

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI/ PERSONAL INFORMATION

Nome, Cognome/Name, Surname	Emanuel Weitschek
Indirizzo/Address Via, numero civico, c.a.p., città, nazione/ House number, street name, postcode, city, country	Corso Vittorio Emanuele II 39 00186 Roma
E-mail	emanuel.weitschek@uninettunouniversity.net
Sito web/Website	http://www.iasi.cnr.it/~eweitschek/
Nazionalità/Nationality	Italiana
Luogo e data di nascita/ Place and Date of birth	Roma, 13-01-1982

ATTIVITA' LAVORATIVE NEGLI AMBITI DELLA RICERCA E DELLO SVILUPPO:

Ricercatore nel settore scientifico disciplinare dell'Ingegneria Informatica (Sistemi di elaborazione delle informazioni - ing-inf/05) presso la Facoltà di Ingegneria dell'Università Telematica Internazionale Uninettuno.

data 20-05-2015 periodo di attività dal 20-05-2015

svolta presso la **Facoltà di Ingegneria dell'Università Telematica Internazionale Uninettuno** con funzioni di **Ricercatore**

*Incarico di **collaborazione coordinata e continuativa** presso l'Istituto di Analisi dei Sistemi ed Informatica "A.Ruberti" del Consiglio Nazionale delle Ricerche (IASI CNR) concernente la riguardante la "Definizione di nuovi metodi per la memorizzazione, la gestione e l'integrazione di dati genomici e clinici, in particolare RNA-seq, DNA-methylation e Copy Number Variation- Progettazione di nuovi metodi per l'estrazione di modelli predittivi da grandi moli di dati biomedici ai fini della loro classificazione- Coordinamento delle attività di reingegnerizzazione per il supporto ai big data genomici dei software di estrazione di soluzioni multiple per la classificazione CAMUR e MISSEL, sviluppati precedentemente presso l'istituto. La definizione e la sperimentazione del software su dati di next generation sequencing in particolare RNA-seq, DNA-methylation e Copy Number Variation".*

Data 07/04/2017 periodo di attività dal 07/04/2017 al 06/04/2018

svolta presso **IASI CNR** con funzioni di **collaboratore**

*Incarico di **collaborazione coordinata e continuativa** presso l'Istituto di Analisi dei Sistemi ed Informatica "A.Ruberti" del Consiglio Nazionale delle Ricerche (IASI CNR) concernente la riguardante la "1) **progettazione ed implementazione** di moduli aggiuntivi per il **sistema software di analisi dei dati e apprendimento supervisionato** sviluppato precedentemente presso l'istituto; i moduli dovranno occuparsi i) della **estrazione di modelli di classificazione equivalenti ed alternativi per dati genomici e clinici**; ii) dell'**integrazione di algoritmi efficienti di feature selection per "big data"**; 2) Il **coordinamento delle attività di implementazione di interfacce user-friendly** che consentano l'applicazione del sistema software a dati provenienti da sequenziatori di nuova generazione, in particolare espressioni genica, Copy Number Variation, RNA-seq data, non coding RNA, anche da parte di utenti con formazione medico-biologica".*

Data 10/02/2016 periodo di attività dal 10/02/2016 al 09/02/2017

svolta presso **IASI CNR** con funzioni di **collaboratore**

*Incarico di **collaborazione occasionale** presso il Dipartimento di Ingegneria dell'Università degli Studi di Roma Tre - sezione Informatica ed Automazione concernente la **Modellazione, standardizzazione, trasformazione e interscambio***

per la gestione di dati genomici. Le attività si collocano nell'ambito del progetto PRIN "GenData 2020" e sono state svolte in collaborazione con il Politecnico di Milano.

data 01/10/2015 periodo di attività dal 01/10/2015 al 31/01/2016

svolta presso **Dipartimento di Ingegneria dell'Università degli Studi di Roma Tre** con funzioni di **collaboratore**

*Incarico di **collaborazione coordinata e continuativa** presso l'Istituto di Analisi dei Sistemi ed Informatica "A.Ruberti" del Consiglio Nazionale delle Ricerche (IASI CNR) concernente la **progettazione ed implementazione di un software basato su tecniche di feature selection e di classificazione basata su regole logiche per l'estrazione di soluzioni multiple** da dati genomici e clinici. Applicazione del software a differenti data set biologici come sequenze di Rhinovirus, DNA Barcode, espressioni geniche e dati di Next Generation Sequencing (NGS).*

data 09/12/2014 periodo di attività dal 09/12/2014 al 08/12/2015

svolta presso **IASI CNR** con funzioni di **collaboratore**

*Incarico di **collaborazione coordinata e continuativa** presso l'Istituto di Analisi dei Sistemi ed Informatica "A.Ruberti" del CNR concernente la **predisposizione di una piattaforma per l'analisi dati biologici** che inglobi il software MALA per il data mining logico e l'analisi di espressioni geniche.*

