1,1,N,"Soro"
A0062,0146,0,1,1,1,N,"APO1"
A0061,0169,0,1,1,1,N,""
A0292,0122,0,1,1,1,N,""
A0210,0122,0,1,1,1,N,"Dt. Col:"
P1
]]>
           </etiqueta>
     <exames>
      <exame>
        <mnemonico>APO1</mnemonico>
        <codigoApoio>08000000524000000524</codigoApoio>
        <codigoApoiado>01000010046000010092</codigoApoiado>
       </exame>
     </exames>
    </amostra>
   </amostras>
   <amostras>
```



```
<amostra>
     <codBarras>0007010454</codBarras>
     <etiqueta>
             B0070,0012,0,3,2,4,056,B,"0007010454"
A0059,0096,0,2,1,1,N,"NOME DO PACIENTE"
A0022,0176,3,2,1,1,N,"080000174"
A0044,0192,3,2,1,1,N,""
A0062,0122,0,1,1,1,N,"Soro"
A0062,0146,0,1,1,1,N,"APO6"
A0061,0169,0,1,1,1,N,""
A0292,0122,0,1,1,1,N,""
A0210,0122,0,1,1,1,N,"Dt. Col:"
P1
]]>
           </etiqueta>
     <exames>
      <exame>
        <mnemonico>APO6</mnemonico>
        <codigoApoio>08000000525000000525</codigoApoio>
        <codigoApoiado>01000010047000010093</codigoApoiado>
       </exame>
     </exames>
    </amostra>
    <amostra>
     <codBarras>0007010455</codBarras>
     <etiqueta>
             B0070,0012,0,3,2,4,056,B,"0007010455"
A0059,0096,0,2,1,1,N,"NOME DO PACIENTE"
A0022,0176,3,2,1,1,N,"080000174"
A0044,0192,3,2,1,1,N,""
A0062,0122,0,1,1,1,N,"Soro"
A0062,0146,0,1,1,1,N,"APOAD1"
A0061,0169,0,1,1,1,N,"
A0292,0122,0,1,1,1,N,""
A0210,0122,0,1,1,1,N,"Dt. Col:"
P1
]]>
           </etiqueta>
     <exames>
       <exame>
        <mnemonico>APOAD1</mnemonico>
        <codigoApoio>08000000526000000526</codigoApoio>
        <codigoApoiado>01000010047000010093</codigoApoiado>
       </exame>
     </exames>
    </amostra>
    <amostra>
     <codBarras>0007010456</codBarras>
     <etiqueta>
             B0070,0012,0,3,2,4,056,B,"0007010456"
A0059,0096,0,2,1,1,N,"NOME DO PACIENTE"
A0022,0176,3,2,1,1,N,"080000174"
A0044,0192,3,2,1,1,N,""
A0062,0122,0,1,1,1,N,"Soro"
A0062,0146,0,1,1,1,N,"APOAD2"
A0061,0169,0,1,1,1,N,""
A0292,0122,0,1,1,1,N,""
A0210,0122,0,1,1,1,N,"Dt. Col:"
P1
]]>
           </etiqueta>
     <exames>
       <exame>
```



Exemplo de retorno com erro XML: ERRO EM UM DOS PEDIDOS:

```
<retornolnserePedido>
  <pedidos>
     <pedido>
       <status>ERRO</status>
       <codigoApoiado>012313189</codigoApoiado>
       <erros>
         <erro>
            <codigo>400</codigo>
            <descricao>Falha causada pelo exame APO1: Este exame já foi importado</descricao>
         </erro>
            <codigo>239</codigo>
           <descricao> O pedido com o código de terceiros 012313189 já foi importado
anteriormente</descricao>
         </erro>
       </erros>
     </pedido>
  </pedidos>
</retornolnserePedido>
ERRO GERAL:
<erro>
  <erro>Erro: XML inválido.</erro>
</erro>
```

Consulta de resultados - JSON

Para consultar resultados, é necessário realizar um POST no endpoint /consultaResultado, passando o token como Bearer token e escolhendo o media type, no mesmo padrão da inclusão de pedidos (JSON ou XML).

Lembrando que o resultado retornado utiliza uma estrutura de variáveis com nomes, tamanhos e tipos específicos para cada laboratório de apoio, logo deve ser solicitado o arquivo de modelos para o laboratório de apoio Unilab, conforme modelo acima neste documento.

Para realizar a consulta dos resultados, basta escolher uma das 3 opções de filtro e enviar no corpo da requisição. Sendo elas:

- Data de liberação (dd/mm/aaaa hh:mm:ss)
- Código do pedido no apoio (Alfanumérico de até 9 caracteres)
- Código do pedido no apoiado (Alfanumérico até 30 caracteres)

EXEMPLO DO CORPO PARA CONSULTA DE RESULTADO JSON:

