

Modelos Lineares Generalizados

GLM: Introdução



Video

Os modelos lineares generalizados (**GLMs**) são uma ampliação dos modelos lineares ordinários. Os **GLM's** são usados quando os resíduos (erro) do modelo apresentam distribuição diferente da normal (gaussiana). A natureza da variável resposta é uma boa indicação do tipo de distribuição de desvios que iremos encontrar nos modelos. Por exemplos, variáveis de contagem são inteiras e apresentam os valores limitados no zero. Esse tipo de variável, em geral, tem uma distribuição de erros assimétrica para valores baixos e uma variância que aumenta com a média dos valores preditos, violando duas premissas dos modelos lineares. Os casos mais comuns de modelos generalizados são de variáveis resposta de contagem, proporção e binária, muito comum nos estudos de ecologia e evolução.

Devemos considerar os GLMs principalmente quando a variável resposta é expressa em:

- contagens simples
- contagem expressa em proporções
- número de sucesso e tentativa
- variáveis binárias (ex. morto x vivo)
- tempo para o evento ocorrer (modelos de sobrevivência)

GLM: componentes

Uma das formas de entendermos os modelos generalizados é separar o modelo em dois componentes: a relação determinística entre as variáveis (resposta e preditora) e o componente aleatório dos resíduos (distribuição dos erros). Em um modelo linear ordinário a relação entre as variáveis é uma proporção constante, o que define uma relação funcional de uma reta. Quando temos uma contagem, essa relação pode ter uma estrutura funcional de uma exponencial. Para esses casos,

o **glm** faz uso de uma função de ligação **log**, para linearizar a relação determinística entre as variáveis, temos portanto a estrutura determinística do modelo definida por um preditor linear associado à função de ligação.

O componente aleatório dos resíduos, no caso de uma variável de contagem, segue, em geral, uma distribuição **poisson**. A distribuição **poisson** é uma variável aleatória definida por apenas um parâmetro (λ), equivalente à média da distribuição normal, chamada de λ . A distribuição **poisson** tem uma característica interessante, seu desvio padrão é igual à média. Portanto, se a média aumenta, o desvio acompanha esse aumento e a distribuição passa a ter um maior espalhamento.

Preditor linear e função de ligação

O preditor linear está associado à estrutura determinística do modelo e está relacionado à linearização da relação, aqui definido como η :

$$\eta = \alpha + \beta x$$

A função de ligação é o que relaciona o preditor linear com a esperança do modelo:

$$\eta = g^{-1}(E\{y\})$$

Ou seja, nos modelos generalizados não é a variável resposta que tem uma relação linear com a preditora, e sim o preditor linear que tem uma relação linear com as preditoras.

Funções de ligações canônicas

Para alguns tipos de famílias de variáveis temos funções de ligações padrões. As mais usadas são:

Natureza da resposta	Estrutura dos resíduos (erro)	Função de ligação
contínua	normal	identidade
contagem	poisson	log
proporção	binomial	logit

GLM Contagem



Video

Contagem: um exemplo simples

Um exemplo, apresentado no livro do Michael Crawley, *The R Book*, relata a contagem de espécies de árvores em unidades amostrais de florestas com diferentes biomassa e classificadas em três níveis de pH no solo: baixo, médio e alto. O objetivo desse experimento não manipulativo é verificar se há relação entre riqueza de árvores e as preditoras biomassa da floresta e pH do solo.

ATIVIDADE

LM

1. Importe o arquivo `species.txt` para o Rcmdr. Note que esse arquivo tem como separador de campo a tabulação e decimal como ponto.
2. Monte o modelo linear clássico (`lm`) para esse dados, tendo como variável resposta a riqueza de espécies (`Species`) e como preditoras o `pH` e `Biomass` e as interações possíveis.
3. Reduza o modelo cheio ao modelo mínimo adequado utilizando como critério de comparação a tabela de anova.
4. Faça o diagnóstico dos resíduos do modelo mínimo adequado.
5. Utilizando os coeficientes estimados do modelo, faça a predição do número de espécies para:
 - um nível alto de `pH` com `Biomass` de **3.2**
 - um nível médio de `pH` com `Biomass` de **11.1**
 - um nível baixo de `pH` com `Biomass` de **7.2**

GLM

1. Repita o procedimento de simplificação a partir do modelo cheio, agora com modelo linear generalizado (`glm`) e com `family = poisson`.
 - Caso o Rcmdr não retorne o p-valor na comparação de modelos por anova, copie a linha de código que foi utilizada com `anova(...)` e cole novamente incluindo `anova(..., test="Chisq")`
2. Calcule as mesmas predições acima para o modelo, usando os coeficientes do preditor linear do `glm`.

3. Transforme os preditos pelo modelo de volta para a escala de observação¹⁾.
4. Faça os gráficos apresentados no tópico [Gráfico no Rcmdr](#)



- Para a predição no glm utilize os coeficientes estimados pelo modelo.
- Após estimar o predito na escala linear, transforme a predição para a escala de observação.
- Como usamos o log como função de ligação, para retornar a escala da observação devemos utilizar o antilog, no caso, a função exponencial.

Gráfico no Rcmdr

Gráfico dos dados

No menu **Graphs**, selecione **XY conditioningh Plot** e selecione as variáveis, definindo **ph** como variável de agrupamento, como no gráfico abaixo.

