Irene Balelli

Ph.D.



Informations Biographiques

Naissance 3 Novembre, 1988, à Forlimpopoli - Italie.

Nationalité Italienne.

État civil Pacsée.

Situation Deux enfants (2015 et 2018).

familiale

Thèmes de Recherche

Machine Federated learning. Distributed learning. Statistiques Bayesienne. Analyse de données. Mod-Learning èles à variables latentes. Modèles génératifs. Données biomédicales sécurisées, hétérogènes

et à grande échelle.

Modélisation Analyse d'identifiabilité. Analyse de sensibilité. Estimation de paramètres avec approche

populationnelle. Modèles à effets mixtes.

Applications Maladies neurodégénératives: Alzheimer, Parkinson, Imaging data, Connectome.

d'affinité des anticorps, Cellules B, Mémoire immunologique, Vaccination.

Probabilités Marches aléatoires sur graphes. Chaînes de Markov. Théorie des graphes. Processus de

Galton-Watson. Paysages évolutifs.

Position actuelle

2021-now Chercheuse (ISFP) en modélisation mathématique pour ma biomedecine computa-

tionnelle, EPIONE team - Centre Inria d'Université Côte d'Azur, Valbonne - France.

Expérience

2020— **Chercheuse postdoctorale**, *Apprentissage statistique fédéré pour méta-analyses de données* aujourd'hui *biomédicales massives et sécurisées*, INRIA Sophia Antipolis Méditerranée - équipe EPIONE,

Valbonne - France.

2017–2019 **Chercheuse postdoctorale**, *Modélisation de la réponse immunitaire à des stratégies vaccinales*, INSERM U1219 Bordeaux Population Health et INRIA - équipe SISTM, Bordeaux -

France.

Formation

2013-2016 Doctorat en Mathématiques Appliquées avec Mission d'Enseignement,

LAGA - Université Paris 13, Villetaneuse - France.

Titre : Fondements mathématiques de la maturation d'affinité des anticorps.

Directeurs: Vuk Milišić, Gilles Wainrib, Hatem Zaag.

Date de soutenance : 30 novembre, 2016.

Qualification: Qualifiée en section 26 du CNU.

- 2011–2013 Master 1 Mathématiques et applications et Master 2 Mathématiques Appliquées aux Sciences Biologiques et Médicales, Université Paris 6, Paris France, Mémoire : A mathematical model of somatic hypermutation (V. Milišić, G. Wainrib).
- 2010–2011 Master 1, Programme Erasmus,
 Universidad Complutense, Département de Mathématiques, Madrid Espagne.
- 2007–2010 Licence en Mathématiques,

 Mémoire de Licence : Il modello di Bressloff e Cowan: allucinazioni visive come stati stabili di attivazione corticale (Directeur : G. Citti), Universitá di Bologna, Bologne Italie.

Articles et Prépublications

- **I.** Balelli, S. Silva, M. Lorenzi., A Differentially Private Probabilistic Framework for Federated Heterogeneous Multi-View Datasets Variability, Soumis à Journal of Machine Learning for Biomedical Imaging (MELBA).
- **I. Balelli**, S. Silva, M. Lorenzi., *A Probabilistic Framework for Modeling the Variability Across Federated Datasets of Heterogeneous Multi-View Observations*, International Conference on Information Processing in Medical Imaging. Springer, Cham, 2021. p. 701-714..
- M. Prague, J. Gerold, **I. Balelli**, C. Pasin, J. Li, D. Barouch, J. Whitney, A. Hill., *Viral rebound kinetics following single and combination immunotherapy for HIV/SIV*, Soumis à Nature Communications, [bioRxiv 700401; doi: https://doi.org/10.1101/700401].
- **I.** Balelli, C. Pasin, M. Prague, F. Crauste, T. Van Effelterre, V. Bockstal, L. Solforosi, R. Thiébaut, *A model for establishment, maintenance and reactivation of the immune response after vaccination against Ebola virus*, Journal of Theoretical Biology, 2020, DOI: 10.1016/j.jtbi.2020.110254.
- C. Pasin, I. Balelli, T. Van Effelterre, V. Bockstal, L. Solforosi, M. Prague, M. Douoguih, R. Thiébaut, *Dynamics of the humoral immune response to a prime-boost Ebola vaccine: quantification and sources of variation*, Journal of Virology, 2019, **DOI:** 10.1128/JVI.00579-19.
- **I. Balelli**, V. Milišić, G. Wainrib, *Multi-type Galton-Watson processes with affinity-dependent selection applied to antibody affinity maturation*, Bulletin of Mathematical Biology, 2019, vol. 81, no 3, p. 830-868.
- **I. Balelli**, V. Milišić, G. Wainrib, *Random walks on binary strings applied to the somatic hypermutation of B-cells*, Mathematical Biosciences, 2018, vol. 300, p. 168-186.
- **I. Balelli**, V. Milišić, G. Wainrib, *Branching random walks on binary strings for evolutionary processes in adaptive immunity*, [arXiv :1607.00927].

