

Curriculum vitae

INFORMAZIONI PERSONALI

Nome **PIRASTU NICOLA**
E-mail **nicola.pirastu@fht.org**

Nazionalità Italiana

ESPERIENZE LAVORATIVE

- Date (da – a) **DICEMBRE 2021 – OGGI**
- Nome e indirizzo del datore di lavoro Human Technopole
- Tipo di azienda o settore Istituto Ricerca
- Tipo di impiego Senior Manager biostatistics Unit
- Principali mansioni e responsabilità
 - Gestione dell'unità di biostatistica
 - Supporto analisi statistiche genetiche
 - Supporto disegno di studi di coorte

- Date (da – a) **MAGGIO 2016 – NOVEMBER 2021**
- Nome e indirizzo del datore di lavoro University of Edinburgh- Usher Institute of Population Health Sciences & Informatics
- Tipo di azienda o settore Università
- Tipo di impiego Chancellor's Fellow (Assistant Professor, Tenure Track)
- Principali mansioni e responsabilità
 - Identificazione delle varianti genetiche che determinano tratti quantitative in popolazioni isolate e non con particolare interesse nei per le preferenze alimentari.
 - Studi di associazione su tutto il genoma utilizzando I dati provenienti da Uk Biobank con particolare interesse per la Alopecia Androgenetica e I consume alimentari.
 - Studio dei rapport causali tra fattori di rischio e malattia utilizzando il "Mendelian Randomization" con particolare interesse per la longevità e le malattie cardiovascolari.
 - Supervisor di studenti di dottorato (3+1)
 - Tutoring of di studenti di Master (1 2017, 1 2018, 1 2020)
 - Insegnamento nel corso di epidemiologia genetica all'interno del "Masters of Public Health"

- Date (da – a) **OTTOBRE 2010 – OTTOBRE2015**
- Nome e indirizzo del datore di lavoro Università degli Studi di Trieste
- Tipo di azienda o settore Università
- Tipo di impiego Ricercatore TD/Assignista
- Principali mansioni e responsabilità
 - Analisi di dati genetici in popolazioni isolate.
 - Analisi di associazione per identificare le varianti genetiche che sottendono a diversi tratti complessi legati all'alimentazione quali: preferenze alimentari, consumo di caffè, consumo di zucchero.

Analisi di associazione per l'identificazione dei geni che determinano la diversa sensibilità a diversi composti amari quali il PROP, la caffeina e il caffè.

Studio descrittivo della relazione delle preferenze alimentari di 10 alimenti con tratti legati sia alla salute che ai tratti della personalità.

Studio di associazione genome wide della relazione tra varianti genetiche e la malattia parodontale.

Numerose collaborazioni internazionali all'interno di diversi consorzi volti all'identificazione delle varianti genetiche sottendenti a tratti quantitativi.

Sviluppo di metodi statistici per l'analisi di associazione per gene o locus.

Sviluppo di metodi statistici per l'analisi di associazione caso controllo in campioni non indipendenti.

Organizzazione di 2 campagne di campionamento in 2 popolazioni isolate Italiane (FVG e VB)

Sviluppo di pipelines e pacchetti di R per gli studi di associazione.

Tutoring Studenti e Dottorandi.

- Date (da – a)
- Nome e indirizzo del datore di lavoro
- Tipo di azienda o settore
 - Tipo di impiego
- Principali mansioni e responsabilità

APRILE 2011

Beverly Tepper

Rutgers University New Brunswick NJ

Università

Visiting Scientist

Analisi della relazione tra sensibilità dell'amaro e preferenze alimentari.

- Date (da – a)
- Nome e indirizzo del datore di lavoro
- Tipo di azienda o settore
 - Tipo di impiego
- Principali mansioni e responsabilità

APRILE 2009 – OTTOBRE 2010

Università degli Studi di Trieste

Università

Assignista

Analisi di dati genetici in popolazioni isolate.

Analisi di associazione genome wide volte a identificare le varianti genetiche che sottendono ai tratti quantitativi e qualitativi complessi. Identificazione delle varianti genetiche associate alle preferenze alimentari utilizzando 3 popolazioni isolate: Carlantino, Friuli Venezia Giulia e Val Borbera.