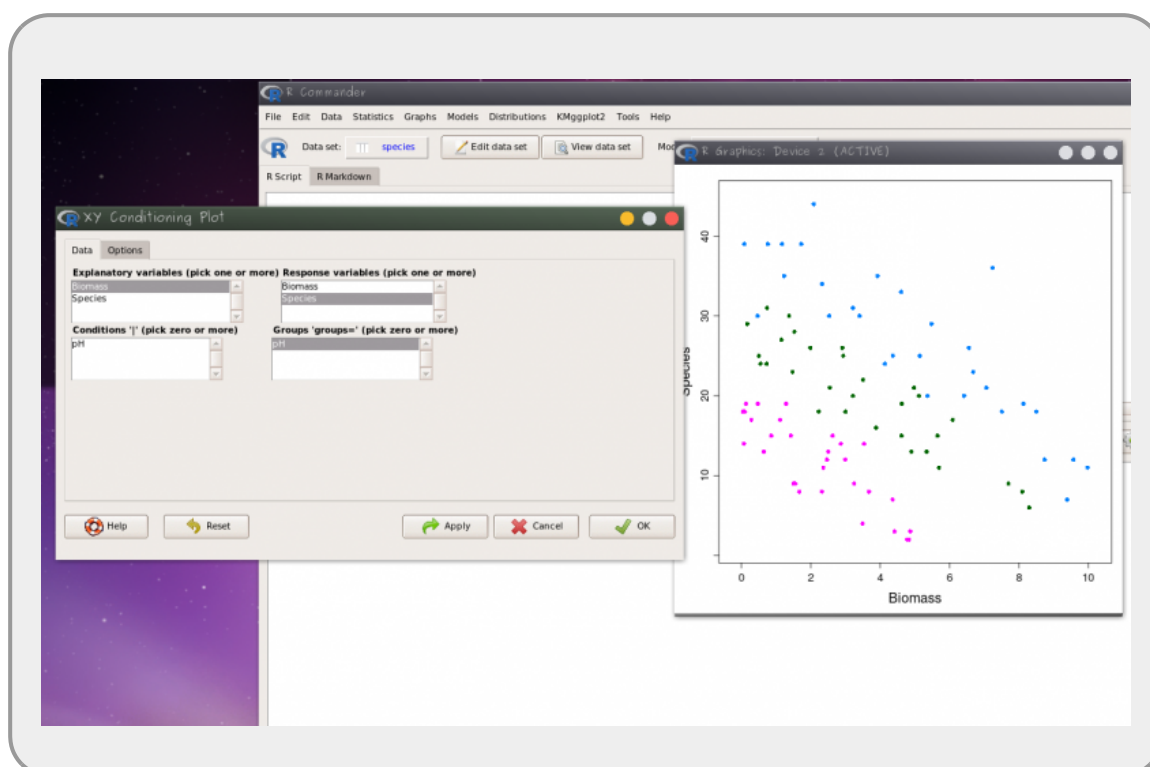
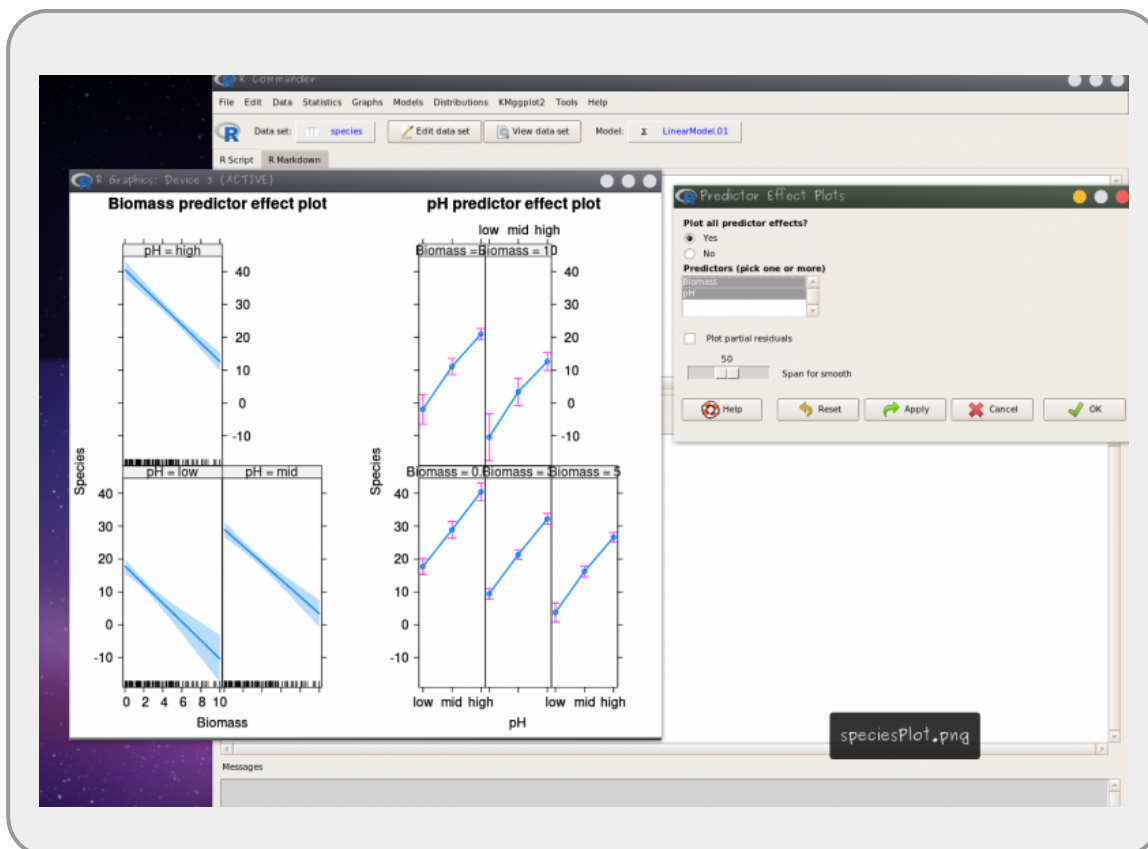


Gráfico dos Modelos

No menu **Models>Graphs** selecione **Predict effect plots...** e selecione as variáveis.



Ordenando uma categórica O padrão do R é ordenar as variáveis categóricas por ordem alfabética. No exemplo seria desejável reordenar a variável categórica **ph** em uma categórica ordenada **low>medium>high**. Para reordenar utilize o menu **Data>Manager variable in active data set> Reorder factor levels**. Caso não deseje sobrescrever a variável original, forneça um novo nome para a variável reordenada.

O que preciso entregar



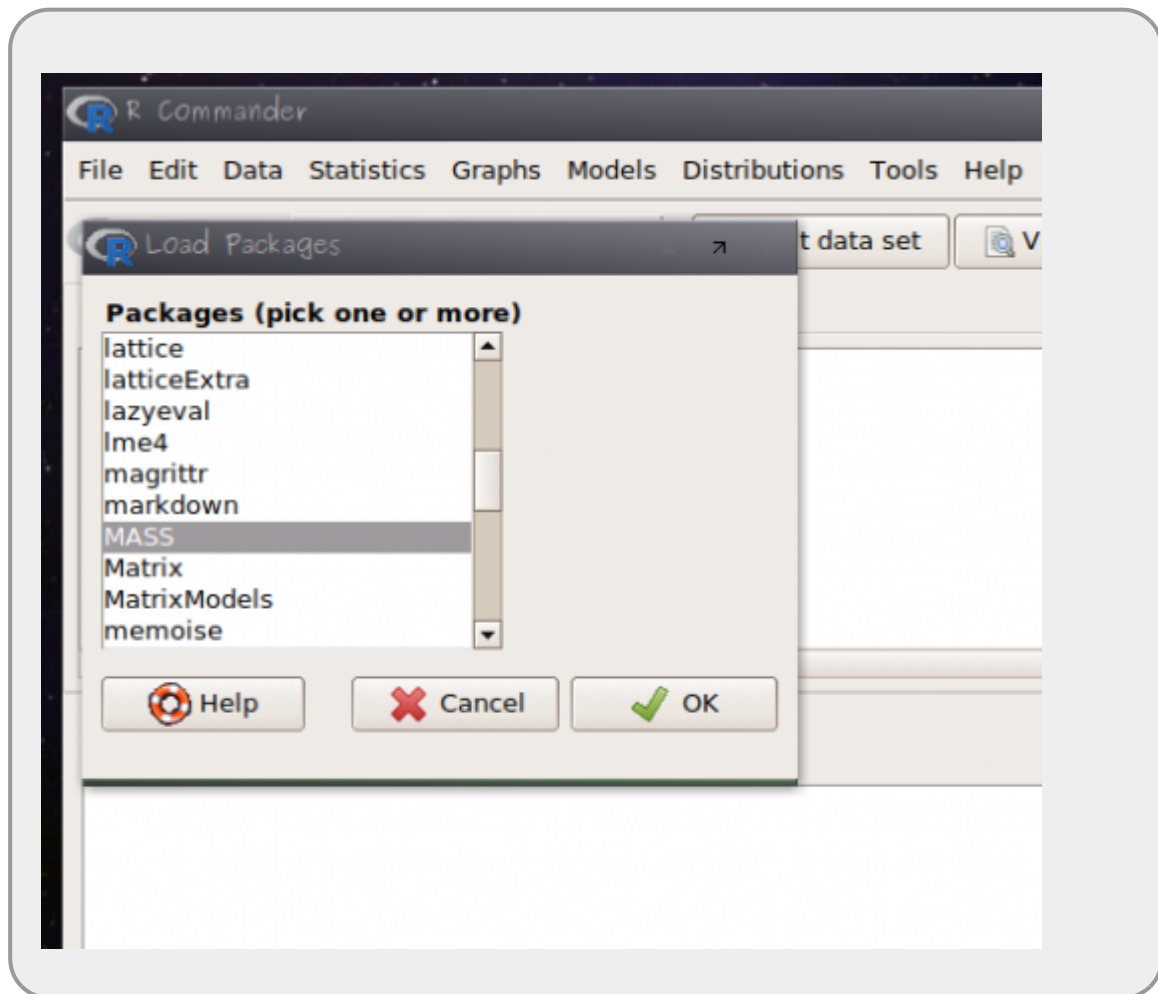
- Preencha as perguntas do quadro abaixo ou pelo [link do formulário](#)