data 25/10/2013 periodo di attività dal 25/10/2013 al 24/10/2014

svolta presso **IASI CNR** con funzioni di **collaboratore**

***Assegno di ricerca** (ssd ing-inf/05) presso il Dipartimento di Ingegneria dell'Università degli Studi di Roma Tre – sezione Informatica ed Automazione con responsabile scientifico il **prof. Paolo Aizeni** sulla seguente tematica: **Data-Centric Genomic Computing - modellazione, standardizzazione, trasformazione e interscambio**. Attività volte ad organizzare dati genomici mediante un modello dei dati che esprima le varie caratteristiche presenti nei dati biomolecolari prodotti da esperimenti o estratti (o inferiti) da database clinici. Le attività si collocano nell'ambito del progetto PRIN "GenData 2020" e sono state svolte in collaborazione con il Politecnico di Milano.*

data 03-06-2013 periodo di attività dal 03-06-2013 al 19-05-2015

svolta presso **Dipartimento di Ingegneria dell'Università degli Studi di Roma Tre** con funzioni di **assegnista di ricerca post doc**

***Assegno di ricerca** (ssd ing-inf/05) presso l'Istituto di Analisi dei Sistemi ed Informatica "A.Ruberti" con responsabile scientifico la **dott.ssa Paola Bertolazzi: Metodologie e tecnologie di data mining logico** per la classificazione di sequenze genomiche attraverso tecniche alignment-free. Applicazione delle metodologie a dati di DNA virologici e batteriologici provenienti da sequenziatori di nuova generazione con particolare enfasi sulle regioni non codificanti.*

periodo di attività dal 02-01-2013 al 30-05-2013

svolta presso **IASI CNR** con funzioni di **assegnista di ricerca**

*Attività di **ricerca in bioinformatica** presso l'Istituto di Analisi dei Sistemi ed Informatica "A.Ruberti" nell'ambito del corso di dottorato di ricerca in collaborazione con il Dipartimento di Ingegneria dell'Università Roma Tre – Sezione Informatica ed Automazione .*

periodo di attività dal 01-01-2010 al 31-12-2012

svolta presso **IASI CNR** con funzioni di **associato**

*Incarico di **collaborazione** per il **supporto informatico al sito web dell'Associazione Italiana di Ricerca Operativa (AIRO)** (www.airo.org): gestione dei pagamenti per le conferenze AIRO WINTER ed aggiornamento del content management system del sito*

periodo di attività dal 01-01-2012 al 01-03-2012

svolta presso **Associazione Italiana di Ricerca Operativa** con funzioni di **Web manager**

*Incarico di **collaborazione** presso l'Istituto di Analisi dei Sistemi ed Informatica "A.Ruberti" del CNR concernente la **progettazione ed implementazione di un software di analisi di dati basati su modelli matematici di ottimizzazione e sul data mining logico***

data 14-05-2010 periodo di attività dal 14-05-2010 al 13-09-2010

svolta presso **IASI CNR** con funzioni di **collaboratore**

*Incarico di **collaborazione coordinata e continuativa** presso la società ARES SPA per sovrintendere **all'attività di gestione informatica di un sistema web dedicato all' anticontraffazione***

periodo di attività dal 15-04-2010 al 31-12-2010

svolta presso **ARES SPA** con funzioni di **collaboratore**

*Incarico di **collaborazione coordinata e continuativa** presso l'Istituto di Analisi dei Sistemi ed Informatica "A.Ruberti" del CNR concernente la **progettazione di nuove funzioni per un sistema di data mining** basato su programmazione logica*

data 23-07-2009 periodo di attività dal 23-07-2009 al 22-11-2009

*svolta presso **IASI CNR** con funzioni di **collaboratore***

*Incarico di **collaborazione** presso l'Istituto di Analisi dei Sistemi ed Informatica "A.Ruberti" del CNR concernente la **progettazione ed implementazione di un sistema software per l'analisi di dati biologici** tramite algoritmi di feature selection basati su modelli di programmazione intera e data mining logico e l'**implementazione del software** sviluppato presso l'istituto in una procedura automatica disponibile **tramite interfaccia web** per utenti esterni*

data 10-03-2009 periodo di attività dal 10-03-2009 al 09-07-2009

*svolta presso **IASI CNR** con funzioni di **collaboratore***

***Realizzazione e gestione del sito web DMB** (dmb.iasi.cnr.it), il sito di riferimento per le attività di **data mining in bioinformatica** dello IASI CNR*

*periodo di attività dal 01-04-2009 svolta presso **IASI CNR** con funzioni di **Web manager***

SOFTWARE PROGETTATI E SVILUPPATI:

- 1) Camur, un software di classificazione basato su regole logiche per l'estrazione di soluzioni multiple ed alternative. Il software è stato applicato a dati biomedici di espressione genica (next generation sequencing). Il software è scritto in JAVA ed è disponibile su <http://dmb.iasi.cnr.it/camur.php>
- 2) Missel, un software di classificazione per sequenze biologiche bastato su regole logiche per l'estrazione di soluzioni multiple ed alternative. Il software è scritto in C ed è disponibile su <http://dmb.iasi.cnr.it/missel.php>
- 3) Mala e Gela, due software di classificazione basati su regole logiche per l'analisi di espressione genica proveniente da microarray ed RNA-Seq. I software sono scritti in C / JAVA e sono disponibili su <http://dmb.iasi.cnr.it/mala.php> e <http://dmb.iasi.cnr.it/gela.php>
- 4) Blog, un software di classificazione per l'analisi di sequenze di DNA. Il software è scritto in C / JAVA ed è disponibile su <http://dmb.iasi.cnr.it/blog.php>
- 5) TCGA2BED, un software per l'estrazione, la gestione, l'estensione e l'integrazione di dati genomici e clinici provenienti dal database The Cancer Genome Atlas. Il software Il software è scritto in JAVA ed è disponibile su <http://bioinf.iasi.cnr.it/tcga2bed>

