

LISTE DES PUBLICATIONS

Yann Guermeur

18 novembre 2025

Chapitres de livres

[CL04] Y. Guermeur et F. Lauer (2016). A generic approach to biological sequence segmentation problems : application to protein secondary structure prediction. Dans *Pattern Recognition in Computational Molecular Biology : Techniques and Approaches*, édité par M. Elloumi, C.S. Iliopoulos, J.T.L. Wang et A.Y. Zomaya, Wiley, Chapitre 7, 114-128.

[CL03] Y. Guermeur et O. Teytaud (2006). Estimation et contrôle des performances en généralisation des réseaux de neurones. Dans *Apprentissage connexionniste*, édité par Y. Bennani, Hermès, Chapitre 10, 279-342.

[CL02] Y. Guermeur, A. Lifchitz et R. Vert (2004). A kernel for protein secondary structure prediction. Dans *Kernel Methods in Computational Biology*, édité par B. Schölkopf, K. Tsuda et J.-P. Vert, The MIT Press, Chapitre 9, 193-206.

[CL01] Y. Guermeur et H. Paugam-Moisy (1999). Théorie de l'apprentissage de Vapnik et SVM, Support Vector Machines. Dans *Apprentissage automatique*, édité par M. Sebban et G. Venturini, Hermès, Chapitre 5, 109-138.

Journaux internationaux

[JI22] A. El Dakdouki, Y. Guermeur et N. Wicker (2025). Consolidation kernel. *Communications in Statistics - Theory and Methods* (publié en ligne).

[JI21] Y. Guermeur et N. Wicker (2025). Isotropic kernel machine. *Sankhya A*, **Vol. 87**, n° 2, 426-453.

[JI20] A. Moniot, Y. Guermeur, S. de Vries et I. Chauvot de Beauchêne (2022). ProtNAff : Protein-bound Nucleic Acid filters and fragment libraries. *Bioinformatics*, **Vol. 38**, n° 16, 3911-3917.

[JI19] Y. Guermeur (2020). Rademacher complexity of margin multi-category classifiers. *Neural Computing and Applications*, **Vol. 32**, 17995-18008.

[JI18] K. Musayeva, F. Lauer et Y. Guermeur (2019). Rademacher complexity and generalization performance of margin multi-category classifiers. *Neurocomputing*, **Vol. 342**, 6-15.

[JI17] Y. Guermeur (2017). L_p -norm Sauer-Shelah lemma for margin multi-category classifiers. *Journal of Computer and System Sciences (JCSS)*, **Vol. 89**, 450-473.

[JI16] Y. Guermeur (2014). Comments on : Support vector machines maximizing geometric margins for multi-class classification. *TOP*, **Vol. 22**, n° 3, 844-851.