Contagem: o que faz um aluno faltar às aulas

Vamos utilizar um exemplo que está presente no livro de W. Venables e B. Ripley, Modern Applied Statistics with S-PLUS²⁾, sobre o número de dias ausentes da escola de crianças na Austrália.

Carregando o pacote MASS

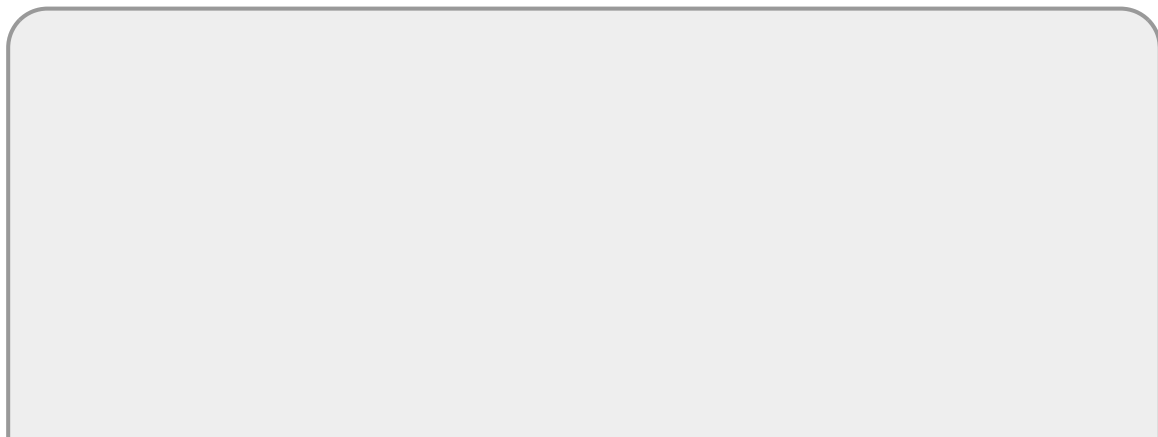
No Rcmdr (Rcmdr) vá ao menu **Tools > Load package(s)** e selecione o pacote MASS. **Caso o pacote não apareça listado, significa que ele já está carregado**, então pule esse passo.

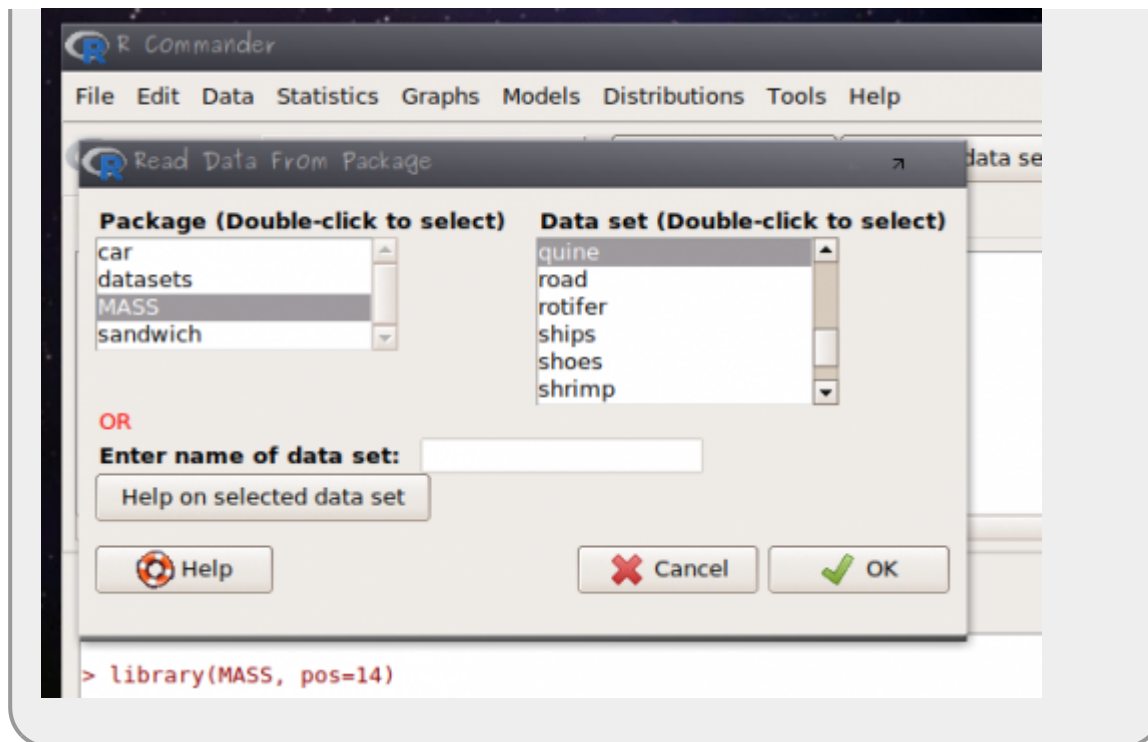


Lendo os dados: quine

Em seguida:

- abra o menu **Data > Data in packages > Read data from an attached package...**
- selecione o pacote **MASS** e os dados **quine** ³⁾





Entendendo os dados: quine

Os dados estão relacionados ao estudo para entender quais variáveis estão relacionadas à ausência (falta) do aluno na escola. A observação está relacionada a alunos amostrados aleatoriamente de escolas na Austrália.