Partecipazione ai seguenti progetti di ricerca:

- 1) **GeCo**: Genomic Computing (prof. Stefano Ceri); 2017
- 2) **IoT**: Internet of Things (ing. Dario Assante); 2017
- 3) **InCloud**: Cloud Computing (ing. Dario Assante); 2015-2017
- 4) **Gendata 2020**: Modellazione ed iterscambio di dati genomici (prof. Stefano Ceri); 2013 - 2015
- 5) **Interomics** (dott.ssa Paola Bertolazzi); 2012 - 2016
- 6) **Sysbio** (dott.ssa Paola Bertolazzi); 2014 - 2015
- 7) Partecipazione alle seguenti commesse del Consiglio Nazionale delle Ricerche:
 - a. **Biologia Computazionale** (dott.ssa Paola Bertolazzi); 2010 - 2017
 - b. **Data mining** (prof. Giovanni Felici); 2010 - 2017
 - c. **Ricerca operativa** (prof. Giovanni Felici); 2010 - 2017

ATTIVITA' LAVORATIVE NELL'AMBITO DELLA DIDATTICA:

*Attività di docente titolare del corso di **Informatica** presso la **Facoltà di Ingegneria dell'Università Telematica Internazionale Uninettuno** periodo di attività dal 20-05-2015 a.a. 2015/2016, 2016/2017*

*Attività di docente titolare del corso di **Big Data applicati alla Bioinformatica** presso la **Facoltà di Ingegneria dell'Università Telematica Internazionale Uninettuno** periodo di attività dal 20-05-2015 a.a. 2015/2016, 2016/2017*

*Attività di docente titolare del corso di **Introduzione ai Big Data** presso la **Facoltà di Ingegneria dell'Università Telematica Internazionale Uninettuno** periodo di attività dal 20-05-2015 a.a. 2016/2017*

Attività di docente titolare del corso di Big Data Analytics and Visualization presso la Facoltà di Ingegneria dell'Università Telematica Internazionale Uninettuno periodo di attività dal 20-05-2015 a.a. 2016/2017

Attività di tutor del corso di Reti di calcolatori presso la Facoltà di Ingegneria dell'Università Telematica Internazionale Uninettuno periodo di attività dal 20-05-2015 a.a. 2015/2016, 2016/2017

Attività di tutor del corso di Dispositivi elettronici per i big data presso la Facoltà di Ingegneria dell'Università Telematica Internazionale Uninettuno periodo di attività dal 20-05-2015 a.a. 2015/2016, 2016/2017

Attività di supporto alla didattica per il corso di Basi di dati II (titolare prof. Paolo Atzeni) presso il Dipartimento di Ingegneria, corso di Laurea Magistrale in Ingegneria Informatica dell'Università degli Studi di Roma Tre periodo di attività dal 03-03-2015 al 30-09-2015

Attività di supporto alla didattica per il corso di Basi di dati I (titolare prof. Paolo Atzeni) presso il Dipartimento di Ingegneria, corso di Laurea in Ingegneria Informatica dell'Università degli Studi di Roma Tre periodo di attività dal 03-10-2014 al 30-02-2015

Attività seminariale e di definizione, proposta e supervisione dei progetti per il corso di Big Data (titolare prof. Riccardo Torlone) presso il Dipartimento di Ingegneria, corso di Laurea Magistrale in Ingegneria Informatica dell'Università degli Studi di Roma Tre periodo di attività dal 08-05-2014 a.a. 2014/2015, 2015/2016, 2016/2017

Attività di supporto alla didattica per il corso di Basi di dati II (titolare prof. Paolo Atzeni) presso il Dipartimento di Ingegneria, corso di Laurea Magistrale in Ingegneria Informatica dell'Università degli Studi di Roma Tre con utilizzo della piattaforma di e-learning moodle periodo di attività dal 17-03-2014 al 30-09-2014

Docenza del corso di formazione dal titolo "Sequenziamento genico ed applicazioni bioinformatiche per lo studio dell'evoluzione molecolare e della filogenesi dei microrganismi" presso l'Istituto Nazionale per le Malattie Infettive Lazzaro Spallanzani periodo di attività dal 01-02-2011 al 07-02-2011 svolta presso **Istituto Nazionale per le Malattie Infettive Lazzaro Spallanzani**

TESI DI LAUREA SUPERVISIONATE:

Relatore di più di 50 tesi di laurea e di laurea magistrale in Ingegneria Informatica negli ambiti della Bioinformatica, dei Big Data e del Data mining.

Supervisione **delle attività di ricerca in ingegneria informatica (ssd ing. inf/05) e bioinformatica della dott.ssa Eleonora Cappelli, dottoranda** presso il Dipartimento di Ingegneria della Università degli Studi di Roma Tre.