```
{
    "dtLiberacaoInicial": "17/10/2023 15:25:00",
    "dtLiberacaoFinal": "18/10/2023 15:25:00",
    "codigoApoio": "080000174",
    "codigoApoiado": "012313189"
}
```



EXEMPLO DE RETORNO JSON:

```
"pedidos": {
 "pedido": {
  "codigoApoio": "080000175",
  "codigoApoiado": "012313189",
  "livreApoiado": "Qualquer informação que você quiser enviar para recuperar na hora do resultado.",
  "dataentrada": "20/10/2023 15:25:00",
  "paciente": {
   "codigo": "01000118",
   "codigoapoiado": "01000144",
   "nome": "NOME DO PACIENTE",
   "datanasc": "31/07/1997",
   "cpf": "93602100057",
   "rg": "999999999",
   "sexo": "F",
   "idade": "26A 2M 16D",
   "peso": "80,0",
   "altura": "1,80"
  },
  "exames": [
     "mnemonico": "APO1",
    "nome": "0 APOIADO - RES NUM",
     "codigomtbi": "00027",
    "idapoiado": "01000010046000010092",
     "numeroamostra": "0007010351",
     "dataliberacao": "18/10/2023 16:27:09",
     "datadigitacao": "18/10/2023 16:27:09",
     "alteramtbi": "S",
     "nomematerialbiologico": "Água",
     "vigencia": "17/10/2023 004",
     "metodo": "Teste",
    "livreexamapo": "Qualquer informação que você quiser enviar para recuperar na hora do resultado.",
     "liberadopor": "ADMINISTRADOR DO SISTEMA",
     "datahoracoleta": "18/10/2023 16:24:00",
     "resultados": [
       "variavel": "NOTA",
       "impresso": "N",
       "tipo": "A",
       "valorresultado": "Exempo de nota",
       "descricao": "",
       "unidade": "",
       "valordereferencia": "",
       "limites": {
        "Limite": {
          "inteiros": "0",
```



```
"decimais": "0",
    "maximo": "0",
    "criticosuperior": "0",
    "superior": "0",
    "inferior": "0",
    "criticoinferior": "0",
    "minimo": "0"
  }
 }
},
 "variavel": "OBS",
 "impresso": "N",
 "tipo": "A",
 "valorresultado": "Exemplo de obs",
 "descricao": "",
 "unidade": "",
 "valordereferencia": "",
 "limites": {
   "Limite": {
    "inteiros": "0",
    "decimais": "0",
    "maximo": "0",
    "criticosuperior": "0",
    "superior": "0",
    "inferior": "0",
    "criticoinferior": "0",
    "minimo": "0"
  }
 }
},
 "variavel": "RES1",
 "impresso": "S",
 "tipo": "N",
 "valorresultado": "1",
 "descricao": "",
 "unidade": "",
 "valordereferencia": "> 110 até > 260",
 "limites": {
   "Limite": {
    "inteiros": "5",
    "decimais": "2",
    "maximo": "99999,99",
    "criticosuperior": "99999,99",
    "superior": "260",
    "inferior": "110",
    "criticoinferior": "0",
    "minimo": "0"
```