- **Days:** variável resposta, número de dias ausente da escola
- **Eth:** origem aborígine (A) ou não (N)
- **Sex:** homem (M) ou mulher (F)
- **Age:** estágio de educação F0(primário)... quatro níveis.
- **Lrn:** classificação de aprendizado do aluno médio (AL) e fraco (SL)⁴⁾

Gráfico dos dados

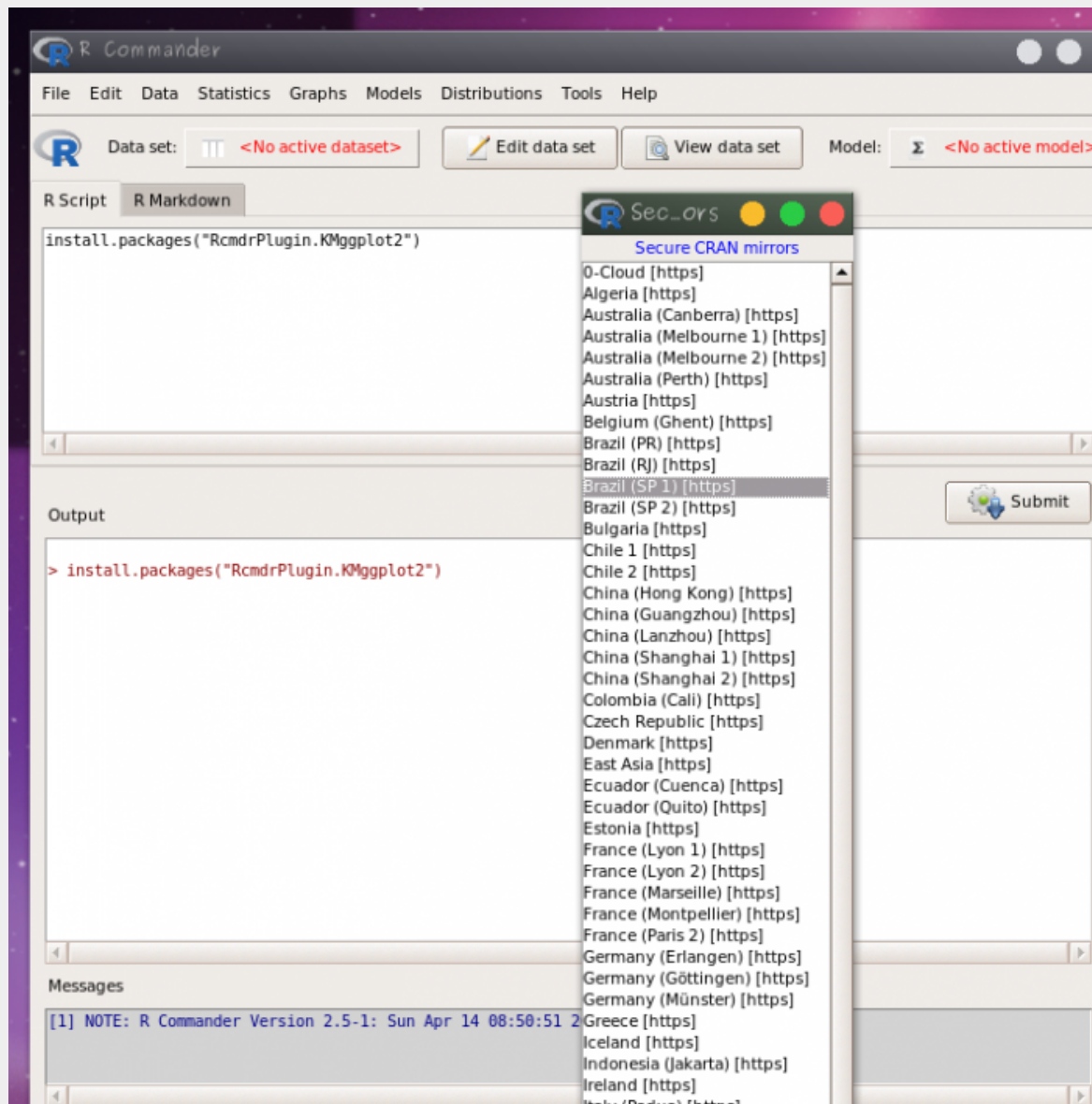
O pacote RcmdrPlugin.KMggplot2 é um plugin para Rcmdr que amplia as funções gráficas da interface. Instale o pacote copiando o comando abaixo no box superior do Rcmdr:



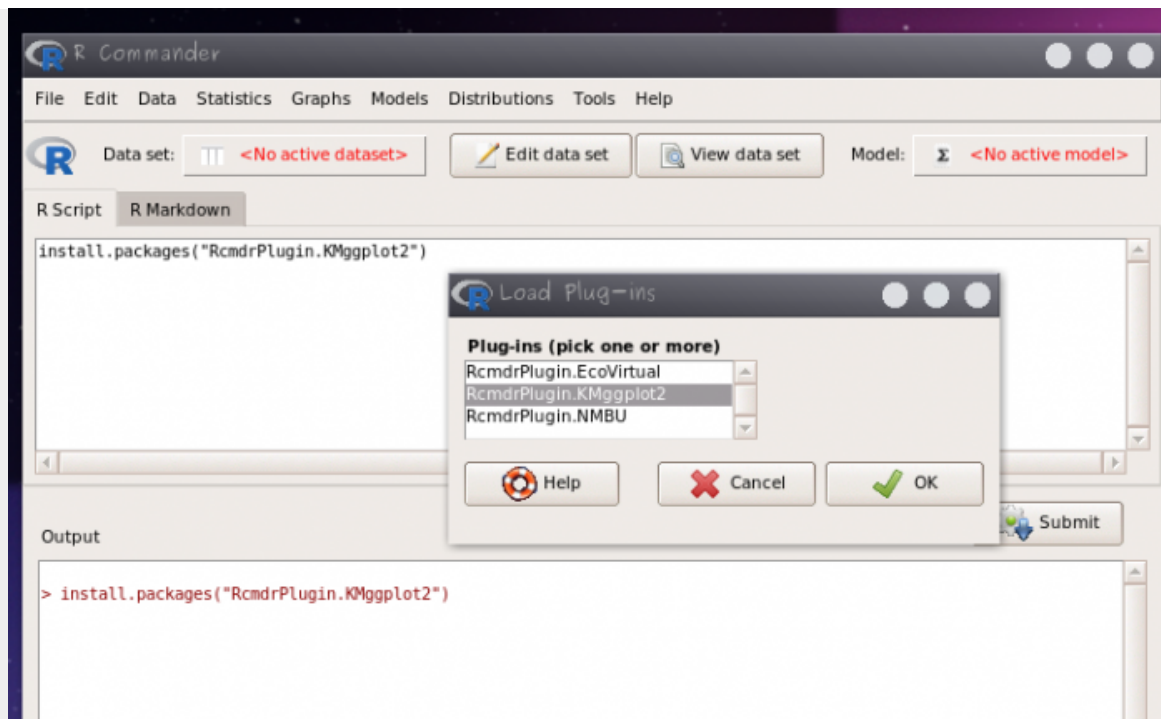
- **guarde os resultados dos modelos fora do Rcmdr pois a instalação e o carregamento do pacote solicita a reinicialização do Rcmdr**
- **após a instalação e carregamento do pacote, confira se os dados permanecem ativos, confira se precisará carregá-lo novamente**

```
install.packages("RcmdrPlugin.KMggplot2")
```