- [JI15] R. Bonidal, S. Tindel et Y. Guermeur (2014). Model selection for the ℓ_2 -SVM by following the regularization path. *Transactions on Computational Collective Intelligence (TCCI)*, **Vol. XIII (LNCS 8342)**, 83-112.
- [JI14] Y. Guermeur (2013). Combining multi-class SVMs with linear ensemble methods that estimate the class posterior probabilities. *Communications in Statistics - Theory and Methods*, **Vol. 42**, n° 16, 3011-3030.
- [JI13] Y. Guermeur (2012). A generic model of multi-class support vector machine. *International Journal of Intelligent Information and Database Systems (IJIIDS)*, **Vol. 6**, n° 6, 555-577.
- [JI12] F. Abdat, M. Amouroux, Y. Guermeur et W. Blondel (2012). Hybrid feature selection and SVM-based classification for mouse skin precancerous stages diagnosis from bimodal spectroscopy. *Optics Express*, **Vol. 20**, n° 1, 228-244.
- [JI11] F. Lauer et Y. Guermeur (2011). MSVMpack : a multi-class support vector machine package. *Journal of Machine Learning Research (JMLR)*, **Vol. 12**, 2293-2296.
- [JI10] Y. Guermeur et E. Monfrini (2011). A quadratic loss multi-class SVM for which a radius-margin bound applies. *Informatica*, **Vol. 22**, n° 1, 73-96.
- [JI09] Y. Guermeur (2010). Sample complexity of classifiers taking values in \mathbb{R}^Q , application to multi-class SVMs. *Communications in Statistics - Theory and Methods*, **Vol. 39**, n° 3, 543-557.
- [JI08] B. Gschloessl, Y. Guermeur et J.M. Cock (2008). HECTAR : a method to predict subcellular targeting in heterokonts. *BMC Bioinformatics*, **Vol. 9**, n° 393.
- [JI07] Y. Guermeur (2007). VC theory of large margin multi-category classifiers. *JMLR*, **Vol. 8**, 2551-2594.
- [JI06] N. Sapay, Y. Guermeur et G. Deléage (2006). Prediction of amphipathic in-plane membrane anchors in monotopic proteins using a SVM classifier. *BMC Bioinformatics*, **Vol. 7**, n° 255.
- [JI05] Y. Guermeur, A. Elisseeff et D. Zelus (2005). A comparative study of multi-class support vector machines in the unifying framework of large margin classifiers. *Applied Stochastic Models in Business and Industry (ASMBI)*, **Vol. 21**, n° 2, 199-214.
- [JI04] Y. Guermeur, G. Pollastri, A. Elisseeff, D. Zelus, H. Paugam-Moisy et P. Baldi (2004). Combining protein secondary structure prediction models with ensemble methods of optimal complexity. *Neurocomputing*, **Vol. 56**, 305-327.
- [JI03] Y. Guermeur (2002). Combining discriminant models with new multi-class SVMs. *Pattern Analysis and Applications (PAA)*, **Vol. 5**, n° 2, 168-179.
- [JI02] Y. Guermeur, C. Geourjon, P. Gallinari et G. Deléage (1999). Improved performance in protein secondary structure prediction by inhomogeneous score combination. *Bioinformatics*, **Vol. 15**, n° 5, 413-421.
- [JI01] O. Gascuel *et al.* (groupe SYMENU) (1998). Twelve numerical, symbolic and hybrid supervised classification methods. *International Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence (IJPRAI)*, **Vol. 12**, n° 5, 517-571.

Soumis

[JI00] Y. Guermeur. Metric entropies of margin classifiers.

[JI00] F. Abdat, M. Amouroux, Y. Guermeur et W. Blondel. Spatially resolved spectroscopy for skin precancerous stages classification by means of sensor fusion.

Journaux nationaux

[JN02] Y. Guermeur (2009). Etude comparée des performances de SVM multi-classes en prédiction de la structure secondaire des protéines. *Revue des Nouvelles Technologies de l'Information (RNTI)*, Vol. A-3, 21-48.

[JN01] Y. Guermeur et H. Paugam-Moisy (1999). Théorie de l'apprentissage de Vapnik et SVM, Support Vector Machines. *Revue Electronique sur l'Apprentissage par les Données (READ)*, Vol. 3, n° 1, 17-38.

Conférences internationales avec comité de lecture et publication des actes

[CI19] A. Ledent, R. Alves, Y. Lei, Y. Guermeur et M. Kloft (2023). Generalization bounds for inductive matrix completion in low-noise settings. Actes de la 37th AAAI Conference on Artificial Intelligence (AAAI-23), 8447-8455.

[CI18] K. Musayeva, F. Lauer et Y. Guermeur (2018). A sharper bound on the Rademacher complexity of margin multi-category classifiers. Actes du 26th European Symposium on Artificial Neural Networks (ESANN'18), 503-508.

[CI17] K. Musayeva, F. Lauer et Y. Guermeur (2017). Metric entropy and Rademacher complexity of margin multi-category classifiers. Actes de l'International Conference on Artificial Neural Networks (ICANN'17).

[CI16] F. Aazi, A. Elouardighi, B. Achchab, R. Abdesselam et Y. Guermeur (2014). Variable selection for multi-class SVMs using the multi-class radius margin bound. Actes de l'International Conference on Artificial Intelligence and Pattern Recognition (AIPR'14), 29-39.

[CI15] F. Thomarat, F. Lauer et Y. Guermeur (2012). Cascading discriminant and generative models for protein secondary structure prediction. Actes de l'International Conference on Pattern Recognition in Bioinformatics (PRIB'12), LNBI vol. 7632, Springer-Verlag, 166-177.

[CI14] R. Bonidal, F. Thomarat et Y. Guermeur (2012). Estimating the class posterior probabilities in biological sequence segmentation. Actes de l'International Conference on Stochastic Modeling Techniques and Data Analysis (SMTDA'12).

[CI13] Y. Guermeur et F. Thomarat (2011). Estimating the class posterior probabilities in protein secondary structure prediction. PRIB'11, LNBI vol. 7036, Springer-Verlag, 260-271.