```
}
    }
  }
 ]
},
 "mnemonico": "APO6",
 "nome": "0 APOIADO - PAI",
 "codigomtbi": "00019",
 "idapoiado": "01000010047000010093",
 "numeroamostra": "0007010352",
 "dataliberacao": "18/10/2023 16:27:40",
 "datadigitacao": "18/10/2023 16:27:40",
 "alteramtbi": "N",
 "nomematerialbiologico": "Soro",
 "vigencia": "24/02/2023 001",
 "metodo": "Teste",
 "livreexamapo": "",
 "liberadopor": "ADMINISTRADOR DO SISTEMA",
 "datahoracoleta": "18/10/2023 16:24:00",
 "resultados": [
    "variavel": "APOAD1",
    "impresso": "N",
    "tipo": "A",
    "valorresultado": "resultado am adicional 1",
    "descricao": "",
    "unidade": "",
    "valordereferencia": "",
    "limites": {
     "Limite": {
      "inteiros": "0",
      "decimais": "0",
      "maximo": "0",
      "criticosuperior": "0",
      "superior": "0",
      "inferior": "0",
      "criticoinferior": "0",
      "minimo": "0"
     }
    }
  },
    "variavel": "APOAD2",
    "impresso": "N",
    "tipo": "A",
    "valorresultado": "resultado am adicional 2",
    "descricao": "",
    "unidade": "",
```



```
"valordereferencia": "",
 "limites": {
   "Limite": {
    "inteiros": "0",
    "decimais": "0",
    "maximo": "0",
    "criticosuperior": "0",
    "superior": "0",
    "inferior": "0",
    "criticoinferior": "0",
    "minimo": "0"
  }
 }
},
 "variavel": "NOTA",
 "impresso": "N",
 "tipo": "A",
 "valorresultado": "Nota",
 "descricao": "",
 "unidade": "",
 "valordereferencia": "",
 "limites": {
  "Limite": {
    "inteiros": "0",
    "decimais": "0",
    "maximo": "0",
    "criticosuperior": "0",
    "superior": "0",
    "inferior": "0",
    "criticoinferior": "0",
    "minimo": "0"
  }
 }
},
{
 "variavel": "OBS",
 "impresso": "N",
 "tipo": "A",
 "valorresultado": "Obs",
 "descricao": "",
 "unidade": "",
 "valordereferencia": "",
 "limites": {
  "Limite": {
    "inteiros": "0",
    "decimais": "0",
    "maximo": "0",
    "criticosuperior": "0",
```



