

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	Piazza Verdi 6a 00198 Roma
Telefono/Telephone	***
E-mail	emanuel.weitschek@agcm.it
Nazionalità/Nationality	Italiana
Luogo e data di nascita/ Place and Date of birth	***

ATTIVITA' LAVORATIVE:

Funzionario scientifico presso l'Autorità Garante della Concorrenza e del Mercato (AGCM).

data 01-09-2018 periodo di attività dal 01-09-2018 ad oggi

svolta presso l'**Ufficio del Chief Economist dell'Autorità Garante delle Concorrenza e del Mercato** con funzioni di data scientist. Principali mansioni: acquisizione, analisi e integrazione di dati economici, progettazione e gestione delle richieste di informazioni online, supporto alle concentrazioni con i Geographic Information Systems, consulenza tecnica informatica nei procedimenti istruttori, portabilità dei dati, ispezioni informatiche e sperimentazione dell'applicazione del machine learning a tematiche di concorrenza e tutela del consumatore.

Professore a contratto di Big Data 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 01-10-2019 periodo di attività dal 01-10-2019 a oggi

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

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 al 31-08-2018

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 "Reingegnerizzazione degli algoritmi di classificazione precedentemente sviluppati presso l'istituto, l'analisi comparativa di algoritmi di feature selection e la supervisione della progettazione di nuove metodologie di integrazione e classificazione di big data."

Data 19/04/2018 periodo di attività dal 19/04/2018 al 31/08/2018

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 "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 machine learning** 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) Software per la gestione delle richieste di informazioni online presso l'Autorità Garante della Concorrenza e del Mercato. Il software è basato su un framework opensource ed interfacciato con la posta elettronica certificata ed il protocollo.
- 2) BigBioCl, un software di classificazione basato su alberi di decisione per l'estrazione di soluzioni multiple ed alternative. Il software è stato applicato a dati biomedici di metilazione del DNA. Il software è scritto in JAVA, Apache Mlib ed Apache Hadoop ed è disponibile su <https://github.com/fcproj/BIGBIOCL>
- 3) 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>
- 4) 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>
- 5) 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>
- 6) 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>
- 7) 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) Progetto Europeo Marie Curie: Legality Attentive Data Scientists (prof. Giovanni Comandé); 2021
- 2) Progetto Europeo ERC advanced grant **GeCo**: Genomic Computing (prof. Stefano Ceri); 2017
- 3) Progetto Europeo Erasmus+ **IoT**: Internet of Things (ing. Dario Assante); 2017
- 4) Progetto Europeo Erasmus+ **InCloud**: Cloud Computing (ing. Dario Assante); 2015-2017
- 5) Progetto PRIN **Gendata** 2020: Modellazione ed interscambio di dati genomici (prof. Stefano Ceri); 2013 - 2015
- 6) Progetto Bandiera CNR **Interomics** (dott.ssa Paola Bertolazzi); 2012 - 2016
- 7) Progetto MIUR **Sysbio** (dott.ssa Paola Bertolazzi); 2014 - 2015
- 8) 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

Responsabile dei seguenti progetti di ricerca:

Responsabile scientifico del contratto di ricerca “Estrazione, integrazione e conversione di big data biomedici estratti dal database pubblico Genomic Data Commons” affidato dal Dipartimento di Elettronica, Informazione e Bioingegneria (DEIB) del Politecnico di Milano all’Università Telematica Uninettuno nell’ambito del progetto ERC Advanced Grant 693174 “Data Driven Genomic Computing”.

Il contratto di ricerca è stato di durata semestrale, si è svolto dal 22 settembre 2017 al 22 marzo 2018 ed ha consentito di attivare due borse di collaborazione presso Uninettuno per attività di ricerca, sviluppo ed integrazione dati.

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 70 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) 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) dell'Ing. Giulia Fiscon, 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 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 al 2018.

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 al 2018.