Partecipazione alla **supervisione delle attività di ricerca in ingegneria informatica (ssd ing. inf/05) e bioinformatica dell'Ing. Giulia Ficon, dottoranda** presso il Dipartimento di Ingegneria Informatica Automatica e Gestionale Antonio Ruberti della Sapienza Università di Roma ed associata presso lo IASI CNR.

Partecipazione alla **supervisione delle attività di ricerca in ingegneria informatica (ssd ing. inf/05) e bioinformatica del dott. Fabio Cumbo e del dott. Valerio Cestarelli, borsisti** presso l'Istituto di Analisi dei Sistemi ed Informatica "Antonio Ruberti" del Consiglio Nazionale delle Ricerche.

Membro delle commissioni di laurea e di laurea magistrale in Ingegneria presso l'Università Telematica Internazionale Uninettuno dal 2015.

Membro delle commissioni di laurea e di laurea magistrale in Ingegneria Informatica presso il Dipartimento di Ingegneria dell'Università degli Studi di Roma Tre dal 2013.

Revisore di molteplici tesi di laurea e di laurea magistrale in Ingegneria Informatica presso il Dipartimento di Ingegneria dell'Università degli Studi di Roma Tre dal 2010.

FORMAZIONE

DOTTORATO DI RICERCA IN INGEGNERIA INFORMATICA

presso la **Scuola Dottorale in Ingegneria - Sezione Informatica e Automazione** conseguito con **giudizio eccellente** e tesi dal titolo "Logic Mining Techniques for biological data analysis and classification"
data **04-06-2013** presso **UNIVERSITA' DEGLI STUDI ROMA TRE**
periodo di attività *dal 01-01-2010 al 31-12-2012* con **borsa di studio**

ABILITAZIONE ALL'ESERCIZIO DELLA PROFESSIONE DI INGEGNERE DELL'INFORMAZIONE

data *24-09-2009* protocollo 2010289990/M832
votazione **113/120** rilasciato da **UNIVERSITA' DEGLI STUDI ROMA TRE**
iscritto all'ordine degli Ingegneri della Provincia di Roma dal 12/02/2013 n° di iscrizione: 33953 Sezione A

LAUREA SPECIALISTICA IN INGEGNERIA INFORMATICA

data *22-12-2008* protocollo 2010460415/M841
rilasciato da **UNIVERSITA' DEGLI STUDI ROMA TRE**
periodo di attività *dal 24-02-2006 al 22-12-2008*
svolta presso **UNIVERSITA' DEGLI STUDI ROMA TRE**

LAUREA IN INGEGNERIA INFORMATICA

data *24-02-2006* protocollo 2010460422/M841
rilasciato da **UNIVERSITA' DEGLI STUDI ROMA TRE**
periodo di attività *dal 01-10-2002 al 24-02-2006*

DIPLOMA DI MATURITA' TEDESCA RICONOSCIUTO IN ITALIA

data *01-07-2011* votazione *85/100*
rilasciato da **SCUOLA GERMANICA ROMA** periodo di attività *dal 01-10-1986 al 01-07-2011*
svolta presso **SCUOLA GERMANICA ROMA**

LINGUE CONOSCIUTE:

- 1) **ITALIANO** livello **madrelingua**
- 2) **INGLESE** livello **avanzato**
- 3) **TEDESCO** livello **avanzato**
- 4) **FRANCESE** livello **scolastico**

LINGUAGGI DI PROGRAMMAZIONE CONOSCIUTI:

- 1) **JAVA** livello **avanzato**
- 2) **C** livello **avanzato**
- 3) **HTML** livello **avanzato**
- 4) **BASH** livello **avanzato**

SISTEMI OPERATIVI CONOSCIUTI:

- 1) **WINDOWS** livello **avanzato**
- 2) **LINUX** livello **avanzato**
- 3) **MAC/OS** livello **base**

CORSI DI FORMAZIONE:

1. Systems Biology and Systems Medicine School: Precision Biotechnology and Therapies , organized by Prof.ssa Lilia Alberghina, Como, Italy, 2014.
2. Lipari School on BioInformatics and Computational Biology: International School for Scientific Research- on Computational Genomics and Personalized Medicine, organized by Prof. AlfredoFerro, University of Catania. Lipari (Messina), Italy, 2014.
3. Epigen DNA Methylome Analysis workshop: Next Generation Sequencing DNA Methylation analysis. Padova, Italy, 2013.
4. Systems Biology Training Course. TIGEM, Naples, 2013
5. Epigen ChIP-Seq Workshop: Hands on course on the bioinformatics analysis of ChIP-Seq data - Next Generation Sequencing ChIP-Seq data analysis. Rome, Italy 2012.