```
"superior": "0",
          "inferior": "0",
          "criticoinferior": "0",
          "minimo": "0"
        }
       }
     },
       "variavel": "RES1",
       "impresso": "N",
       "tipo": "A",
       "valorresultado": "resultado normal",
       "descricao": "",
       "unidade": "",
       "valordereferencia": "> 110 até > 260",
       "limites": {
        "Limite": {
          "inteiros": "0",
          "decimais": "0",
          "maximo": "0",
          "criticosuperior": "0",
          "superior": "0",
          "inferior": "0",
          "criticoinferior": "0",
          "minimo": "0"
        }
      }
     }
 ]
}
```

Descrição dos campos de resultado

Campo	Descrição	Formato
pedidos	Contem os pedidos do lote.	Tag pedidos

pedidos

Campo	Descrição	Formato
pedido	Contém um objeto "pedido" para cada pedido do lote.	Tag pedido

pedido

Campo	Descrição	Formato
LCOUIDOADOIO		Número inteiro com 9 dígitos.



	apoio.	
codigoApoiado	Código do pedido no laboratório apoiado.	Número inteiro com até 30 dígitos.
livreApoiado	Nesse campo será retornado exatamente o mesmo valor que foi informado no campo livreApoiado do arquivo de pedidos.	Texto livre
dataentrada	Data que o pedido de exames foi cadastrado no laboratório.	dd/mm/aaaa hh:mm:ss
paciente	Contem um objeto "paciente" para identificar o paciente do pedido.	Tag paciente
exames	Contem os exames contidos do pedido.	Tag exames

paciente

Campo	Descrição	Formato
codigo	Código do paciente no laboratório de apoio. Código sequencial gerado no ato do cadastro de um novo paciente que não pode ser alterado.	Alfanumérico até 7 caracteres.
codigoapoiado	Código do paciente no laboratório apoiado.	Alfanumérico até 30 caracteres.
nome	Nome completo do paciente.	Alfanumérico até 70 caracteres.
sexo	Sexo do paciente. As opções aceitas nesta tag são M, F e I que correspondem a Masculino, Feminino e Ignorado.	Valores possíveis: M: Masculino/Macho F: Feminino/Fêmea I: Indefinido
cpf	CPF do paciente.	Alfanumérico de 14 caracteres
rg	RG do paciente.	Alfanumérico de 20 caracteres
idade	Idade do paciente. Deve ser informada no seguinte formato. 999A 99M 99D onde A indica a quantidade de Anos, M a quantidade de meses e D a quantidade de dias.	Alfanumérico de até 12 caracteres (999A 99M 99D).
peso	Peso do paciente em kg.	3 inteiros e 1 decimal.
altura	Altura do paciente em metros.	1 inteiro e 2 decimais.
datanasc	Data de nascimento do paciente no formato padrão de data.	DD/MM/YYYY

exames

Campo	Descrição	Formato
ovom o	Contém um objeto "exame" para cada exame do pedido com suas devidas	Tog overs
exame	identificações.	Tag exame

exame

Campo	Descrição	Formato
mnemonico	Mnemônico do exame no laboratório de apoio.	Alfanumérico até 8 caracteres.
nome	Nome descritivo do exame no laboratório de apoio.	Alfanumérico até 120 caracteres.
codigomtbi	Código do material biológico no laboratório de apoio. Código sequencial inalterável.	Alfanumérico até 5 caracteres.
idapoiado	Código identificador do exame no laboratório apoiado. Neste é retornado o conteúdo enviado no campo "idapoiado" do arquivo de pedidos	Alfanumérico até 30 posições.
numeroamostra	Número da amostra utilizado para identificar o recipiente de Material Biológico. É gerado pelo apoio e retornado na comunicação	10 inteiros
Dataliberacao	Data e hora da liberação do exame. Pode ser utilizado para controle de versão do resultado.	dd/mm/aaaa HH:mm:ss



Datadigitacao	Data e hora da digitação do exame.	dd/mm/aaaa HH:mm:ss
alteramtbi	Indica se o MTBI deste exame é fixo e será sempre o MTBI definido na lista de exames ou se este exame pode ser realizado com diferentes MTBIs.	Valores possíveis: S: Sim N: Não
nomematerialbiologico	Nome do material biológico do exame. Quando o campo "alteramtbi" contém S, esta descrição será o MTBI enviado pelo apoiado, senão será a descrição do MTBI determinado pelo modelo de exames.	Alfanumérico até 80 caracteres
vigencia	Versão da configuração do exame. Sempre que o modelo do exame sofrer alguma modificação, este campo é atualizado. A vigência é composta da data em que ocorreu a modificação no modelo do exame e de um contador que é incrementado caso ocorra mais do que uma modificação no modelo no mesmo dia.	dd/mm/aaaa nnn
metodo	Método utilizado para se obter o resultado do exame.	Alfanumérico até 85 caracteres
resultados	Contém os resultados liberados do exame.	Tag resultados
datahoracoleta	Contém a data e a hora que foi realizada a coleta do material biológico do exame.	dd/mm/aaaa HH:mm:ss
liberadopor	Contém o usuário que fez a liberação do(s) resultado(s) do exame.	Alfanúmerico até 60 caracteres.
livreexamapo	Nesse campo será retornado exatamente o mesmo valor que foi informado no campo livreexamapo do arquivo de pedidos.	Texto livre

resultados

Campo	Descrição	Formato
resultado	Contém um objeto "resultado" para cada variável de resultado do exame.	Tag resultado

resultado

Campo	Descrição	Formato
variavel	Texto que identifica uma linha de resultado. Não pode se repetir dentro de um mesmo exame.	Alfanumérico até 30 caracteres.
impresso	Indica se o resultado da variável em questão será impresso no laudo ou não. Se estiver marcado com N, os campos "tipo" e "valorresultado" serão omitidas. E significa que o apoio propositalmente determinou que esta linha de resultado não deve sair no laudo.	Valores possíveis: S: Sim N: Não
tipo	Identifica o tipo do conteúdo do campo "valorresultado":	Valores possíveis: N: Numérico A: Alfanumérico I: Imagem convertida para Base64
valorresultado	Valor de resultado digitado pelo laboratório.	Conforme valor do campo "tipo" e arquivo de modelo de exames.
descricao	Descrição da variável do resultado usado para identificar a linha de resultado digitada.	Alfanumérico até 500 caracteres.
unidade	Unidade de medida utilizada no resultado.	Alfanumérico até 30 caracteres
valordereferencia	Valor de referencia dos resultados.	Alfanumérico de até 16 MiB
limites	Contém os limites do resultado.	Tag limites

limites

Campo	Descrição	Formato



Limite Contém uma tag Limite para cada limite do resultado. Tag Limite

Limite

Campo	Descrição	Formato
inteiros	Quantidade de digitos inteiros aceitos no resultado do exame, podendo ser de 1 a 9.	1 inteiro
decimais	Quantidade de casas decimais aceitos no resultado do exame, podendo ser de 0 a 9.	1 inteiro
maximo	Limite máximo para resultado numérico. Resultados só estarão acima do limite máximo caso autorizado por um superior.	18 inteiros e 9 decimais
criticosuperi or	Início da faixa superior de resultado crítico. Resultados acima deste valor são considerados críticos.	18 inteiros e 9 decimais
superior	Limite superior para resultado numérico. Resultados acima desse valor são considerados anormais.	18 inteiros e 9 decimais
inferior	Limite inferior para resultado numérico. Resultados abaixo desse valor são considerados anormais.	18 inteiros e 9 decimais
criticoinferi or	Início da faixa inferior de resultado crítico. Resultados abaixo deste valor são considerados críticos.	18 inteiros e 9 decimais
minimo	Limite mínimo para resultado numérico. Resultados só estarão abaixo do limite mínimo caso autorizado por um superior.	18 inteiros e 9 decimais

Consulta de resultados - XML

Assim como na inclusão de pedidos, é possível consultar os resultados também via XML, e também como na inclusão de pedidos, todos os campos descritos na estrutura do JSON possuem exatamente o mesmo padrão para o XML, modificando apenas a estrutura e o media type.

EXEMPLO DO CORPO PARA CONSULTA DE RESULTADO XML:

```
<?xml version="1.0" encoding="ISO-8859-1"?>
```

<consultaResultado>

<dtLiberacaoInicial>17/10/2023 15:25:00</dtLiberacaoInicial>

<dtLiberacaoFinal>18/10/2023 15:25:00</dtLiberacaoFinal>

<codigoApoio>080000174</codigoApoio>

<codigoApoiado>012313189</codigoApoiado>

</consultaResultado>

EXEMPLO DO RETORNO EM XML:

```
<loteretorno>
```

<pedidos>

<pedido>

<codigoApoio>080000175</codigoApoio>

<codigoApoiado>012313189</codigoApoiado>

<a href="clivre

<dataentrada>20/10/2023 15:25:00</dataentrada>

<paciente>

<codigo><![CDATA[01000118]]></codigo>

<codigoapoiado><![CDATA[01000144]]></codigoapoiado>

<nome><![CDATA[NOME DO PACIENTE]]></nome>

<sexo><![CDATA[F]]></sexo>

<cpf><![CDATA[93602100057]]></cpf>

<rg><![CDATA[99999999]]></rg>

<idade><![CDATA[26A 2M 16D]]></idade>

<peso>80,0</peso>

<altura>1,80</altura>

<datanasc><![CDATA[31/07/1997]]></datanasc>

</paciente>