Coordinatore del consorzio internazionale GEAR volto all'identificazione delle varianti genetiche associate all'udito e alla presbiacusia. Il consorzio comprende oltre che gli isolati di Carlantino e Friuli Venezia Giulia anche Talana (Sardegna), SPLIT e KORCULA (Croazia).

Analisi di dati genetici in relazione a diversi tratti quantitativi in collaborazione con diversi consorzi internazionali quali: HeamGEN (conta piastrinica e volume piastrinico medio), CHARGE (pressione sanguigna, tratti del globulo rosso e tratti della serie bianca del sangue).

Identificazione tramite analisi di linkage di mutazioni causanti forme di sordità dominante all'interno di due famiglie estese.

Analisi della struttura genetica delle popolazioni del Friuli Venezia Giulia e comparazione con le popolazioni europee in collaborazione con il Professor Andres Metspalu, M.D., Ph.D. Direttore del Estonian Genome Center University of Tartu.

Analisi di associazione genomewide per l'identificazione delle varianti tratti quantitativi sierologici ematologici e antropometrici con comparazione dei risultati all'interno del consorzio italiano INGI (italian network genetic isolates).

Sviluppo in collaborazione con il Dott. Stefano Cabras dell'Università degli Studi di Cagliari di un metodo statistico per la definizione di un modello predittivo delle malattie/tratti complessi basato su ensemble di alberi di regressione che utilizzi contemporaneamente tutte le varianti genetiche presenti nel genoma importanti per la definizione del tratto e le variabili ambientali.

- Date (da – a)
 - Nome e indirizzo del datore di lavoro
 - Tipo di azienda o settore
 - Tipo di impiego
 - Principali mansioni e responsabilità
- APRILE 2010**
Erasmus MC Rotterdam
- Università
Visiting Scientist
Creazione di un metodo statistico per la stima dei coefficienti di regressione logistica in campioni con legami di parentela noti. In collaborazione con il Dott. Yurii Aulchenko.
-
- Date (da – a)
 - Nome e indirizzo del datore di lavoro
 - Tipo di azienda o settore
 - Tipo di impiego
 - Principali mansioni e responsabilità
- DICEMBRE 2005 - DICEMBRE 2009**
Shardna spa Edificio 3 Località Piscina Manna 09010 Pula (CA)
- Società di Biotecnologie
Ricercatore a progetto
Analisi di linkage e associazione di dati genetici in popolazioni isolate con particolare riferimento all'Ipertensione e Alopecia Androgenetica.
Analisi di associazione e linkage di tratti quantitativi sierologici ematologici e antropometrici.
Genetica di popolazione con particolare riferimento alla comparazione di pattern di Linkage Disequilibrium di 8 popolazioni isolate dell'Ogliastra.
Nuovi approcci statistici allo studio dei fattori genetici predisponenti alle malattie complesse, in particolare utilizzo della tecnica Random Forest per l'identificazione delle varianti predittive delle patologie complesse e del metodo Ungherese, applicato agli studi caso-controllo, per la ottimale selezione dei campioni in base alla parentela.
-
- Date (da – a)
 - Nome e indirizzo del datore di lavoro
 - Tipo di azienda o settore
 - Tipo di impiego
 - Principali mansioni e responsabilità
- FEBBRAIO 2006 - DICEMBRE 2008**
Università degli Studi di Cagliari
- Università
Dottorando
Identificazione di una variante genetica del gene EDA2R protettiva rispetto all'Alopecia Androgenetica. Identificazione di un possibile effetto epistatico tra questa e il gene del recettore degli androgeni (AR).

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

- Date (da – a) Ottobre 1997 - Luglio 2005
 - Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione Laurea in Scienze Biologiche
Votazione 110/110 e lode
Università degli Studi di Cagliari
 - Tesi dal titolo Analisi di Linkage Disequilibrium tramite un nuovo metodo high-throughput per la genotipizzazione degli SNPs
-
- Date (da – a) Agosto 2006-Dicembre2008
 - Nome e tipo di istituto di istruzione o formazione Dottorato in Biologia Animale, Molecolare e dell'Uomo
Votazione: Ottimo
Università degli Studi di Cagliari
 - Tesi dal titolo Approcci statistici alle malattie complesse: Identificazione di varianti geniche associate all'Alopecia Androgenetica.