6. DNA sequencing archiving: problems & perspectives- Next Generation Sequencing data management, analysis and storage. Rome Italy, 2012.
7. EMBO Bioinformatics and Comparative Genome Analyses Course - Intensive course on Large-scale genome comparisons, Evolutionary analyses, Sequence and genome alignments, Orthologs prediction and classification, Genome data visualization and Next Generation Sequencing tools and analysis. Very strict selection (20 participants out of 250 applications, first classified). Naples, Italy, 2012.
8. Advanced School of Parallel Computing - Gpu programming, CUDA. Bologna, Italy, 2011
9. Lipari International Summer School on Bioinformatics and Computational Biology on: “Statistical and Machine Learning Methods in Computational Biology” - Statistics, Classification, Machine Learning. Lipari (Messina), Italy, 2010
10. CIRO/AIRO Bertinoro Summer School on Operational Research - Integer Programming. Bertinoro (Cesena), Italy 2010.

PUBBLICAZIONI

Publicazioni su riviste scientifiche peer reviewed ed internazionali

1. F. Previtali, P. Bertolazzi, G. Felici, **E. Weitschek**: [A novel method and software for automatically classifying Alzheimer's disease patients by magnetic resonance imaging analysis](#). *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 143: 89-95, 2017. Impact Factor: 1.8
2. F. Cumbo*, G. Fiscon*, S. Ceri, M. Masseroli, **E. Weitschek***: [TCGA2BED: extracting, extending, integrating, and querying The Cancer Genome Atlas](#). *BMC Bioinformatics*, 18:6, 2017. Impact Factor: 2.5 *(equal contributors).
3. G.Fiscon*, **E. Weitschek***, E. Cella, A. Lo Presti, M. Giovanetti, M. Babakir-Mina, M. Ciotti, M. Ciccozzi, A. Pierangeli, P. Bertolazzi, G. Felici: [MISSEL: a method to identify a large number of small species-specific genomic subsequences and its application to viruses classification](#). *BioData Mining*, 9:38, 2016. Impact Factor: 1.64 *(equal contributors).
4. V. Cestarelli*, G. Fiscon*, G. Felici, P. Bertolazzi, **E. Weitschek***: [CAMUR: Knowledge extraction from RNA-seq cancer data through equivalent classification rules](#). *Bioinformatics*, 32(5): 697-704, 2016. Impact Factor: 5.0 *(equal contributors).
5. P. Bertolazzi, G. Felici, P. Festa, G. Fiscon, **E. Weitschek**: [Integer programming models for feature selection: new extensions and a randomized solution algorithm](#). *European Journal of Operational Research*, 250(2):389-399, 2016. Impact Factor: 2.36
6. K. Wilkins, ..., G. Fiscon, **E. Weitschek**, M. Ciccozzi, P. Bertolazzi, G. Felici, et. al: [A novel feature selection method to extract multiple adjacent solutions for viral genomic sequences classification - Highlights from the 11th ISCB Student Council Symposium 2015](#). *BMC Bioinformatics*, 7(3):203, 2016. Impact Factor: 2.57
7. D. Santoni, **E. Weitschek**, G. Felici: [Optimal discretization and selection of features by association rates of joint distributions](#). *RAIRO Operational Research*, 50(2):437-449, 2016. Impact Factor: 0.33
8. **E. Weitschek**, F. Cunial, G. Felici: [LAF Logic Alignment Free and its application to bacterial genomes classification](#). *Biodata Mining* 8:39, 2015. Impact Factor: 2.02
9. **E. Weitschek**, D. Santoni, G. Fiscon, M.C. De Cola, P. Bertolazzi, G. Felici: [Next generation sequencing reads comparison with an alignment-free distance](#). *BMC Research Notes*, 7:869, 2014.
10. D. Polychronopoulos*, **E. Weitschek***, S. Dimitrieva, P. Bucher, G. Felici, Y. Almirantis: [Classification of selectively constrained DNA elements using feature vectors and rule-based classifiers](#). *Elsevier Genomics*, 104(2):79-86, 2014. Impact Factor: 2.8 *(joint first authors).
11. **E. Weitschek***, G. Fiscon*, G. Felici: [Supervised DNA Barcodes species classification: analysis, comparisons, and results](#). *Biodata Mining*, 7(1), 2014. Impact Factor: 1.54 *(joint first authors).
12. **E. Weitschek**, R. van Velzen, G. Felici, P. Bertolazzi: [BLOG 2.0: a software system for character-based species classification with DNA Barcode sequences. What it does, how to use it](#). *Molecular ecology resources*, 13(6):1043-1046, 2013. Impact Factor: 7.4.
13. **E. Weitschek**, A.L. Presti, G. Drovandi, G. Felici, M. Ciccozzi, M. Ciotti, P. Bertolazzi: [Human polyomaviruses identification by logic mining techniques](#). *Virology journal*, 9(1):1-6, 2012 .Impact Factor: 2.04.
14. R. van Velzen, **E. Weitschek**, G. Felici, F.T. Bakker: [DNA barcoding of recently diverged species: relative performance of matching methods](#). *PloS one*, 7(1):e30490, 2012. Impact Factor: 3.73.
15. M.C. De Cola, G. Felici, D. Santoni, **E. Weitschek**: [Filtering with alignment free distances for high throughput DNA reads assembly](#). *EMBnet.journal*, 18(B):23-25, 2012.
16. I. Arisi, M. D'Onofrio, R. Brandi, A. Felsani, S. Capsoni, G. Drovandi, G. Felici, **E. Weitschek**, P. Bertolazzi, A. Cattaneo: [Gene expression biomarkers in the brain of a mouse model for Alzheimer's disease: mining of microarray](#)

- [data by logic classification and feature selection](#). Journal of Alzheimer's Disease, 24(4):721-738, 2011. Impact Factor: 4.17.
17. P. Bertolazzi, G. Felici, **E. Weitschek**: [Learning to classify species with barcodes](#). BMC Bioinformatics, 10(Suppl 14), S7, 2009 Impact Factor: 3.02.