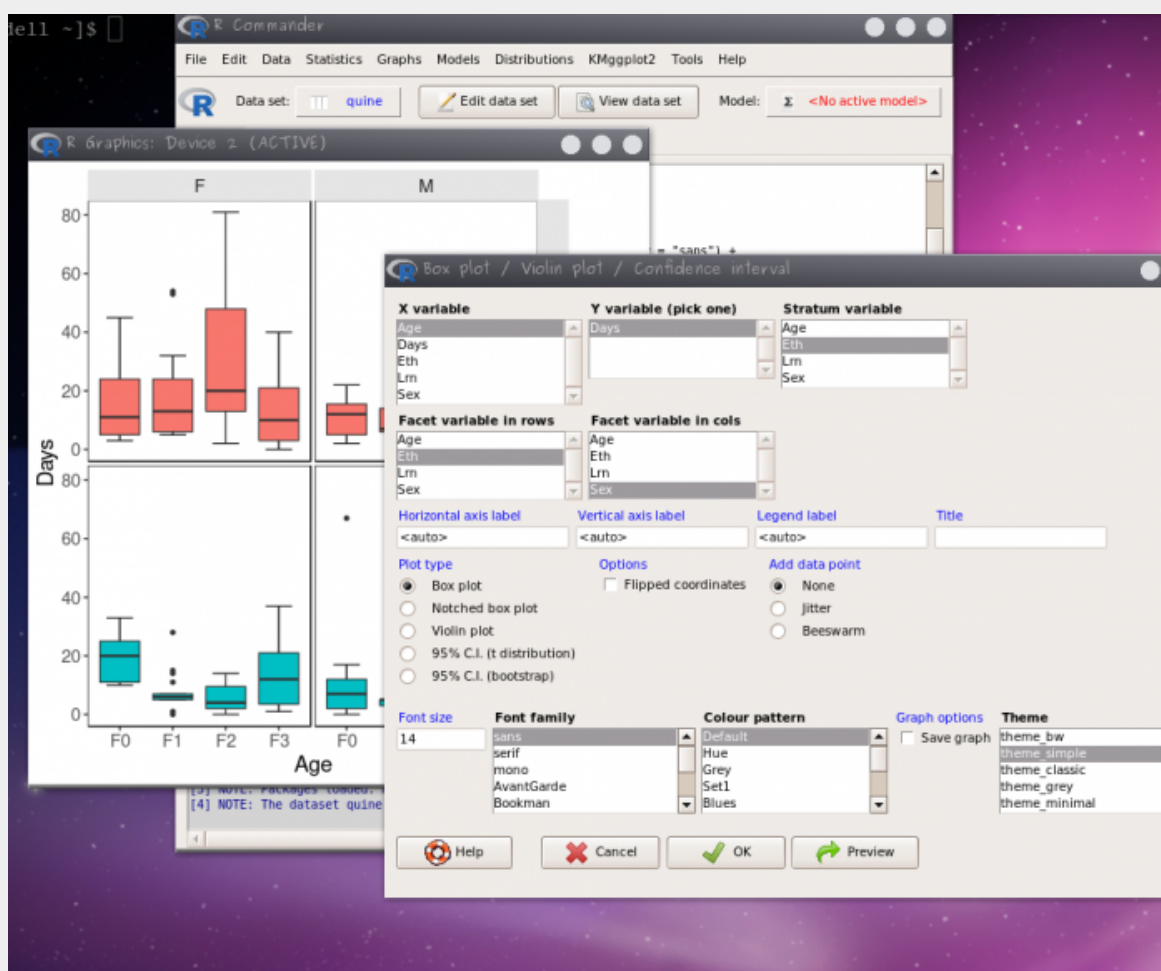
Em seguida, garanta que o cursor do mouse está na linha de comando e clique no botão **Submit**. Na janela que irá se abrir selecione o repositório **Brasil(SP1)**.



Para ativar o plugin selecione o menu **Tools> Load Rcmdr plug-in(s)...** e em seguida selecione o pacote `RcmdrPlugin.KMggplot2`.



- clique em sim na janela que solicita a reinicialização do Rcmdr
- clique na nova opção do menu **KMggplot2 > BoxPlot/...** e selecione as variáveis



Ajustando um Modelo Linear

Para nosso exercício vamos deixar de lado a variável **Lrn** por que há dados faltantes nela com relação a outras variáveis. Vamos construir o modelo cheio com todas as outras variáveis (**Eth, Sex, Age**) e todas as possibilidades de interações entre elas. Começamos então com um modelo linear simples.

- abra o menu **Statistics > Fit model > Linear Model**
- construa um modelo cheio com (**Age, Eth e Sex**) e as suas interações possíveis
- faça a simplificação do modelo para obter o modelo mínimo adequado
- guarde o resultado do modelo selecionado para comparar com o GLM