Conférences, Meetings et Séminaires

- 2021 Information Processing in Medical Imaging (IPMI) 2021, Poster, Virtuel.
- 2020 31A Scientific Days, Poster, Nice France.
 Sophl.A Summit 2020, Présentation orale, Sophia Antipolis France.
- 2019 **4ème** meeting annuel EBOVAC1/2, *Présentation orale*, Nairobi Kenya.
 - Meeting annuel VRI, Présentation orale, Paris France.
- 2018 IMI 10th Anniversary Scientific Symposium, *Présentation orale*, 3^{ème} prix "meilleure présentation orale" par le comité scientifique, Bruxelles Belgique.
 - **CROI 2018**, Poster (J.M. Gerold, C. Pasin, I. Balelli, S. Lim, C. Osuna, J.B. Whitney, D.H. Barouch, M. Prague, A.L. Hill), Boston Etats-Unis.

3ème meeting annuel EBOVAC1/2, Présentation orale, Amsterdam - Pays-Bas.

- 2017 Systems Immunology and Vaccine design, Heidelberg Allemagne.
- 2016 1st Challenges in inflammation meeting, Florence Italie.

Les probabilités de demain, Présentation orale, IHÉS - Bures-sur-Yvette - France.

Ecole d'été : "EDP et Probabilités pour les sciences du vivant", *Poster*, CIRM - Marseille - France.

2015 EDP-Normandie, Poster, Le Havre - France.

Challenges in inflammation, Présentation orale, Bichat - France.

2014 InflaConf: Mathematical modeling in immunology and inflammation, *Présentation orale*, Paris - France.

CANUM 2014, Poster, Carry-le-Rouet - France.

Inflamex day, Présentation orale, CIEP Sèvres - France.

2013 **GDR Métice : Inflammation et résistance aux thérapies**, *Présentation orale*, Lyon - France.

Écoles Thématiques

2021 **Al4Health Winter School**, *Workshop:* Gérer l'hétérogénéité dans l'analyse des informations biomédicales, Événement Online.

First Inria-DFKI European Summer School on Artificial Intelligence, Workshop: Méthodes et cadres d'apprentissage fédérés pour l'analyse collaborative des données, Événement Online.

Activités d'Enseignement

2020-2021 **Apprentissage bayésien**, *Cours et TD*, M2 MSc Data Science, Université Côte d'Azur. Sophia Antipolis - France

Modélisation des systèmes biologiques, *Cours et TP*, M2 BIM, Université Côte d'Azur. Nice - France

2013-2016 **Probabilité et Statistique 2**, *TD*, L2 Mathématiques et MIEF, Université Paris 13.

Villetaneuse - France

Probabilité et Statistique 1, TD, L2 Mathématiques, Université Paris 13.

Villetaneuse - France

Probabilité et Statistique, *TD*, 1^{ère} année Ingénieur en Apprentissage énergétique, École d'ingénieurs Sup Galilée.

Villetaneuse - France

Statistiques, *TD*, 1ère année MACS (Mathématiques Appliquées et Calcul Scientifique), École d'ingénieurs Sup Galilée.

Villetaneuse - France

Probabilité, TD, 2ème année IUT-Info, Université Paris 13.

Villetaneuse - France

Statistiques Inférentielles, TD, $2^{\rm \`eme}$ année DUT-GEA, Université Paris 13. Bobigny - France

Références

Marco Lorenzi marco.lorenzi@inria.fr

Hatem Zaag zaag@math.univ-paris13.fr

Compétences Informatiques

Languages Python, Matlab, R Bureautique OpenOffice, LATEX

Logiciels Monolix, NIMROD Simulations Processus Stochastiques, Méthd'estimation Numériques odes de Monte Carlo, Systèmes

de paramètres **EDO**

Systèmes Mac OSX, Linux, Windows Autre IdentifiabilityAnalysis (Mathed'Exploitation matica), DAISY (Reduce3.8)

Langues

ItalienLangue maternelleAnglaisCourantFrançaisBilingueEspagnolCourant