

Lauréate et Lauréat du prix Neveu 2022

Jeanne Boursier (Columbia University)

Ivailo Hartarsky (TU Wien)

Title: Localité en percolation bootstrap

Abstract: La percolation bootstrap est un modèle classique de métastabilité en physique statistique. Chaque site du réseau carré est initialement infecté indépendamment avec une probabilité fixée. À chaque tour, chaque site avec au moins deux voisins infectés devient infecté et les infections ne guérissent jamais. Combien de tours faut-il pour infecter l'origine? On exposera l'histoire riche de ce problème et quelques arguments classiques utilisés pour l'attaquer. Ensuite on apportera une réponse très précise à la question ci-dessus dans le régime pertinent d'infection rare. La clé de la preuve est une nouvelle approche à la percolation bootstrap basée sur la localité, qui nous permet également d'élucider l'échec des méthodes numériques dans le domaine.

L'exposé se base sur un travail en commun avec Augusto Teixeira disponible à l'adresse <https://arxiv.org/abs/2404.07903>.

Lauréate et Lauréat du prix Neveu 2023

Alice Contat (Université Sorbonne Paris Nord)

Title: Parking sur des arbres aléatoires.

Abstract: Considérons un arbre enraciné fini, où chaque sommet représente une place de parking et chaque arête est une rue à sens unique dirigé vers la racine. Sur cet arbre, on fait arriver des voitures uniformément au hasard sur les sommets, qui se garent sur leur sommet d'arrivée s'il n'est pas déjà occupé, et sinon suivent les rues à sens unique et prennent la première place disponible. En fonction de la densité de voitures, ce modèle subit une transition de phase, que nous présenterons dans cet exposé.

Javier González-Delgado (McGill University)

Title: Inference after clustering conformations of highly-flexible proteins

Abstract: The recognition of the functional relevance of disordered proteins has brought about a paradigm shift in Structural Biology. With the advancement of simulation methods and generative models, the scientific community now has access to atomic-resolution conformational ensembles of a large number of systems. However, the structural analysis of these objects cannot be carried out using the same techniques employed in the study of rigid/globular proteins. Their intrinsically probabilistic nature demands the move to a perspective that places statistics as a fundamental prism for understanding the sequence-structure relationship. In this pursuit, clustering methods applied to protein conformations have provided valuable insights into this challenging problem. However, the existing techniques do not provide statistical guarantees for the partition returned by the clustering algorithm. Post-clustering inference aims for statistical guarantees such as type I error control for null hypotheses depending on data-driven clusters. In a seminal paper, Gao *et al.* (JASA, 2022) introduced a selective inference approach to address this question in a matrix normal model with independent observations and features. Extending the work of Gao *et al.* to more realistic models is essential for post-clustering inference to be applicable to real-world problems that exhibit more complex dependencies between observations and variables, as it is the clustering of protein conformations. In this talk, we present a test which controls the selective type I error for matrix normal data with arbitrary dependence structures. We also introduce an approach to over-estimate unknown covariance matrices which preserves selective type I error control. Our theoretical results are supported by numerical experiments and a real data application to the classification of flexible protein structures.