[CI12] F. Abdat, M. Amouroux, Y. Guermeur et W. Blondel (2011). DCT-SVM based multi-classification of mouse skin precancerous stages from autofluorescence and diffuse reflectance spectra. Actes des European Conferences on Biomedical Optics (ECBO'11), SPIE-OSA vol. 8087.

[CI11] Y. Guermeur (2010). Ensemble methods of appropriate capacity for multi-class support vector machines. *SMTDA '10*, 311-318.

[CI10] Y. Guermeur et E. Monfrini (2009). Radius-margin bound on the leave-one-out error of the LLW-M-SVM. Actes de l'*International Symposium on Applied Stochastic Models and Data Analysis (ASMDA '09)*, 517-521.

[CI09] Y. Guermeur (2007). Scale-sensitive Ψ -dimensions : the capacity measures for classifiers taking values in \mathbb{R}^Q . *ASMDA '07*.

[CI08] Y. Guermeur, M. Maumy et F. Sur (2005). Model selection for multi-class SVMs. *ASMDA '05*, 507-517.

[CI07] Y. Guermeur, A. Elisseeff et D. Zelus (2002). Bound on the risk for M-SVMs. Actes de la conférence *Statistical Learning, Theory and Applications (SLTA '02)*, 48-52.

[CI06] Y. Guermeur, A. Elisseeff et H. Paugam-Moisy (2000). A new multi-class SVM based on a uniform convergence result. Actes de l'*International Joint Conference on Neural Networks (IJCNN'00)*, IEEE, **Vol. IV**, 183-188.

[CI05] H. Paugam-Moisy, A. Elisseeff et Y. Guermeur (2000). Generalization performance of multi-class discriminant models. *IJCNN'00*, IEEE, **Vol. IV**, 177-182.

[CI04] Y. Guermeur, A. Elisseeff et H. Paugam-Moisy (1999). Estimating the sample complexity of a multi-class discriminant model. *ICANN'99*, publié par IEE, 310-315.

[CI03] Y. Guermeur, H. Paugam-Moisy et P. Gallinari (1998). Multivariate linear regression on classifier outputs : a capacity study. *ICANN'98*, Perspectives in neural computing, Springer-Verlag, 693-698.

[CI02] Y. Guermeur, F. d'Alché-Buc et P. Gallinari (1997). Optimal linear regression on classifier outputs. *ICANN'97*, LNCS vol. 1327, Springer-Verlag, 481-486.

[CI01] Y. Guermeur et P. Gallinari (1996). Combining statistical models for protein secondary structure prediction. *ICANN'96*, LNCS vol. 1112, Springer-Verlag, 599-604.

Conférences internationales avec comité de lecture (inclus des posters)

[PI06] A. Moniot, I. Chauvot de Beauchêne et Y. Guermeur (2021). New clustering method to infer prototypes covering the 3D structures of nucleic acid fragments. *International Conference on Research in Computational Molecular Biology (RECOMB 25)*.

[PI05] A. Moniot, I. Chauvot de Beauchêne et Y. Guermeur (2021). Agglomerative clustering of fragment 3D structures based on pairwise RMSD. *International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB'21)*.

[PI04] N. Wicker et Y. Guermeur (2014). Quadric multi-class support vector machines. *Joint Statistical Meetings (JSM) 2014*.

[PI03] M. Geist, E. Klein, B. Piot, Y. Guermeur et O. Pietquin (2013). Around inverse reinforcement learning and score-based classification. *Multidisciplinary Conference on Reinforcement*

Learning and Decision Making (RLDM) 2013.

[PI02] D. Eveillard et Y. Guermeur (2002). Statistical processing of SELEX results. *ISMB'02*.

[PI01] Y. Guermeur et D. Zelus (2000). Combining protein secondary structure prediction methods with a new multi-category SVM. *ISMB'00*.

Ateliers de travail internationaux avec comité de lecture et publication des actes

[AI05] A. Moniot, I. Chauvot de Beauchêne et Y. Guermeur (2022). Inferring ϵ -nets of finite sets in a RKHS. Actes du *Workshop on Self-Organizing Maps and Learning Vector Quantization, Clustering and Data Visualization (WSOM+'22)*, LNNS vol. 533, Springer-Verlag, 53-62.

[AI04] Y. Guermeur (2017). Rademacher complexity of margin multi-category classifiers. Communication invitée au *WSOM+'17*.