LINGUA NATIVA

ITALIANA

ALTRE LINGUE

- Lettura
- Scrittura
- Orale

INGLESE

ECCELLENTE

ECCELLENTE

ECCELLENTE

**CAPACITÀ E COMPETENZE
TECNICHE
CON COMPUTER, ATTREZZATURE
SPECIFICHE, MACCHINARI, ECC.**

Analisi di linkage parametrico e non parametrico in pedigree estesi tramite i software Simwalk, Merlin.

Analisi di associazione di varianti geniche e tratti complessi in popolazioni isolate e non tramite l'utilizzo di software quali MERLIN, GenABEL, R.

Analisi di genetica di popolazione e pattern di LD. Scripting in R. Analisi di pathways tramite GRAIL e IPA.

Analisi statistica di dati quantitativi e qualitativi. Utilizzo di database pubblici quali Ensemble, BioMart, NCBI.

Utilizzo di sistemi di Machine Learning per la predizione di rischio utilizzando variabili genetiche e non genetiche.

Simulazioni di tratti quantitativi e qualitativi.

BREVETTI

Autori: Pirastu, Nicola (Pula, IT), Pirastu, Mario (Pula, IT), Prodi, Dionigi Antonio (Pula, IT)

Anno: 2010

Titolo: METHOD TO ASSESS SUSCEPTIBILITY TO ANDROGENIC ALOPECIA

Nazione: Stati Uniti

Intestataro: SHARDNA S.P.A. (Pula - Cagliari, IT)

Numero: 20100028869

URL: <http://www.freepatentsonline.com/y2010/0028869.html>

CONSULENZE

Diana Pet food: “ Association study to understand the impact of taste receptor genetics on food preferences in cats”

ABILITAZIONI

Abilitato ASN Seconda Fascia Settore Concorsuale 05/I1 Genetica valida dal 12/04/2017 al 12/04/2023

- 64: Taba et al. "Mendelian randomization identifies the potential causal impact of dietary patterns on circulating blood metabolites" bioRxiv 2020.10.09.332924
- 63: Gerkin et al "Recent smell loss is the best predictor of COVID-19: a preregistered, cross-sectional study" medRxiv. 2020
- 62: Parma et al "More Than Smell-COVID-19 Is Associated With Severe Impairment of Smell, Taste, and Chemesthesis" Chem Senses. 2020
- 61: Pirastu et al. "Genetic analyses identify widespread sex-differential participation bias" bioRxiv 2020.03.22.001453, Accepted Nature Genetics.
- 60: Pirastu et al. "Using genetics to disentangle the complex relationship between food choices and health status" bioRxiv 829952, Under review PNAS.
- 59: Kennedy et al. "Coffee Consumption and Kidney Function: A Mendelian Randomization Study" Am J Kidney Dis. 2019
- 58: Clark et al. "Associations of autozygosity with a broad range of human phenotypes." Nat Commun. 2019
- 57: Tin et al. "Target genes, variants, tissues and transcriptional pathways influencing human serum urate levels." Nat Genet. 2019
- 56: Wuttke et al. "A catalog of genetic loci associated with kidney function from analyses of a million individuals." Nat Genet. 2019
- 55: Karlsson Linnér et al. "Genome-wide association analyses of risk tolerance and risky behaviors in over 1 million individuals identify hundreds of loci and shared genetic influences." Nat Genet. 2019
- 54: Bevilacqua et al. "Genome-wide association study identifies an association between variants in EFCAB4B gene and periodontal disease in an Italian isolated population." J. Periodontal Res. 2018
- 53: Lee et al: "Gene discovery and polygenic prediction from a genome-wide association study of educational attainment in 1.1 million individuals." Nat Genet. 2018 Jul 23
- 52: Pirastu et al. "Reply to 'Misestimation of heritability and prediction accuracy of male-pattern baldness'." Nat Commun. 2018 Jun 29
- 51: Pirastu N. et al. "GWAS for male-pattern baldness identifies 71 susceptibility loci explaining 38% of the risk." Nat Commun. 2017 Nov 17
- 50: Joshi PK, Pirastu N et al. "Genome-wide meta-analysis associates HLA-DQA1/DRB1 and LPA and lifestyle factors with human longevity. Nat Commun. 2017 Oct 13
- 49: Zupin L. et al. "LTF and DEFB1 polymorphisms are associated with susceptibility toward chronic periodontitis development." Oral Dis. 2017 Oct.