```
<exames>
       <exame>
        <mnemonico><![CDATA[APO1]]></mnemonico>
        <nome><![CDATA[0 APOIADO - RES NUM]]></nome>
        <codigomtbi><![CDATA[00027]]></codigomtbi>
        <idapoiado><![CDATA[01000010046000010092]]></idapoiado>
        <numeroamostra><![CDATA[0007010351]]></numeroamostra>
        <dataliberacao><![CDATA[18/10/2023 21:29:37]]></dataliberacao>
        <datadigitacao><![CDATA[18/10/2023 21:29:37]]></datadigitacao>
        <alteramtbi><![CDATA[S]]></alteramtbi>
        <nomematerialbiologico><![CDATA[Água]]></nomematerialbiologico>
        <vigencia><![CDATA[18/10/2023 004]]></vigencia>
        <metodo><![CDATA[Teste]]></metodo>
        </l></l></l></l></l></l
resultado.]]></livreexamapo>
        liberadopor><![CDATA[ADMINISTRADOR DO SISTEMA]]></liberadopor>
        <datahoracoleta><![CDATA[18/10/2023 16:24:00]]></datahoracoleta>
        <resultados>
          <resultado>
            <variavel><![CDATA[NOTA]]></variavel>
            <impresso><![CDATA[N]]></impresso>
            <tipo><![CDATA[A]]></tipo>
            <valorresultado><![CDATA[Exemplo de nota]]></valorresultado>
            <descricao />
            <unidade />
            <valordereferencia />
            limites>
             <Limite>
               <inteiros><![CDATA[0]]></inteiros>
               <decimais><![CDATA[0]]></decimais>
               <maximo><![CDATA[0]]></maximo>
               <criticosuperior><![CDATA[0]]></criticosuperior>
               <superior><![CDATA[0]]></superior>
               <inferior><![CDATA[0]]></inferior>
               <criticoinferior><![CDATA[0]]></criticoinferior>
               <minimo><![CDATA[0]]></minimo>
             </Limite>
            </limites>
          </resultado>
          <resultado>
            <variavel><![CDATA[OBS]]></variavel>
            <impresso><![CDATA[N]]></impresso>
            <tipo><![CDATA[A]]></tipo>
            <valorresultado><![CDATA[Observação]]></valorresultado>
            <descricao />
            <unidade />
            <valordereferencia />
            limites>
             <Limite>
               <inteiros><![CDATA[0]]></inteiros>
               <decimais><![CDATA[0]]></decimais>
               <maximo><![CDATA[0]]></maximo>
               <criticosuperior><![CDATA[0]]></criticosuperior>
               <superior><![CDATA[0]]></superior>
               <inferior><![CDATA[0]]></inferior>
               <criticoinferior><![CDATA[0]]></criticoinferior>
               <minimo><![CDATA[0]]></minimo>
             </Limite>
            </limites>
          </resultado>
          <resultado>
            <variavel><![CDATA[RES1]]></variavel>
            <impresso><![CDATA[S]]></impresso>
```



```
<tipo><![CDATA[N]]></tipo>
     <valorresultado><![CDATA[10]]></valorresultado>
     <descricao><![CDATA[Resultado]]></descricao>
     <unidade><![CDATA[ml]]></unidade>
     <valordereferencia><![CDATA[> 110 até > 260]]></valordereferencia>
     limites>
       <Limite>
        <inteiros><![CDATA[5]]></inteiros>
        <decimais><![CDATA[2]]></decimais>
        <maximo><![CDATA[99999,99]]></maximo>
        <criticosuperior><![CDATA[99999,99]]></criticosuperior>
        <superior><![CDATA[260]]></superior>
        <inferior><![CDATA[110]]></inferior>
        <criticoinferior><![CDATA[0]]></criticoinferior>
        <minimo><![CDATA[0]]></minimo>
       </Limite>
     </limites>
   </resultado>
 </resultados>
</exame>
<exame>
 <mnemonico><![CDATA[APO6]]></mnemonico>
 <nome><![CDATA[0 APOIADO - PAI]]></nome>
 <codigomtbi><![CDATA[00019]]></codigomtbi>
 <idapoiado><![CDATA[01000010047000010093]]></idapoiado>
 <numeroamostra><![CDATA[0007010352]]></numeroamostra>
 <dataliberacao><![CDATA[18/10/2023 21:30:09]]></dataliberacao>
 <datadigitacao><![CDATA[18/10/2023 21:30:09]]></datadigitacao>
 <alteramtbi><![CDATA[N]]></alteramtbi>
 <nomematerialbiologico><![CDATA[Soro]]></nomematerialbiologico>
 <vigencia><![CDATA[24/02/2023 001]]></vigencia>
 <metodo><![CDATA[Teste]]></metodo>
 livreexamapo />
 liberadopor><![CDATA[ADMINISTRADOR DO SISTEMA]]></liberadopor>
 <datahoracoleta><![CDATA[18/10/2023 16:24:00]]></datahoracoleta>
 <resultados>
   <resultado>
     <variavel><![CDATA[APOAD1]]></variavel>
     <impresso><![CDATA[N]]></impresso>
     <tipo><![CDATA[A]]></tipo>
     <valorresultado><![CDATA[Resultado amostra adicional 1]]></valorresultado>
     <descricao />
     <unidade />
     <valordereferencia />
     limites>
       <Limite>
        <inteiros><![CDATA[0]]></inteiros>
        <decimais><![CDATA[0]]></decimais>
        <maximo><![CDATA[0]]></maximo>
        <criticosuperior><![CDATA[0]]></criticosuperior>
        <superior><![CDATA[0]]></superior>
        <inferior><![CDATA[0]]></inferior>
        <criticoinferior><![CDATA[0]]></criticoinferior>
        <minimo><![CDATA[0]]></minimo>
      </Limite>
     </limites>
   </resultado>
   <resultado>
     <variavel><![CDATA[APOAD2]]></variavel>
     <impresso><![CDATA[N]]></impresso>
     <tipo><![CDATA[A]]></tipo>
     <valorresultado><![CDATA[Resultado amostra adicional 2]]></valorresultado>
     <descricao />
```