Atti di convegno su volumi indicizzati

1. F. Cumbo, **E. Weitschek**, P. Bertolazzi, G. Felici: [IRIS-TCGA: an information retrieval and integration system for genomic data of cancer](#). Lecture Notes in Bioinformatics vol. 10477, Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics, Springer, October, 2017.
2. E. Cappelli, **E. Weitschek**. [Extending the Genomic Data Model and the Genometric Query Language with Domain Taxonomies](#). Lecture Notes in Computer Science vol. 10360, International Conference on Web Engineering, pp. 567-574, Springer, Cham, June, 2017.
3. D. Assante, C. Fornaro, **E. Weitschek**, M. Castro, et al.: [Smart open online tool for adaptive education on Cloud Computing](#). In Global Engineering Education Conference (EDUCON), pp. 1183-1186. IEEE, 2017.
4. **E. Weitschek**, F. Cumbo, E. Cappelli, G. Felici: [Genomic data integration: A case study on next generation sequencing of cancer](#). 27th International Workshop on Database and Expert Systems Application, 10662 Los Vaqueros Circle, Los Alamitos, CA 90720, USA, IEEE Computer Society, pp. 49-53, 2016.
5. F. Cumbo, **E. Weitschek**, P. Paci, T. Colombo, P. Bertolazzi, G. Felici: [IRIS-TCGA: an information retrieval and integration system for cancer genomic data](#). In 13th international meeting on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics (CIBB), pp.178-183, Andrea Bracciali, David Gilbert, Gilbert MacKenzie (Eds.), Stirling (UK), August, 2016.
6. **E. Weitschek**, G. Fiscon, V. Cestarelli, P. Bertolazzi, G. Felici: [LAF Barcoding: classifying DNA Barcode multi-locus sequences with feature vectors and supervised approaches](#). In Twelfth international meeting on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics (CIBB), pp.1-6, ISBN: 9788890643798, Naples (Italy), September, 2015
7. **E. Weitschek**, G. Fiscon, G. Felici, P. Bertolazzi: [GELA: a software tool for the analysis of gene expression data](#). In Database and Expert Systems Applications (DEXA), 26th International Workshop on Biological Knowledge Discovery, pp. 31-35, ISSN: 1529-4188/15, doi: 10.1109/DEXA.2015.26, IEEE, Valencia (Spain), September, 2015.
8. **E. Weitschek**, G. Fiscon, P. Bertolazzi, G. Felici: [Classifying DNA barcode multi-locus sequences with feature vectors and supervised approaches](#). GENOME, 58(5), pp. 295-295, doi:10.1139/gen-2015-0087, Ottawa (Canada), August, 2015.
9. G. Fiscon*, **E. Weitschek***, G. Felici, P. Bertolazzi, S. De Salvo, P. Bramante, M.C. De Cola: [Alzheimer's disease patients classification through EEG signals processing](#). In Proceedings of SSCI 2014 - IEEE Symposium Series on Computational Intelligence and Data Mining, pp. 105-112. IEEE, 2014 *(joint first authors).
10. **E. Weitschek**, F. Cunial, G. Felici: [Classifying bacterial genomes on k-mer frequencies with compact logic formulas](#). In Database and Expert Systems Applications (DEXA), 25th International Workshop on Biological Knowledge Discovery, pp. 69-73. IEEE, 2014.
11. **E. Weitschek**, G. Felici, P. Bertolazzi: [Clinical data mining: problems, pitfalls and solutions](#). In Database and Expert Systems Applications (DEXA), 24th International Workshop on Biological Knowledge Discovery, pp. 90-94. IEEE, 2013.
12. **E. Weitschek**, G. Felici, P. Bertolazzi: [Mala: A microarray clustering and classification software](#). In Database and Expert Systems Applications (DEXA), 23rd International Workshop on Biological Knowledge Discovery, pp. 201-205. IEEE, 2012.
13. G. Felici, **E. Weitschek**: [Mining logic models in the presence of noisy data](#). In International Symposium on Artificial Intelligence and Mathematics, 2012

Capitoli di libri

1. G. Fiscon, **E. Weitschek**: [String-Matching and Alignment Algorithms for Finding Motifs in NGS data](#). In Algorithms for Next-Generation Sequencing Data (Techniques, Approaches, and Applications), Elloumi M (Ed.), Springer, 2017.
2. **E. Weitschek**, G. Fiscon, V. Fustaino, G. Felici, P. Bertolazzi: [Clustering and Classification Techniques for Gene Expression Profiles Pattern Analysis](#). In Pattern Recognition in Computational Molecular Biology: Techniques and Approaches, Elloumi M, Zomaya AY eds., Wiley Series in Bioinformatics, Wiley, 2015.