[AI03] Y. Guermeur (2010). Linear ensemble methods for multi-class support vector machines. Communication invitée au workshop *Optimization and Learning : Theory, Algorithms and Applications (WS'10)*.

[AI02] Y. Guermeur, A. Lifchitz et R. Vert (2003). A hybrid kernel machine for protein secondary structure prediction. Communication invitée au workshop *Kernel Methods in Computational Biology* de la conférence *RECOMB 7*.

[AI01] Y. Guermeur (1997). An ensemble method for protein secondary structure prediction. *Mathematical Analysis of Biological Sequences (MABS'97)*.

Conférences nationales avec comité de lecture et publication des actes

[CN11] Y. Guermeur et T. Malliavin (2024). Prédiction des angles de torsion ω des protéines. *29-èmes rencontres de la Société Francophone de Classification (SFC'24)* (pas d'actes à ce jour).

[CN10] A. Delannoy, A. Moniot, Y. Guermeur et I. Chauvot de Beauchêne (2021). Feature extraction for the clustering of small 3D structures : application to RNA fragments. Actes des *Journées Ouvertes : Biologie, Informatique et Mathématiques (JOBIM'21)*.

[CN09] A. Moniot, R. Roy, Y. Guermeur et I. Chauvot de Beauchêne (2020). Docking of RNA hairpin on protein using a fragment-based method. *JOBIM'20*, 88-92.

[CN08] H. Bouziane, B. Messabih, Y. Guermeur et A. Chouarfia (2009). Approach based on artificial neural networks for protein secondary structure prediction. Actes du *Colloque International sur les Nouvelles Techniques Immuno-Cognitives dans les Réseaux Informatiques (NTICRI'09)*.

[CN07] Y. Darcy, E. Monfrini et Y. Guermeur (2006). Borne "rayon-marge" sur l'erreur "leave-one-out" des SVM multi-classes. Actes des *XXXVIII-èmes Journées de Statistique (JdS'06)*.

[CN06] N. Sapay, Y. Guermeur et G. Deléage (2005). Prediction of in-plane amphipathic membrane segments based on an SVM method. *JOBIM'05*, 299-311.

[CN05] D. Eveillard et Y. Guermeur (2002). Traitement statistique des résultats de SELEX. *JOBIM'02*, 277-283.

[CN04] Y. Guermeur et D. Zelus (2001). Combining protein secondary structure prediction models with ensemble methods of optimal complexity. *JOBIM'01*, 97-104.

[CN03] A. Elisseeff, H. Paugam-Moisy et Y. Guermeur (1999). Risque garanti pour les modèles de discrimination multi-classes. *SFC'99*, 111-118.

[CN02] Y. Guermeur (1998). Combinaison de classifieurs estimant les probabilités *a posteriori* des classes. *SFC'98*, 121-124.

[CN01] Y. Guermeur, F. d'Alché-Buc et P. Gallinari (1997). Combinaison linéaire optimale de classifieurs. *JdS'97*, 425-428.

Conférences nationales avec comité de lecture (inclus des posters)

[PN03] A. Moniot, I. Chauvot de Beauchêne et Y. Guermeur (2023). A new HAC algorithm to create the smallest representative set from an ensemble of 3D conformations. *Groupe de Graphisme et Modélisation Moléculaire (GGMM'23)*.

[PN02] F. Abdat, M. Amouroux, Y. Guermeur et W. Blondel (2014). Spectroscopie multimodalités *in vivo* : impact de la stratégie de fusion des données résolues spatialement sur la discrimination entre les stades précancéreux. *Colloque Diagnostic et Imagerie Optique en Médecine (OptDiag) 2014*.

[PN01] Y. Guermeur et F. Thomarat (2010). Prédiction de la structure secondaire des protéines : mise en œuvre optimisée de l'architecture en cascade. *JOBIM'10*.

Rapports de recherche et rapports techniques

[RR12] Y. Guermeur (2020). Combinatorial and structural results for γ - Ψ -dimensions. Rapport de recherche arXiv, arXiv:1809.07310v3.

[RR11] Y. Guermeur (2016). L_p -norm Sauer-Shelah lemma for margin multi-category classifiers. Rapport de recherche arXiv, arXiv:1609.07953.

[RR10] Y. Guermeur et E. Monfrini (2009). Radius-margin bound on the leave-one-out error of the LLW-M-SVM. Rapport de recherche 4278 du réseau d'excellence PASCAL 2.