Ajustando o GLM

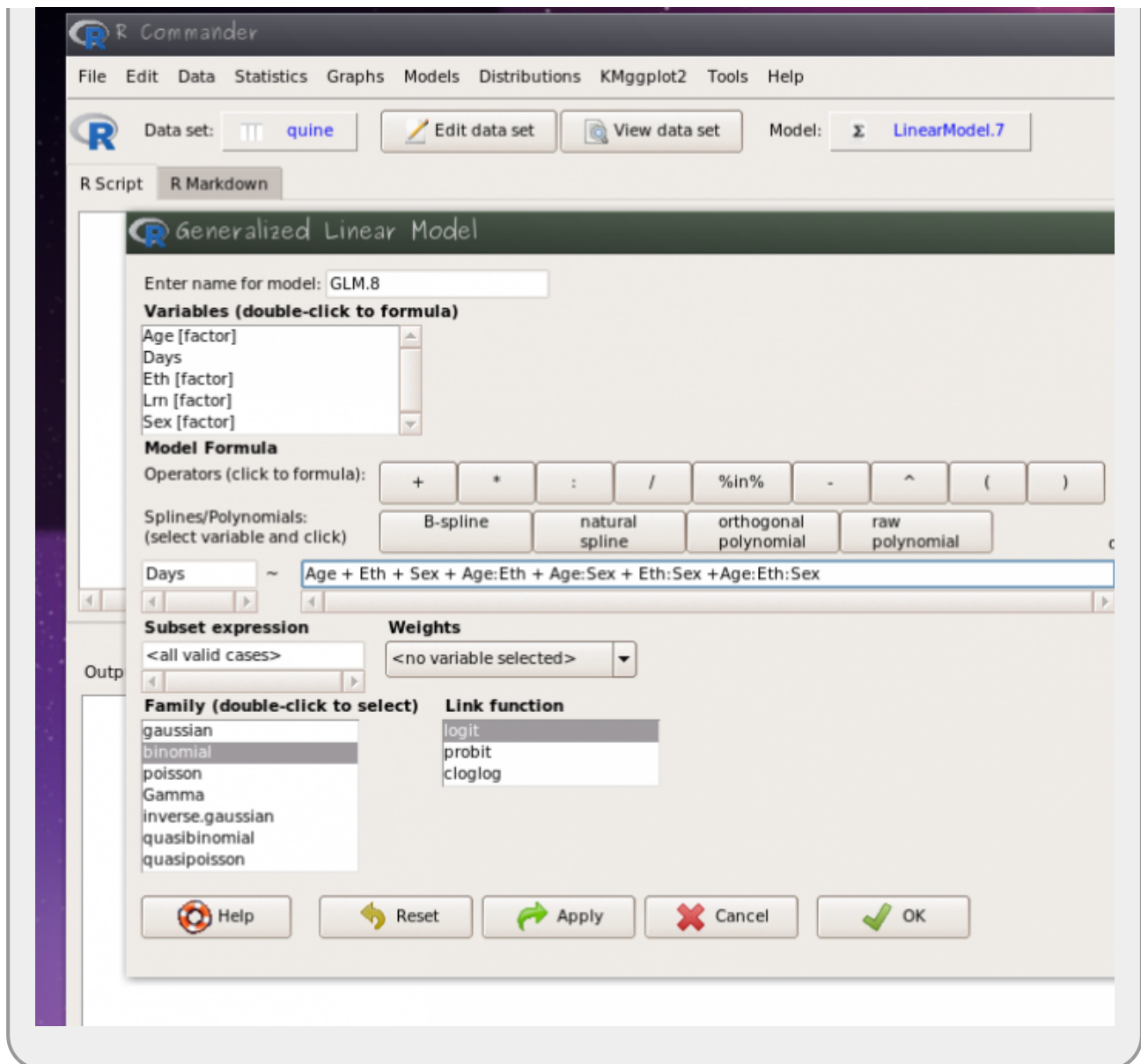
Já fizemos a simplificação de um modelo de contagem no exemplo anterior de riqueza de espécies. Nesse exemplo a dispersão dos dados foram bem ajustadas pelo modelo. Caso a razão Residual deviance e degrees of freedom seja maior que um, a poisson não conseguiu lidar com a dispersão dos dados. Nesses casos é possível utilizar o modelo quassipoisson que estima mais um parâmetro para lidar com a sobre ou sub dispersão dos dados. Os passos para esse ajuste são descritos abaixo.

Sequência de ajuste de modelo de contagem

- faça o modelo cheio usando a família de ligação **poisson(log)**
- avalie o sobre-dispersão do erro pela razão Residual deviance e degrees of freedom
- se o valor da razão for maior que 1, ajuste o modelo cheio novamente com a família quasipoisson
- compare os modelos simplificados com o mais complexo usando anova
 - com poisson use o argumento test = "Chisq"
 - com quasipoisson use o argumento test = "F"
- retenha o modelo mínimo adequado

Vamos construir o modelo seguindo essa sequência iniciando com a família de erro **POISSON** e a função de ligação **log**.

- abra o menu **Statistics > Fit model > Generalized Linear Model**
- construa um modelo cheio com (**Age, Eth e Sex**) e as suas interações possíveis
- faça a simplificação do modelo para obter o modelo mínimo adequado



Diagnóstico do modelo

Um dos pressupostos do modelo Poisson é que a variância aumenta linearmente com a esperança (média do modelo). Podemos avaliar isso dividindo a Residual Deviance pelo seu degrees of freedom. Essa razão deve ser próxima a 1. O que não é o caso do nosso modelo. Nesses casos uma das alternativas é:

- ajustar o modelo usando **Family**: quasipoisson

- utilize a família quasipoisson e
- siga em frente simplificando o modelo para o mínimo adequado
- interprete o modelo selecionado

Gráfico do Modelo

O gráfico do modelo pode ser obtido no Rcmdr da mesma forma indicada no modelo anterior, no menu: **Models>Graphs** selecione **Predict effect plots...** e selecione as variáveis.

O que preciso entregar



- Preencha as perguntas do quadro abaixo ou pelo [link do formulário](#)

GLM Binário ou proporção



Video

Os modelos de proporção de sucessos (sucessos/tentativas), proporção simple (%) ou de resposta binária (presença/ausência, vivo/morto) são modelados, normalmente, com estrutura do erro binomial. Nesses casos os limites dos valores da variável resposta é bem definido: entre 0 e 1. Além disso, a variância não é constante e varia conforme a média. Essas características fazem com que os resíduos apresentem uma estrutura que aumenta e depois diminuí, e normalmente o máximo de desvios é encontrado nos valores intermediários.

A função Bernoulli, que é a base para a binomial é definida pelo parâmetro de probabilidade de sucesso em um evento com duas possibilidades de resultado (binário). O parâmetro da função Bernoulli é a a probabilidade de sucesso. No caso de uma moeda justa seria a probabilidade de 0,50 de sair coroa.

A binomial é uma generalização da Bernoulli, definida pelo número de sucessos em certo número (n) de tentativas (evento Bernoulli).

Conceitos Importantes

- n = número de tentativas
- s = número de sucessos
- f = número de falhas

Probabilidade de sucesso

$$p = \frac{s}{n}$$

Probabilidade de falha

$$q = \frac{f}{n}$$

$$q = 1 - p$$

Chance de sucesso

$$\text{odds} = \frac{s}{f}$$

$$\text{odds} = \frac{p}{1-p}$$

Função de ligação

A estrutura da função de ligação é a mesma para qualquer modelo:

O preditor linear η está associado à estrutura determinística do modelo e relacionado à linearização da relação.

$$\eta = \alpha + \sum \beta_i x_i$$

A função de ligação é o que relaciona o preditor linear com a esperança do modelo:

$$\eta = g^{-1}(E(y))$$

A função de ligação $g()$ canônica ou padrão para modelos com resposta binária ou proporção é chamada de **logit** ou **logaritmo da chance**⁵⁾, definida como:

$$\eta = \log\left(\frac{p}{1-p}\right)$$

$$\log\left(\frac{p}{1-p}\right) = \alpha + \sum \beta_i x_i$$

Sendo $\frac{p}{1-p}$ a **chance** ou **odds** em inglês.

Para reverter o preditor linear da função logit para a escala de observação usa-se a função inversa:

$$g^{-1} = \text{logit}^{-1} = \frac{e^{\eta}}{1 + e^{\eta}}$$

Chance e Razão de Chance

O predito pelo modelo na escala do preditor linear do modelo binário com função de ligação **logit** está na escala de logaritmo da chance ($\log\left(\frac{p}{1-p}\right)$). A **razão de chance** é uma medida muito popular em outras áreas da ciência, como medicina e mede o quanto uma chance é proporcionalmente diferente de outra, geralmente comparando com um nível controle. Ou seja, qual a proporção de mudança na chance do tratamento em relação a chance do controle. Dado que, em

variáveis categóricas os coeficientes do modelo são relacionados às diferenças entre o nível do tratamento e o controle:

$$\frac{\exp(\log(\text{odds}_{\text{trat}}) - \log(\text{odds}_{\text{control}}))}{\text{odds}_{\text{trat}} / \text{odds}_{\text{control}}} = 1$$

então, exponenciar os coeficientes do modelo binomial com preditora categórica transforma os coeficientes em razão de chance comparado com o nível basal ⁶.