```
<unidade />
 <valordereferencia />
 limites>
   <Limite>
     <inteiros><![CDATA[0]]></inteiros>
     <decimais><![CDATA[0]]></decimais>
     <maximo><![CDATA[0]]></maximo>
     <criticosuperior><![CDATA[0]]></criticosuperior>
     <superior><![CDATA[0]]></superior>
     <inferior><![CDATA[0]]></inferior>
     <criticoinferior><![CDATA[0]]></criticoinferior>
     <minimo><![CDATA[0]]></minimo>
   </Limite>
 </limites>
</resultado>
<resultado>
 <variavel><![CDATA[NOTA]]></variavel>
 <impresso><![CDATA[N]]></impresso>
 <tipo><![CDATA[A]]></tipo>
 <valorresultado><![CDATA[Exemplo de nota]]></valorresultado>
 <descricao />
 <unidade />
 <valordereferencia />
 limites>
   <Limite>
     <inteiros><![CDATA[0]]></inteiros>
     <decimais><![CDATA[0]]></decimais>
     <maximo><![CDATA[0]]></maximo>
     <criticosuperior><![CDATA[0]]></criticosuperior>
     <superior><![CDATA[0]]></superior>
     <inferior><![CDATA[0]]></inferior>
     <criticoinferior><![CDATA[0]]></criticoinferior>
     <minimo><![CDATA[0]]></minimo>
   </Limite>
 </limites>
</resultado>
<resultado>
 <variavel><![CDATA[OBS]]></variavel>
 <impresso><![CDATA[N]]></impresso>
 <tipo><![CDATA[A]]></tipo>
 <valorresultado><![CDATA[Exemplo de observação]]></valorresultado>
 <descricao />
 <unidade />
 <valordereferencia />
 limites>
   <Limite>
     <inteiros><![CDATA[0]]></inteiros>
     <decimais><![CDATA[0]]></decimais>
     <maximo><![CDATA[0]]></maximo>
     <criticosuperior><![CDATA[0]]></criticosuperior>
     <superior><![CDATA[0]]></superior>
     <inferior><![CDATA[0]]></inferior>
     <criticoinferior><![CDATA[0]]></criticoinferior>
     <minimo><![CDATA[0]]></minimo>
   </Limite>
 </limites>
</resultado>
<resultado>
 <variavel><![CDATA[RES1]]></variavel>
 <impresso><![CDATA[N]]></impresso>
 <tipo><![CDATA[A]]></tipo>
 <valorresultado><![CDATA[Resultado amostra principal]]></valorresultado>
 <descricao />
```



