ID de Contribution: **6** Type: **Non spécifié**

ShiBa logiciel d'inférence bayésienne sans codage

jeudi 16 novembre 2023 11:50 (25 minutes)

La diffusion de l'inférence bayésienne dans la communauté scientifique, y compris parmi les spécialistes de biométrie reste limitée. Cette timidité s'explique en partie par l'absence d'outil logiciel omnibus et ne nécessitant pas de codage. Notre logiciel ShiBa, sous licence CC-by-nc 4.0, vient combler ces manques.
ShiBa est un développement utilisant Shiny pour R (Chang W et al (2023). shiny: Web Application Framework for R. https://shiny.posit.co/, https://github.com/rstudio/shiny) permettant une interface homme-machine conviviale et une prise en main facile. Le logiciel est un outil d'analyse statistique n'utilisant que l'inférence bayésienne (d'où le nom ShiBa associant Shiny et Bayes), et repose essentiellement sur STAN (https://mc-stan.org/support/). L'utilisation des Hamiltonian Monte Carlo permet une convergence plus rapide, appréciée par l'utilisateur, tout en gardant de bonnes propriétés de convergence. Outre la possibilité de réaliser des inférences simples (estimation de moyennes, de la fréquence des modalités d'une variable catégorielle), ShiBa permet l'estimation des paramètres de modèles linéaires généralisés : régression linéaire, logistique, Poisson et Beta. Les distributions a priori sont par défaut celles de STAN mais l'utilisateur a la possibilité de changer les hyperparamètres. Par exemple dans la régression linéaire de y sur x, STAN propose un prior normal sur le paramètre de moyenne nulle et d'écart-type 2,5 fois le rapport des écarts-type entre y et x. Mais à l'aide d'une fenêtre pop-up, l'utilisateur peut les changer et voit graphiquement la représentation du prior.
Les résultats de l'inférence sont présentés graphiquement et sous forme tabulaire (médiane et intervalle empirique, par défaut à 95%) avec un indicateur de bonne convergence basé sur l'absence d'autocorrélation résiduelle et sur un Rhat inférieur à 1,10 (pour chaque paramètre). A des fins de sélection de modèle, le WAIC est présenté.
L'aide à l'utilisation se fait par info-bulles pour chaque paramètre ou option ainsi que par un Wiki. Il reste à tester!

Auteur principal: Dr FABACHER, Thibaut (Université de Strasbourg, Laboratoire ICube UMR7357)

Co-auteurs: Prof. SAULEAU, Erik-A. (Université de Strasbourg, Laboratoire ICube UMR7357); Dr LEFEVBRE, François (Hôpitaux Universitaires de Strasbourg); Dr SEVERAC, François (Hôpitaux Universitaires de Strasbourg); Prof. GODET, Julien (Université de Strasbourg); Prof. MEYER, Nicolas (Hôpitaux Universitaires de Strasbourg)

Orateur: Prof. SAULEAU, Erik-A. (Université de Strasbourg, Laboratoire ICube UMR7357)

Classification de Session: Statistique bayésienne