- 48: Monteleone E et al. "Exploring influences on food choice in a large population sample: The Italian Taste project" Food Quality and Preference July 2017
- 47: Schumann G et al. "KLB is associated with alcohol drinking, and its gene product β -Klotho is necessary for FGF21 regulation of alcohol preference." Proc Natl Acad Sci U S A. 2016 Dec 13
- 46: Navarra CO et al. "Caries and Innate Immunity: DEFB1 Gene Polymorphisms and Caries Susceptibility in Genetic Isolates from North-Eastern Italy." Caries Res.2016
- 45: Marioni RE et al. "Genetic variants linked to education predict longevity." Proc Natl Acad Sci U S A. 2016 Nov 22
- 44: Pirastu N. et al. "Non-additive genome-wide association scan reveals a new gene associated with habitual coffee consumption." Sci Rep. 2016 Aug
- 43: McCarthy S. et al. "A reference panel of 64,976 haplotypes for genotype imputation." Nat Genet. 2016 Oct
- 42: Masi et al. "Caffeine metabolism rate influences coffee perception, preferences and intake" Food Quality and Preference Oct 2016
- 41: Okbay, A. et al. "Genome-wide association study identifies 74 loci associated with educational attainment" Nature. 2016 May
- 40: Pirastu N et al. "A Genome-Wide Association Study in isolated populations reveals new genes associated to common food likings". Rev Endocr Metab Disord. 2016 Apr 30.
- 39: Robino A et al. "Understanding the role of personality and alexithymia in food preferences and PROP taste perception." Physiol Behav. 2016 Apr 1;157:72-8.
- 38: Day FR et al. "Large-scale genomic analyses link reproductive aging to hypothalamic signaling, breast cancer susceptibility and BRCA1-mediated DNA repair". Nat Genet. 2015 Nov;47(11):1294-303.
- 37: Palister T et al. "Food Preference Patterns in a UK Twin Cohort". Twin Research and Human Genetics 2015 Sep 28:1-13.
- 36: Robino A, et al. "Polymorphisms in sweet taste genes (TAS1R2 and GLUT2), sweet liking, and dental caries prevalence in an adult Italian population". Genes Nutr. 2015 Sep;10(5):485.
- 35: Martin HC et al. "Multicohort analysis of the maternal age effect on recombination." Nat Commun. 2015 Aug 5;6:7846.
- 34: Pirastu N, Robino A "Uncovering the genetic basis for food preferences: the key to personalized nutrition plans?" Personalized Medicine 2015 12:4:315-317
- 33: Joshi PK et al. "Directional dominance on stature and cognition in diverse human populations." Nature. 2015 Jul 1