```
<unidade />
            <valordereferencia><![CDATA[> 110 até > 260]]></valordereferencia>
            limites>
              <Limite>
                <inteiros><![CDATA[0]]></inteiros>
                <decimais><![CDATA[0]]></decimais>
                <maximo><![CDATA[0]]></maximo>
                <criticosuperior><![CDATA[0]]></criticosuperior>
                <superior><![CDATA[0]]></superior>
                <inferior><![CDATA[0]]></inferior>
                <criticoinferior><![CDATA[0]]></criticoinferior>
                <minimo><![CDATA[0]]></minimo>
              </Limite>
            </limites>
           </resultado>
         </resultados>
       </exame>
     </exames>
   </pedido>
 </pedidos>
</lorentering>
```

Consulta de resultados em PDF

Para consultar resultados PDF, é necessário realizar um POST no endpoint /consultaResultadoPDF, passando o token como Bearer token e escolhendo o media type, no mesmo padrão da inclusão de pedidos (JSON ou XML).

O resultado é retornado em formato PDF convertido para base64.

Pode ser retornado apenas um PDF por pedido ou múltiplos PDFs sendo um para cada exame do pedido, isso é configurável no sistema Unilab.

Para realizar a consulta dos resultados, basta escolher uma das 2 opções de filtro e enviar no corpo da requisição. Sendo elas:

- Código do pedido no apoio (Alfanumérico de até 9 caracteres)
- Código do pedido no apoiado (Alfanumérico até 30 caracteres

EXEMPLO DO CORPO PARA CONSULTA DE RESULTADO XML:

```
<consultaResultado>
<codigoApoiado>014131131</codigoApoiado>
</consultaResultado>
```

ΟU

```
<consultaResultado>
  <codigoApoio>9A0000011</codigoApoio>
</consultaResultado>
```

EXEMPLO DO RETORNO EM XML PARA PDFs POR PEDIDO:



```
<idapoiado>01000000327000000336</idapoiado>
  </exame>
  <exame>
   <mnemonico>HEM</mnemonico>
   <idapoiado>01000000328000000337</idapoiado>
  </exame>
 </exames>
 <codigoApoio>9A000011</codigoApoio>
 <codigoApoiado>014131131</codigoApoiado>
    <![CDATA[BASE64...]]></laudo>
</pedido>
EXEMPLO DO RETORNO EM XML PARA PDFs POR EXAME:
<?xml version="1.0" encoding="ISO-8859-1"?>
<pedido>
  <exames>
    <exame>
      <mnemonico>TGP</mnemonico>
      <idapoiado>01000000325000000334</idapoiado>
      <laudo>
        <![CDATA[Base64]]>
      </laudo>
    </exame>
    <exame>
      <mnemonico>TGO</mnemonico>
      <idapoiado>01000000326000000335</idapoiado>
        <![CDATA[Base64]]>
      </laudo>
    </exame>
    </exame>
    <exame>
      <mnemonico>URI</mnemonico>
      <idapoiado>01000000327000000336</idapoiado>
      <laudo>
        <![CDATA[Base64]]>
      </laudo>
    </exame>
    </exame>
    <exame>
      <mnemonico>HEM</mnemonico>
      <idapoiado>01000000328000000337</idapoiado>
      <laudo>
        <![CDATA[Base64]]>
      </laudo>
    </exame>
    </exame>
  </exames>
  <codigoApoio>9A000011</codigoApoio>
  <codigoApoiado>014131131</codigoApoiado>
</pedido>
EXEMPLO DO CORPO PARA CONSULTA DE RESULTADO JSON:
 "codigoApoio": "9A0000011"
}
OU
 "codigoApoiado": "014131131"
```



```
EXEMPLO DO RETORNO EM JSON PARA PDFs POR PEDIDO:
  "pedido": {
    "exames": [
       {
         "mnemonico": "TGP",
         "idapoiado": "01000000325000000334"
         "mnemonico": "TGO",
         "idapoiado": "01000000326000000335"
         "mnemonico": "URI",
         "idapoiado": "01000000327000000336"
       },
         "mnemonico": "HEM",
         "idapoiado": "01000000328000000337"
    "codigoApoio": "9A0000011",
    "codigoApoiado": "014131131",
    "laudo": "base64"
  }
}
EXEMPLO DO RETORNO EM JSON PARA PDFs POR EXAME:
 "pedido": {
  "exames": [
    "mnemonico": "TGP",
    "idapoiado": "01000000325000000334",
    "laudo": "base64"
   },
    "mnemonico": "TGO",
    "idapoiado": "01000000326000000335",
    "laudo": "base64"
     "mnemonico": "URI",
    "idapoiado": "01000000327000000336",
    "laudo": "base64"
     "mnemonico": "HEM",
    "idapoiado": "01000000328000000337",
    "laudo": "base64"
   }
  "codigoApoio": "9A0000011",
  "codigoApoiado": "014131131"
```