Rapporti tecnici

1. **E. Weitschek**, G. Fiscon, V. Fustaino, G. Felici, P. Bertolazzi: *Analysis of microarray and RNA-sequencing gene expression profiles through clustering and classification techniques*. IASI-CNR, R. 14-11, 2014

2. G. Fiscon, **E. Weitschek**, P. Bertolazzi, M.C. De Cola, S. De Salvo, P. Bramanti, G. Felici: *EEG signals analysis to detect Alzheimer's disease patients*. IASI-CNR, R. 14-10, 2014
3. **E. Weitschek**, I. Arisi, G. Felici, P. Bertolazzi, *Knowledge extraction in clinical data*. IASI-CNR, R. 13-20, 2013.
4. **E. Weitschek**, G. Felici, P. Bertolazzi: *Microarray Logic Analyzer Software*. IASI-CNR, R. 13-18, 2013.
5. **E. Weitschek**, G. Fiscon, G. Felici: *Supervised Learning Meets DNA Barcoding Species Classification*. IASI-CNR, R. 13-16, 2013.
6. **E. Weitschek**, D. Polychronopoulos, Y. Almirantis, G. Felici: *Conserved non coding elements classification*. IASI-CNR, R. 13-15, 2013.
7. **E. Weitschek**, D. Santoni, M.C. De Cola, G. Felici: *About similarity of DNA reads*. IASI-CNR, R. 13-17, 2013.
8. G. Felici, **E. Weitschek**: *Mining Logic Models in the Presence of Noisy Data*. IASI-CNR, R. 11-25, 2011.
9. **E. Weitschek**, R. van Velzen, G. Felici: *Species classification using DNA Barcode sequences: A comparative analysis*. IASI-CNR, R. 11-07, 2011.
10. **P. Bertolazzi**, G. Felici, E. Weitschek, G. Drovandi, A. Lo Presti, M. Ciccozzi, M. Ciotti: *Human Polyomaviruses genome analysis by logic mining techniques*, IASI-CNR, R. 10-23, 2010.

Tesi di dottorato

1. E. Weitschek. *Logic mining techniques for biological data analysis and classification*. Roma Tre University, 2013

Relatore presso i seguenti convegni internazionali con pubblicazione dell'abstract:

1. **E. Weitschek**, F. Cumbo, E. Cappelli, G. Felici: [Genomic data integration: A case study on next generation sequencing of cancer](#). In Database and Expert Systems Applications (DEXA), 27th International Workshop on Biological Knowledge Discovery, IEEE, Porto (Portugal), September, 2016
2. **E. Weitschek**, G. Fiscon, V. Cestarelli, P. Bertolazzi, G. Felici: [LAF Barcoding: classifying DNA Barcode multi-locus sequences with feature vectors and supervised approaches](#). In Twelfth international meeting on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics (CIBB), pp.1-6, ISBN: 9788890643798, **Naples (Italy)**, September, 2015
3. **E. Weitschek**, G. Fiscon, G. Felici, P. Bertolazzi: [GELA: a software tool for the analysis of gene expression data](#). In Database and Expert Systems Applications (DEXA), 26th International Workshop on Biological Knowledge Discovery, pp. 31-35, ISSN: 1529-4188/15, doi: 10.1109/DEXA.2015.26, IEEE, **Valencia (Spain)**, September, 2015.
4. **E. Weitschek**, G. Fiscon, P. Bertolazzi, G. Felici: [Classifying DNA barcode multi-locus sequences with feature vectors and supervised approaches](#). GENOME, 58(5), pp. 295-295, doi:10.1139/gen-2015-0087, **Ottawa (Canada)**, August, 2015
5. **E. Weitschek**, G. Fiscon, G. Felici: *Extracting multiple adjacent classification solutions from viral genomic sequences with a MIP feature selection technique*. *European conference for Operational Research*, **Glasgow (Scotland, UK)**, 2015.
6. G. Fiscon, **E. Weitschek**, P. Bertolazzi, G. Felici: *Alzheimer's disease patients classification through EEG signals processing*. *Intelligent Systems for Molecular Biology*, **Dublin (Ireland, UK)**, 2015.
7. G. Fiscon, **E. Weitschek**, G. Felici, P. Bertolazzi, S. De Salvo, P. Bramante, M.C. De Cola: *Alzheimer's disease patients classification through EEG signals processing*. *SSCI 2014 - IEEE Symposium Series on Computational Intelligence and Data Mining*. **Orlando, USA**, 2014.
8. G. Fiscon, **E. Weitschek**, M.C. De Cola, S. De Salvo, P. Bramanti, P. Bertolazzi, G. Felici: *EEG signals analysis to detect Alzheimer's disease patients (Poster)*. *Bringing Math To Life Workshop*. **Naples, Italy**, 2014.
9. E. Weitschek, G. Fiscon, G. Felici, P. Bertolazzi: *From structural bioinformatics to integrative systems biology*. *Nettab 2014 Workshop*. **Turin, Italy**, 2014.
10. **E. Weitschek**, F. Cunial, G. Felici: *Classifying bacterial genomes on k-mer frequencies with compact logic formulas*. *Database and Expert Systems Applications (DEXA), 2014 25th International Workshop on Biological Knowledge Discovery*. IEEE. **Munich, Germany**, 2014.
11. **E. Weitschek**, G. Felici *Rule based analysis of genomic sequences*. *CBBM 2014, IV EURO WG Conference on Operational Research in Computational Biology, Bioinformatics and Medicine*. **Biedrusko (Poznan), Poland**, 2014.
12. **E. Weitschek**, G. Fiscon, G. Felici: *Supervised DNA Barcode species classification: analysis, comparison and results*. *5th International Barcode of Life Conference*. **Kunming, China**, 2013.
13. **E. Weitschek**, G. Felici, P. Bertolazzi: *Clinical data mining: problems, pitfalls and solutions*. In *Database and Expert Systems Applications (DEXA), 2013 24th International Workshop on Biological Knowledge Discovery*. IEEE. **Prague, Czech Republic**, 2013.
14. **E. Weitschek**, D. Santoni, M.C. De Cola, G. Felici: *On the validity of alignment free distance for DNA reads comparison*. (Poster). *Intelligent Systems for Molecular Biology*. **Berlin, Germany**, 2013.

