

## **APÊNDICES**



### Apêndice 3.1

=====

PROGRAMA SAS® PARA OBTENÇÃO DE MÉDIAS E RESPOSTAS GENOTÍPICAS PERCENTUAIS  
EM RELAÇÃO ÀS TESTEMUNHAS EM EXPERIMENTOS DE BLOCOS AUMENTADOS

=====

(Nota: o valor “b=4”, na primeira linha de comandos deve ser atualizado para o número de blocos do experimento)

```

%let b=4;
%Macro SELETEST;
%do BL=1 %to &b;
  data BLOCINDV;
    set ARQ_ORIG;
    if BLOCO=&BL then do;
      output;
    end;
  run;
  proc sort data=BLOCINDV;
    by BLOCO;
  run;
  proc means data=BLOCINDV noprint;
    class TIPO GENOT;
    var PG;
    by BLOCO;
    output out=SAIDA mean=MDGENBL;
  run;
  data MEDTBL (drop=_FREQ_);
  set SAIDA;
  if TIPO=' ' then delete;
  if TIPO='P' and _type_=2 then
    delete;
  if TIPO='T' and _type_=2
    then do;
    MDTESTBL=MDGENBL;
    call symput('TESTBLC',left
      (put (MDTESTBL,12.4)));
  end;
  run;
  data MDPERBLC (drop=_type_
    MDTESTBL);
  set MEDTBL;
  if _type_=2 then delete;
  PROMED=(MDGENBL/&TESTBLC)*100;
  run;

  proc append base=CONJUNT
    data=MDPERBLC;
  run;
%end;
%mend SELETEST;
%SELETEST;

data MDRELAT;
  set CONJUNT;
run;
proc sort data=MDRELAT;
  by GENOT TIPO;
proc means data=MDRELAT noprint;
  var MDGENBL PROMED;
  by GENOT;
  id TIPO;
  output out=MEDPROP;
run;
proc sort data=MEDPROP;
  by TIPO GENOT;
run;
data SELETO (drop=_TYPE_ _FREQ_
  _STAT_ TIPO
  rename=(MDGENBL=MEDMARG
  PROMED=P_TESTBL));
set MEDPROP;
if _STAT_^='MEAN' then
  delete;
run;
proc print data=SELETO;
  var MEMARG P_TESTBL;
  id GENOT;
run;

```