32. Huffman JE et al. "Modulation of genetic associations with serum urate levels by body-mass-index in humans." *PLoS One*. 2015 Mar 26;10(3):e0119752.
31. Pirastu N et al. "Genome wide association analysis on 5 isolated populations identifies variants of the HLA-DOA gene associated with white wine liking." *Eur J Hum Genet*. 2015 Mar 11.
30. Mezzavilla M et al. "Genetic landscape of populations along the Silk Road: admixture and migration patterns." *BMC Genet*. 2014 Dec 5;15(1):131. [
29. Keller MF et al. "Trans-ethnic meta-analysis of white blood cell phenotypes." *Hum Mol Genet*. 2014 Dec 20;23(25):6944-60.
28. Lisa E. Wolber et al. "Salt-inducible kinase 3, SIK3, is a new gene associated with hearing." *Hum Mol Genet*. 2014 Jul 24.
27. O'Connell J et al "A General Approach for Haplotype Phasing across the Full Spectrum of Relatedness." *PLoS Genet*. 2014 Apr 17;10(4):e1004234.
26. Pirastu N et al. "Association Analysis of Bitter Receptor Genes in Five Isolated Populations Identifies a Significant Correlation between TAS2R43 Variants and Coffee Liking." *PLoS One*. 2014 Mar 19;9(3):e92065.
25. Robino A et al. "A Population-Based Approach to Study the Impact of PROP Perception on Food Liking in Populations along the Silk Road." *PLoS One*. 2014 Mar 13;9(3):e91716.
24. Medici M et al. "Identification of novel genetic Loci associated with thyroid peroxidase antibodies and clinical thyroid disease." *PLoS Genet*. 2014 Feb 27;10(2):e1004123.
23. Moura R et al. "Exome analysis of HIV patients submitted to dendritic cells therapeutic vaccine reveals an association of CNOT1 gene with response to the treatment." *J Int AIDS Soc*. 2014 Jan 10;17(1):18938.
22. O'Seaghdha CM et al. "Meta-analysis of genome-wide association studies identifies six new Loci for serum calcium concentrations." *PLoS Genet*. 2013;9(9):e1003796.
21. Pistis G et al. "Genome wide association analysis of a founder population identified TAF3 as a gene for MCHC in humans." *PLoS One*. 2013 Jul 31;8(7):e69206.
20. Paul DS et al "Maps of open chromatin highlight cell type-restricted patterns of regulatory sequence variation at hematological trait loci." *Genome Res*. 2013 Jul;23(7):1130-41.
19. Nolan LS et al. "Estrogen-related receptor gamma and hearing function: evidence of a role in humans and mice." *Neurobiol Aging*. 2013 Aug;34(8):2077.e1-9.
18. Biino G et al. "Age- and sex-related variations in platelet count in

- Italy: a proposal of reference ranges based on 40987 subjects' data." PLoS One. 2013;8(1):e54289.
17. Köttgen A et al. "Genome-wide association analyses identify 18 new loci associated with serum urate concentrations." Nat Genet. 2012 Dec 23
 16. van der Harst P et al. "Seventy-five genetic loci influencing the human red blood cell." Nature. 2012 Dec 20;492(7429):369-75.
 15. Nürnberg ST et al. "A GWAS sequence variant for platelet volume marks an alternative DNMT3 promoter in megakaryocytes near a MEIS1 binding site. Blood." 2012 Dec 6;120(24):4859-68.
 14. Pirastu N et al. "Genetics of Food Preferences: A First View from Silk Road Populations." J Food Sci. 2012 Dec;77(12):S413-S418.
 13. Boraska V et al "Genome-wide meta-analysis of common variant differences between men and women." Hum Mol Genet. 2012 Nov 1;21(21):4805-15.
 12. Okada Y et al "Meta-analysis identifies multiple loci associated with kidney function-related traits in east Asian populations." Nat Genet. 2012 Jul 15;44(8):904-9
 11. McQuillan R et al. "Evidence of inbreeding depression on human height." PLoS Genet. 2012;8(7):e1002655.
 10. Gieger C et al. "New gene functions in megakaryopoiesis and platelet formation." Nature. 2011 Nov 30;480(7376):201-8.
 9. Girotto, G. et al. "Frequency of hearing loss in a series of rural communities of five developing countries located along the Silk Road." Audiological Medicine, 9(4), 135-140. Informa Scandinavian.
 8. Wain LV et al "Genome-wide association study identifies six new loci influencing pulse pressure and mean arterial pressure." Nat Genet. 2011 Sep 11;43(10):1005-11.
 7. Cabras S et al. "A strategy analysis for genetic association studies with known inbreeding." BMC Genet. 2011 Jul 18;12:63.
 6. Nalls MA et al "Multiple loci are associated with white blood cell phenotypes." PLoS Genet. 2011 Jun;7(6):e1002113.
 5. F. Faletra, et al "A novel mutation in the vWFA2 domain of the COCH gene in an Italian DFNA9 family," Audiological Medicine, vol. 9, no. 1, pp. 4-7, Nov. 2010.
 5. Girotto G et al. "Hearing function and thresholds: a genome-wide association study in European isolated populations identifies new loci and pathways." J Med Genet. 2011 Jun;48(6):369-74.
 4. Mocchi E et al. "Microsatellites and SNPs linkage analysis in a Sardinian genetic isolate confirms several essential hypertension loci previously identified in different populations." BMC Med Genet. 2009 Aug 28;10:81.
 3. Pistis G et al. "High differentiation among eight villages in a secluded

area of Sardinia revealed by genome-wide high density SNPs analysis.” PLoS One. 2009;4(2):e4654.