No caso de variáveis contínuas a **razão de chance** é relacionada à chance de $x+1$ comparada com x , ou seja, qual a proporção de mudança na chance com o aumento de uma unidade da variável contínua preditora.

Portanto, uma forma de interpretar os coeficientes do modelo é exponenciar e interpretá-los como razão de chance, sendo o intercepto a chance o nível basal (variável categórica) ou a chance quando a variável contínua é zero.

Resposta: binária

Exemplo: pássaro na ilha



Video

O conjunto de dados que vamos usar,

isolation.txt

tem como variável:

Conjunto de dados: isolation.txt

- **incidence:** presença/ausência da espécie de ave (reprodução)
- **area:** área total da ilha (km^2)
- **isolation:** distância do continente (km)

Hipótese

O objetivo do estudo que gerou esses dados é saber se a ocorrência da ave está relacionada com o isolamento e tamanho da ilha.

- abra os dados `isolation.txt` no Rcmdr (a separação de campo é tabulação)
- monte o modelo cheio com todas as variáveis preditoras e interações
- simplifique o modelo para o mínimo adequado

Importante:



- lembre-se que a family nesse caso é binomial
- os modelos com variáveis resposta binárias não tem problema com sobre-dispersão!!!

Interpretação do resultado

O modelo prevê a ocorrência da ave na escala de logaritmo da chance (log odds-ratio). Para os coeficientes estimados pelo modelo o melhor é usar a função `exp` e interpretar a razão de chance entre categorias ou entre $x+1$ e x . Para interpretar os valores previsto é necessário aplicar a função inversa do `logit`, ou seja, nosso modelo faz previsões na escala de $\log(\text{odds-ratio})$, nosso preditor linear η , e precisamos retornar para a escala de observação que é a probabilidade de ocorrência (\hat{y}):

$$\hat{y} = \frac{e^{\hat{\eta}}}{1 + e^{\hat{\eta}}}$$

- calcule o predito pelo modelo na escala de probabilidade de ocorrência para uma ilha de 5.6 Km² e distante 7.2 Km da costa.
- quanto varia a chance de ocorrência se aumentar 1 Km² no tamanho da ilha?
- e se aumentar 1 Km no isolamento?
- faça uma interpretação biológica do modelo selecionado baseado nos seus coeficientes.

O que preciso entregar



- Preencha as perguntas do quadro abaixo ou pelo [link do formulário](#)

GLM binomial: resposta em proporções



Video

Exemplo: floração



Mais um exemplo apresentado no livro do Michael Crawley, *The R Book*. Neste experimento o objetivo foi avaliar a floração de 5 variedades de plantas tratadas com hormônios de crescimento (6 concentrações). Depois de seis semanas as plantas foram classificadas em floridas ou vegetativas.

Conjunto de Dados: `flowering.txt`

- **flowered**: número de plantas que floresceram
- **number**: número de plantas acompanhadas
- **dose**: concentração da dose de hormônio
- **variety**: variedade da planta (categórica 5 níveis)

Hipótese

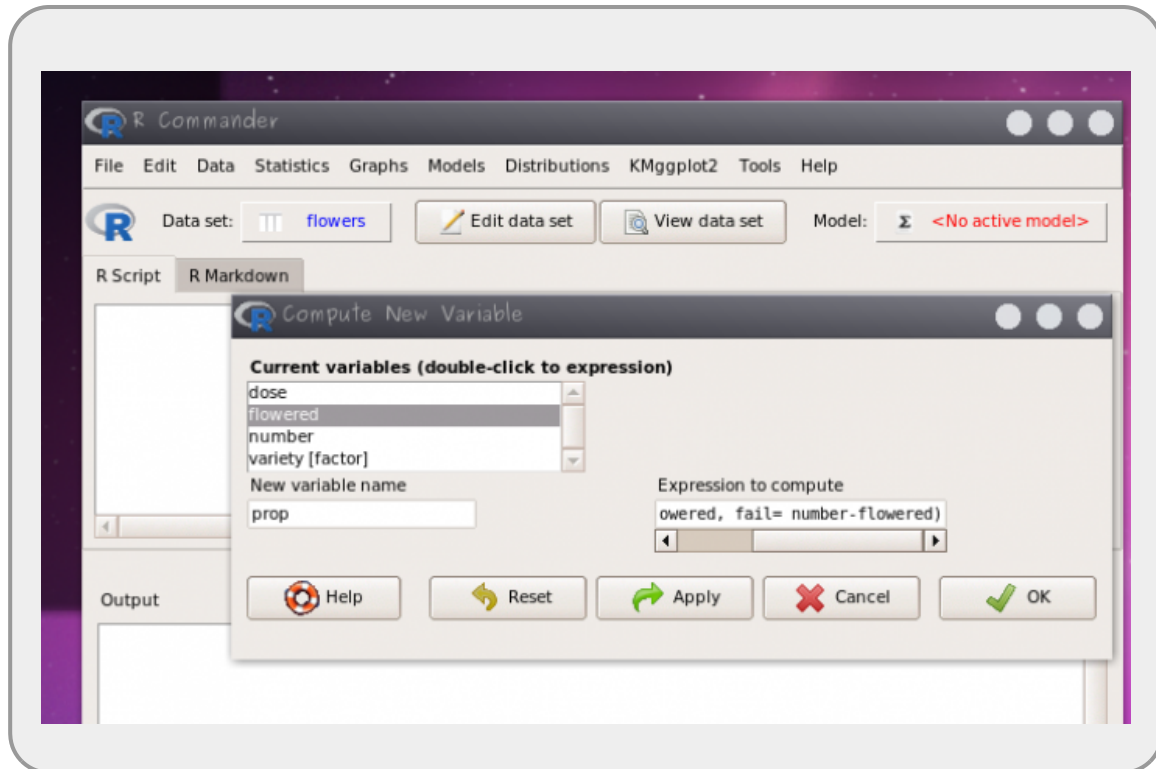
O objetivo do estudo que gerou esses dados é saber se o evento de floração é influenciado pelo dose de hormônio e a variedade da planta.

- baixe o arquivo

`flowering.txt`

- abra os dados no Rcmdr (a separação de campo é tabulação) com o nome `flower`
- crie a variável prop pelo menu **Data> Manage variables in active data set> Compute new variable...**, colocando no campo **Expression to compute:**

```
cbind(sucess = flowered, fail = number - flowered)
```

Esse comando acima cria uma nova variável nos dados **flower** chamada **prop**. Essa nova variável tem duas colunas (**sucess e fail**) contendo o número de plantas floridas e o número de plantas que não floresceram, respectivamente.