[RR09] E. Monfrini et Y. Guermeur (2008). A quadratic loss multi-class SVM. Rapport de recherche du LORIA, hal-00276700.

[RR08] Y. Darcy et Y. Guermeur (2005). Radius-margin bound on the leave-one-out error of multi-class SVMs. Rapport de recherche RR-5780 de l'INRIA.

[RR07] Y. Guermeur (2004). Large margin multi-category discriminant models and scale-sensitive Ψ -dimensions. Rapport de recherche RR-5314 de l'INRIA (révisé en 2006).

[RR06] E. Gothié, Y. Guermeur, S. Muller, C. Branlant et A. Bockmayr (2003). Recherche des gènes d'ARN non codants. Rapport de recherche RR-5057 de l'INRIA.

[RR05] Y. Guermeur (2002). A simple unifying theory of multi-class support vector machines. Rapport de recherche RR-4669 de l'INRIA.

[RR04] Y. Guermeur, A. Elisseeff et D. Zelus (2002). Bounding the capacity measure of multi-class discriminant models. Rapport technique NC2-TR-2002-123 du groupe de travail ESPRIT NeuroCOLT2.

[RR03] Y. Guermeur (2000). Combining discriminant models with new multi-class SVMs. Rapport technique NC2-TR-2000-086 du groupe de travail ESPRIT NeuroCOLT2.

[RR02] A. Elisseeff, Y. Guermeur et H. Paugam-Moisy (1999). Margin error and generalization capabilities of multi-class discriminant systems. Rapport technique NC2-TR-1999-051 du groupe de travail ESPRIT NeuroCOLT2 (révisé en 2001).

[RR01] Y. Guermeur et H. Paugam-Moisy (1998). Linear ensemble methods for multiclass discrimination. Rapport de recherche 1998-52 du LIP, ENS Lyon.

Logiciels

[L06] Le logiciel de segmentation de séquences biologiques "MSVMpred" introduit dans la communication [CI13] est disponible à l'adresse suivante : <https://members.loria.fr/YGuermeur/MSVMpred.tar>.

[L05] Le logiciel mettant en œuvre la SVM multi-classe introduite dans l'article [JI10] de cette liste de publications sous le nom de M-SVM² a été enregistré à l'Agence pour la Protection des Programmes (APP) le 13 septembre 2010 sous le numéro IDN.FR.001.370001.000.S.P.2010.000.30000. Le CNRS a également accordé sa diffusion sous licence CeCILL-B. Il est disponible à l'adresse suivante : <https://members.loria.fr/YGuermeur/M-SVM-2.tar>.

[L04] Le logiciel "HECTAR" mettant en œuvre la méthode de prédiction de la localisation cellulaire des protéines des hétérochontes décrite dans l'article [JI08] est disponible en ligne à l'adresse suivante : <http://www.sb-roscoff.fr/hectar/>. La variante nommée "HECTAR^{SEC}" (voir également [JI08]) peut être utilisée sur le même site.

[L03] Le logiciel "AmphipaSeeK" mettant en œuvre la méthode de prédiction des ancrages membranaires interfaciaux introduite dans l'article [JI06] (voir aussi [CN06]) est disponible en ligne depuis le serveur d'analyse de séquences protéiques NPS@ (<http://npsa-pbil.ibcp.fr/>) du PRABI-Lyon-Gerland, à l'adresse suivante : http://npsa-pbil.ibcp.fr/cgi-bin/npsa_automat.pl?page=/NPSA/npsa_amphipaseek.html.

[L02] Le logiciel permettant d'appliquer la M-SVM de Weston et Watkins à des problèmes de très grande taille, introduit dans l'article [JI03], est diffusé sous la licence GNU GPL. Il a été enregistré à l'APP le 18 avril 2005 sous le numéro IDN.FR.001.170014.000.R.P.2005.000.10000. Il est disponible depuis ma page web, à l'adresse suivante : <https://members.loria.fr/YGuermeur/WW-M-SVM.tar>.

[L01] Deux logiciels de prédiction de la structure secondaire des protéines globulaires, HNN et MLRC, décrits respectivement dans les références [CI01] et [JI02], sont disponibles en ligne sur le serveur NPS@ du PRABI-Lyon-Gerland, à l'adresse suivante : http://npsa-pbil.ibcp.fr/cgi-bin/npsa_automat.pl?page=/NPSA/npsa_seccons.html.