2. Prodi DA et al. “EDA2R is associated with androgenetic alopecia.” J Invest Dermatol. 2008 Sep;128(9):2268-70. Epub 2008 Apr 3.

1. Angius A et al. “Patterns of linkage disequilibrium between SNPs in a Sardinian population isolate and the selection of markers for association studies.” Hum Hered. 2008;65(1):9-22. Epub 2007 Jul 25.

COMUNICAZIONI ORALI A
CONGRESSI O PER INVITO

- “Unraveling the genetics of complex diseases through random forest: application to genome wide Association of asthma in a genetic isolate of Ogliastra”. 4th International Meeting on Genetics of complex diseases and isolated populations. Trieste 20-23 June 2009.
- “A genome-wide association study identifies new loci that underlie food preferences in Italian isolated populations.” European Chemoreception Research Organization XXI Congress, 7-10 September 2011, Manchester, UK.
- “Genetics of taste and food preferences” V International meeting on complex traits and genetic isolates Trieste 15-16 March 2012.
- “Isolated populations give new insight on food preferences genetics.” 10th Pangborn Sensory Science Symposium 11-15 August 2013 Rio de Janeiro, Brazil
- “The Italian network of genetic isolates: a resource to establish a personalized medicine framework in Italy” XVI meeting of the Italian Society of Human Genetics 25-28 September 2013 Rome
- “Food likings and isolated populations give new insight on the genetics of food choice.” 4th International Research Conference “Postgenomic methods of analysis in biology, laboratory and clinical medicine” 28 October – 1 November 2014 Kazan, Russian federation
- “Food preferences genetics: toward a new approach to understand the relationship between human nutrition and health.” GIGA day 27 January 2015 Liège Belgium
- “Novel associations for male pattern baldness provide new insights into aetiology and genetic correlations” Platform, American Society of Human Genetics 66th Annual Meeting October 18–22, 2016 Vancouver, Canada
- “Food preferences genetics: toward a new approach to understanding nutrition.” Edinburgh Alliance for Complex Trait Genetics 11th meeting – Friday 28th October, 2016
- “ The genetics of food preferences” Congresso Associazione Genetica Italiana 7-9 Settembre 2017 Cortona (Arezzo)
- “The exposural landscape of Coronary Artery Disease gives new insight in its aetiology and missing heritability.” 46th European Mathematical Genetics Meeting, Cagliari, Italy 18th to 20th April 2018
- "The genetics of food and drink consumption and correlation with health-related traits” **EuroSense 2018** 2-5 September 2018, Verona, Italy.
- The exposural landscape of Coronary Artery Disease gives new insight in its aetiology and missing heritability.” European Mathematical Genetics Meeting, Lausanne, Switzerland 16th-17th April 2020