15. **E. Weitschek**, M.C.De Cola, D. Santoni, G. Felici: Filtering with alignment free distances for high throughput DNA reads assembly. *26th European Conference on Operational Research*. **Rome, Italy**, 2013.
16. M.C. De Cola, G. Felici, D. Santoni, **E. Weitschek**: next generation sequencing reads filtering with alignment free distances (Poster). 4th Bari Workshop: Next Generation Sequencing & Epigenomics. **Bari, Italy**, 2012
17. **E. Weitschek**, G. Felici, P. Bertolazzi: Mala: A microarray clustering and classification software. In *Database and Expert Systems Applications (DEXA), 2012 23rd International Workshop on Biological Knowledge Discovery* (pp. 201-205). IEEE. **Vienna, Austria**, 2012.
18. **E. Weitschek**, M.C. De Cola, G. Drovandi, G. Felici, P. Bertolazzi: Alignment free high throughput DNA reads filtering with GPGPU computing (Poster). *Intelligent Systems for Molecular Biology*. **Long Beach, USA**, 2012.
19. **E. Weitschek**, R. van Velzen, G. Felici: Species classification with DNA Barcode sequences. *DNA Barcoding: quali prospettive per l'Italia*. **Modena, Italy**, 2012.
20. **E. Weitschek**, R. van Velzen, G. Felici: Species classification using DNA Barcode sequences: A comparative analysis. *4th International Barcode of Life Conference*. **Adelaide, Australia**, 2011.
21. **E. Weitschek**, G. Felici, P. Bertolazzi: DMB: novel software tools for logic data mining in bioinformatics. *Intelligent Systems for Molecular Biology*. **Vienna, Austria**, 2011.
22. **E. Weitschek**, G. Felici, G. Drovandi, P. Bertolazzi: Updates in logic mining for bioinformatics. *AIRO Winter 2011 International Conference*. **Cortina D'Ampezzo, Italy**, 2011
23. **E. Weitschek**: BLOG 2.0: a DNA Barcoding classification software. *Second meeting of the DNA barcode of life data analysis working group*. **Chicago, USA**, 2011.
24. I. Arisi, M. D'Onofrio, R. Brandi, A. Cattaneo, G. Drovandi, G. Felici, **E. Weitschek**, P. Bertolazzi, S. Brancorsini, S. Ercolani, F. Mangialasche, P. Mecocci: New diagnostic model for the early diagnosis of Alzheimer's Disease and other dementias, based on Logic Mining of clinical variables (Poster). *10th International Conference on Alzheimer's & Parkinson's Diseases*. **Barcelona, Spain**, 2011.
25. **E. Weitschek**: BLOG: a DNA Barcoding classification software. *First meeting of the DNA barcode of life data analysis working group*. **Chicago, USA**, 2009.

Revisioni

Revisore di molteplici articoli scientifici per le seguenti riviste peer reviewed ed internazionali, libri e convegni:

1. Bioinformatics
2. Computer Methods and Programs in Biomedicine
3. Eurasip Journal on Bioinformatics and Systems Biology
4. PeerJ
5. Biotechnology Progress
6. BioData Mining
7. International Journal of Environmental Research and Public Health
8. The Computer Journal
9. Methods in Ecology and Evolution
10. Plos One
11. Health Informatics Journal
12. Molecular Ecology Resources
13. Wiley Series in Bioinformatics
14. Springer books
15. DEXA 2015
16. DEXA 2014

PATENTI:

1. patente di guida A e B (motocicli ed autovetture)
2. patente nautica vela e motore oltre le 12M

Il sottoscritto dichiara inoltre di essere informato, ai sensi e per gli effetti di cui all'art. 20 del D.Lgs 30.6.2003 n. 196, che il trattamento dei dati sensibili e giudiziari forniti dai candidati è strettamente strumentale all'esecuzione del rapporto contrattuale e deriva anche da obblighi di legge di natura fiscale e previdenziale.

Roma, li 18-09-2017