



21
MAR.
2013

🕒 de 11h à 12h

SÉMINAIRE

Les processus de Hawkes comme modeles statistiques pour la genomique et les neurosciences

Patricia Reynaud-Bouret

CNRS-universite de Nice

Après une introduction aux modeles de Hawkes multivariés, j'expliquerai en détail en quoi ces processus peuvent être pertinents pour modéliser les distances évitées ou favorisées entre motifs (ou éléments régulateurs de la transcription) le long de la chaîne d'ADN, mais aussi pour modéliser les interactions entre trains de potentiels d'action en neurosciences. Après avoir expliqué quels sont les principaux moyens pour estimer de manière paramétrique dans ces modeles les fonctions d'interaction, je détaillerai comment s'affranchir d'hypothèses paramétriques sur ces fonctions et obtenir une méthode statistique qui s'adapte aux données sans que l'on ait aucune hypothèse majeure à faire. Je finirai en expliquant que l'on peut tester que ces modeles sont valides sur les données en question.