ESPERIENZE DI INSEGNAMENTO

- Lezioni nel corso di epidemiologia genetica del “Master of Public Health” dell’Università di Edinburgo (anni 2017-2020)
- Relatore Tesi dal titolo “Do taste receptor gene variants matter for human food consumption?” per il Master in “Master of Public Health” dell’Università di Edinburgo
- Relatore Tesi dal titolo “Do taste receptor gene variants matter for human food consumption?” per il Master in “Master of Public Health” dell’Università di Edinburgo
- Relatore Tesi dal titolo “Do taste receptor gene variants matter for human food consumption?” per il Master in “Human Complex Trait Genetics” dell’Università di Edinburgo
- Relatore Tesi dal titolo “Do taste receptor gene variants matter for human food consumption?” per il Master in “Human Complex Trait Genetics” dell’Università di Edinburgo.
- Primo supervisore di Dottorato di Eryk Grzeszkowiak, progetto incentrato sulla determinazione dei fattori genetici che determinano le preferenze alimentari.
- Primo supervisore di Dottato di Ciara McDonnell all’interno del programma “ DTP in Precision Medicine” dell’università di Edinburgo e Glasgow con progetto dal titolo:” Functional characterization of genetic variants influencing human food preferences using bioinformatics and animal models”.
- Primo supervisore di Dottato di Sebastian May-Wilson all’interno del programma “ DTP in Precision Medicine” dell’università di Edinburgo e Glasgow con progetto dal titolo: ”Using integrative omics to disentangle causal relationships between tissue-specific pathways and coronary arterydisease”
- Co-supervisore di Dottato di Sebastian Marisa Mikian con progetto dal titolo: ”Tackling fundamental questions in viral epidemiology and vaccination using genomics and data science”
- “Studi di Associazione su tutto il genoma GWAS: un potente strumento per l’identificazione delle basi genetiche dei tratti complessi”
- Summer School "La genomica al servizio della Nutrizione" (Udine, 3-4 luglio 2013).
- Correlatore di tesi di Laurea Magistrale presso L’Università degli studi di Trieste nell’Anno Accademico 2011-2012 dal titolo: ”Indentificazione di varianti genetiche responsabili dell'amarezza della caffeina e del caffè nelle popolazioni isolate del Friuli Venezia Giulia”.
- Tesi vincitrice del premio “Trieste coffee cluster” per tesi legate al caffè.

- Italian Taste – Project of the Italian Society of Sensorial Sciences with the support of the “Louis Bonduelle Foundation”.
Role: Responsible for the genetic section of the project.
- Friuli Venezia Giulia Genetic Park - Regione Friuli Venezia Giulia, Legge 26/2005, Art. 23
Role: Genetic data analyst
- From Nutrigenetics to Nutraceuticals: development of synergic and integrated actions for the creation of tests, diets and products to improve public health and prevent common food related disorders.- Nutrition - (ex art. 13 DM 593/00 attuativo del D.Lgs297/99)
Role: Principal genetic and epidemiological data analyst for WP1; Organizer and manager of sampling campaigns.
- Cardiovascular diseases: from genetic and environmental risk factors to prevention through innovative nutritional components - REGIONE Friuli Venezia Giulia (POR FESR 2007-2013)
Role: Principal genetic and epidemiological data analyst.
- INGI: Identification of the genetic and environmental risk factors for quantitative complex traits (with particular focus on cardiovascular diseases) through the use of isolated genetic isolates.
Role: Genetic and epidemiological data analyst
- On Marco Polo’s Track: genes, taste and their health implications along the silk road Ricerca corrente IRCCS Burlo Garofolo Linea 2 35/09
Role: Genetic and epidemiological data analyst; On field phenotype acquisition.
- Nutrigenomica and coffee consumption: physiological effects, taste genetics and plant genetics.
Role: Third party consultant for the genetic data analysis for Illy spa.

- Nutrigenomica and coffee consumption: physiological effects, taste genetics and plant genetics.
Role: Third party consultant for the genetic data analysis for “Illy spa”.
- “Obesity prevention between genetics and physical exercise”.
Role: Third party consultant as data analyst for “Maniago Nuoto s.s.d. spa”.

In riferimento alla legge 196/2003 autorizzo espressamente l'utilizzo dei miei dati personali e professionali riportati nel mio curriculum.

Data

28/03/2018

Firma

Nicola Pirastu

Dichiarazione sostitutiva di certificazioni
(Art.46 del D.P.R. 28 dicembre 2000, n. 445)

Dichiarazione sostitutiva dell'atto di notorietà
(Art. 47 del D.P.R. 28 dicembre 2000, n. 445)

Il/La sottoscritto Nicola Pirastu nato a Cagliari il 04/10/1978 , a conoscenza di quanto prescritto dall'art. 76 del D.P.R. 28 dicembre 2000, n. 445, sulla responsabilità penale cui può andare incontro in caso di falsità in atti e di dichiarazioni mendaci, ai sensi e per gli effetti del citato D.P.R. n. 445/2000 e sotto la propria personale responsabilità:

DICHIARA

che tutto quanto affermato e riportato nel curriculum corrisponde al vero.

Letto, confermato e sottoscritto.

Monza, li 17/10/2023

IL/LA DICHIARANTE

Nicola Pirastu