FORMAZIONE

ABILITAZIONE SCIENTIFICA NAZIONALE ALLE FUNZIONI DI PROFESSORE UNIVERSITARIO DI II FASCIA IN INGEGNERIA INFORMATICA

Settore concorsuale 09/H1 Settore scientifico disciplinare ING-INF/05

data **26-07-2018** validità *dal 26-07-2018 al 26-07-2028*

rilasciato da **MINISTERO UNIVERSITÀ E RICERCA**

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**

PUBBLICAZIONI

Publicazioni su riviste scientifiche peer reviewed ed internazionali

1. D. Pirrone, **E. Weitschek**, P. Di Paolo, S. De Salvo, M.C. De Cola: [EEG Signal Processing and Supervised Machine Learning to Early Diagnose Alzheimer's Disease](#). *Applied Sciences*, 12 (11), 5413, 2022.
2. S. Azzolina, M. Razza, K. Sartiano, **E. Weitschek**: [Price Discrimination in the Online Airline Market: An Empirical Study](#). *Journal of Theoretical and Applied Electronic Commerce Research*, 16 (6), 2282, 2021.
3. F. Cumbo, E. Cappelli, **E. Weitschek**: [A brain-inspired hyperdimensional computing approach for classifying massive dna methylation data of cancer](#). *Algorithms* 13 (9), 233, 2020.
4. E. Cappelli, F. Cumbo, A. Bernasconi, A. Canakoglu, S. Ceri, M. Masseroli, **E. Weitschek**: [OpenGDC: unifying, modeling, integrating cancer genomic data and Clinical Metadata](#). *Applied Sciences* 10 (18), 6367, 2020.
5. V. Morfino, S. Rampone, **E. Weitschek**: [SP-BRAIN: scalable and reliable implementations of a supervised relevance-based machine learning algorithm](#). *Soft Computing*, 1-18, 2019.
6. E. Cappelli, G. Felici, **E. Weitschek**: [Combining DNA methylation and RNA sequencing data of cancer for supervised knowledge extraction](#). *BioData mining*, 11 (1), 1-23, 2018
7. **E. Weitschek**, S. Di Lauro, E. Cappelli, P. Bertolazzi, G. Felici: [CamurWeb: a classification software and a large knowledge base for gene expression data of cancer](#). *BMC Bioinformatics* 19 (10), 39-50, 2018.
8. G Ficon, **E. Weitschek**, A Cialini, G Felici, P Bertolazzi, S De Salvo, A. Bramanti, P. Bramanti, M.C. De Cola: [Combining EEG signal processing with supervised methods for Alzheimer's patients classification](#). *BMC Medical Informatics and Decision Making* 18 (35), 2018.
9. F. Celli, F. Cumbo, **E. Weitschek**: [Classification of Large DNA Methylation Datasets for Identifying Cancer Drivers](#). *Big Data Research*, 10.1016/j.bdr.2018.02.005, 2018.
10. 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
11. F. Cumbo*, G. Ficon*, 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).
12. G Ficon*, **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).

13. 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).
14. 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
15. 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
16. 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
17. **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
18. **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.
19. 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).
20. **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).
21. **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.
22. **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.
23. 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.
24. 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.
25. 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.
26. 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**: [An In-Memory Cognitive-Based Hyperdimensional Approach to Accurately Classify DNA-Methylation Data of Cancer](#). *International Conference on Database and Expert Systems Applications*, 3-10, 2020.
2. E. Cappelli, **E. Weitschek**, F. Cumbo: [Extending Knowledge on Genomic Data and Metadata of Cancer by Exploiting Taxonomy-Based Relaxed Queries on Domain-Specific Ontologies](#). *International Meeting on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics*, 33-43, Springer, Cham, 2019.
3. E. Cappelli, **E. Weitschek**, F. Cumbo: [Smart persistence and accessibility of genomic and clinical data](#). *International Conference on Database and Expert Systems Applications*, 8-14, 2019
4. N. Guannoni, F. Mhamdi, E. Weitschek, M. Elloumi: [Novel algorithm to extract multiple solutions for RNA sequence classification problem](#). *International Conference on High Performance Computing & Simulation*, 856-863, IEEE, 2019.
5. G. Fiscon, **E. Weitschek**, M.C. De Cola, G. Felici, P. Bertolazzi: [An integrated approach based on EEG signals processing combined with supervised methods to classify Alzheimer's disease patients](#). *International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM)*, 2750-2752, IEEE, 2018.
6. **E. Weitschek**, F. Cumbo, E. Cappelli, G. Felici, P. Bertolazzi: [Classifying big DNA methylation data: a gene-oriented approach](#). *International Conference on Database and Expert Systems Applications*, 138-149, Springer, Cham, 2018.
7. E. Cappelli, E. Weitschek: [Extending the genomic data model and the genometric query language with domain taxonomies](#). *International Conference on Web Engineering*, 567-574, Springer, Cham, 2017
8. 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.

9. 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.
10. 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.
11. **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.
12. 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.
13. **E. Weitschek**, G. Fison, 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
14. **E. Weitschek**, G. Fison, 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.
15. **E. Weitschek**, G. Fison, 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.
16. G. Fison*, **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).
17. **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.
18. **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.
19. **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.
20. 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. V. Morfino, S. Rampone, E. Weitschek: [A Comparison of Apache Spark Supervised Machine Learning Algorithms for DNA Splicing Site Prediction](#). *Neural Approaches to Dynamics of Signal Exchanges*, 133-143, 2020.
2. G. Fison, **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.
3. **E. Weitschek**, G. Fison, 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. Fison, 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. Fison, **E. Weitschek**, P. Bertolazzi, M.C. De Cola, S. De Salvo S, 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. Fison, 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 numerosi convegni nazionali e internazionali

Principali tematiche:

Machine Learning, Data Science, Intelligenza Artificiale, Big Data, Bioinformatica, Portabilità dei dati, Intelligenza Artificiale e Antitrust

Editor

Editor della rivista Soft Computing

Revisore

Revisore di molteplici articoli scientifici per riviste scientifiche internazionali, libri e convegni.

Patenti

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

Roma, li 15 febbraio 2023

Emmanuel Weitschek