- use a variável prop como resposta (sucessos, falhas)
- monte o modelo cheio com todas as variáveis preditoras e interações
- simplifique o modelo para o mínimo adequado

Use os mesmos passos do modelo anterior no Rcmdr



- lembre-se que a family nesse caso é binomial
- o procedimento para a sobre-dispersão é o mesmo que no exemplo de contagem, com a diferença que a família aqui é o quasibinomial

Interpretação do resultado

Para interpretar os coeficientes use o mesmo procedimento do exercício anterior, que é aplicar a função exponencial (exp) nos coeficientes previstos e interpretar como chance e razão de chance⁷⁾.

Para interpretar os valores previsto é necessário aplicar a função inversa do logit, ou seja, nosso modelo faz previsões na escala de log(odds-ratio), nosso preditor linear η , e precisamos retornar para a escala de observação que é a probabilidade de florescer (\hat{y}):

$$\hat{y} = \frac{e^{\hat{\eta}}}{1 + e^{\hat{\eta}}}$$

- calcule o predito pelo modelo e os coeficientes na escala original
- interprete o efeito da concentração na floração das variedades

Transformar os coeficientes e valores preditos pelo GLM:

Para transformar o valor predito pelo modelo ($\log(\text{odds-ratio})$) na escala de medida (proporção) é preciso transformar os preditos pelo modelo. Para prever na escala de medida usamos a função `predict`, como no código abaixo. O predito pelo modelo, está na escala do preditor linear, portanto devemos transformar essa medida com a função inversa da logit, como no código abaixo. Lembre-se de mudar, no código, o "nomedomodelo" pelo nome que usou quando construiu o glm.

```
(preditoLinear <- predict("nomedomodelo"))
(preditoProp <- exp(preditoLinear)/(1+ exp(preditoLinear)))
```

A própria função `predict`, também faz o serviço completo se colocarmos o argumento `type="response"`, como abaixo:

```
predito <- predict("nomedomodelo", type = "response")
predito
```

Mas o **Rcmdr** não poderia ficar sem essa funcionalidade para interpretar os valores do predito pelo modelo na escala de observação, para isso utilize o menu **Models> add observation statistic to data...>** e selecione apenas o **Fitted values**. O Rcmdr adiciona uma coluna nos dados chamada `fitted. "nome_do_modelo"`, com os previstos na escala de observação, nesse caso probabilidade.

Gráfico para interpretação dos resultados

Para um gráfico dos resultados use o menu:

Models > Graphs > Predict effect plots...

O que preciso entregar



- Preencha as perguntas do quadro abaixo ou pelo [link do formulário](#)

Dispersão e acúmulo de zeros

Os modelo GLM poisson e binomial apresentam a variância acoplada à média dos valores, diferentemente dos modelos com distribuição normal onde a média e a variância são independentes. Caso haja uma variação maior ou menor nos dados do que o previsto por essas distribuições, o modelo não consegue dar conta. Essa sobre-dispersão ou sub-dispersão dos dados indica que temos mais ou menos variação do que é previsto pelos modelos. Isso pode ser decorrência de vários fontes de erro na definição do modelo, alguns exemplos são:

- o resíduo dos dados pode não ter sido gerado por um processo aleatório poisson ou binomial
- há mais variação do que previsto pela ausência de preditoras importantes
- muitos zeros, além do previsto pelas distribuições, em decorrência de diferentes processos: um que gera a ausência e outro que gera a variação nas ocorrências de sucesso

Soluções para a sobre-dispersão e acúmulo de zeros

A solução mais simples para lidar com a dispersão são os modelo quasipoisson e quasibinomial, que estimam um parâmetro a mais, relacionando a média à variância, o parâmetro de dispersão. Entretanto, os modelos quasi dão conta apenas de dispersões moderadas e não indicam qual a fonte dela. Há algumas alternativas ao modelo quasi para a dispersão dos dados, alguns deles estão listados abaixo:

- modelo binomial negativo
- modelo de mistura, considerando dois processos distintos
- modelos mistos, considerando a ausência de independência das observações
- modelos com acúmulos de zeros (Zero Inflated Models).



Não é objetivo deste curso mostrar todas essas alternativas, mas caso se deparem com esse problema, muito frequente na área da biológica, saibam que existem alternativas robustas para solucioná-lo.

Variável resposta binária é um caso especial da binomial com apenas uma tentativa, chamado de distribuição de Bernoulli, e não tem problema com sobre-dispersão

Os modelo GLM poisson e binomial apresentam a variância acoplada à média dos valores, diferentemente dos modelos com distribuição normal onde a média e a variância são independentes. Caso haja uma variação maior ou menor nos dados do que o previsto por essas distribuições, o modelo não consegue dar conta. Essa sobre-dispersão ou sub-dispersão dos dados indica que temos mais ou menos variação do que é previsto pelos modelos. Isso pode ser decorrência de vários fontes de erro na definição do modelo, alguns exemplos são:

- o resíduo dos dados pode não ter sido gerado por um processo aleatório poisson ou binomial

- há mais variação do que predito pela ausência de preditoras importantes
- muitos zeros, além do predito pelas distribuições, em decorrência de diferentes processos: um que gera a ausência e outro que gera a variação nas ocorrências de sucesso

Soluções para a sobre-dispersão e acúmulo de zeros

A solução mais simples para lidar com a dispersão são os modelo quasipoisson e quasibinomial, que estimam um parâmetro a mais, relacionando a média à variância, o parâmetro de dispersão. Entretanto, os modelos quasi dão conta apenas de dispersões moderadas e não indicam qual a fonte dela. Há algumas alternativas ao modelo quasi para a dispersão dos dados, alguns deles estão listados abaixo:

- modelo binomial negativo
- modelo de mistura, considerando dois processos distintos
- modelos mistos, considerando a ausência de independência das observações
- modelos com acúmulos de zeros (Zero Inflated Models).



Não é objetivo deste curso mostrar todas essas alternativas, mas caso se deparem com esse problema, muito frequente na área da biológica, saibam que existem alternativas robustas para solucioná-lo.

Variável resposta binária é um caso especial da binomial com apenas uma tentativa, chamado de distribuição de Bernoulli, e não tem problema com sobre-dispersão

link para páginas GLMs

- [Modelos Lineares Generalizados: binomial](#)
- [Modelos Lineares Generalizados: contagem](#)

1)

note que é preciso primeiro calcular o predito na escala do preditor linear e depois transformar, o que não é a mesma coisa que transformar os coeficientes e depois calcular o predito

2)

já não tão moderno assim, já que foi publicado pela primeira vez em 1999

3)

deixe o nome do dado como quine

4)

essa variável tem algumas complicações adicionais e por isso vamos deixá-la de lado

5)

log odds

6)

lembre-se que as categóricas são transformadas em dummy e um dos níveis é transportado para o intercepto do modelo, sendo esse o nível basal ou controle

7)

O Rcmdr apresenta os valores dos coeficientes exponenciados após o resumo do modelo na sua construção

From:

<http://labtrop.ib.usp.br/> - **Laboratório de Ecologia de Florestas Tropicais**

Permanent link:

<http://labtrop.ib.usp.br/doku.php?id=cursos:planeco2020:roteiro:10-glm>



Last update: **2021/03/01 15:59**