
БІЛЯК РОМАН

Телефон: +38(063)18-30-828

Email: Roman_biliak@i.ua

LinkedIn: [Roman Biliak](#)

GitHub: [RomaBiliak](#)

ПРО МЕНЕ

Під час навчання писав наукові роботи і займався аналізом даних. Після закінчення навчання не залишався на місці а завжди вивчав щось нове. Фізичний факультет навчив вчитися. Тому і зараз шукаю нові складні і цікаві проекти де можна розвиватись.

Готовий змінити або вивчити додатковий стек технологій, якщо це буде необхідно. На даний момент вивчаю GO і написав невеликий проект для себе.

ДОСВІД РОБОТИ

2019 -

Tickets Travel Network

Підтримка і розвиток сервісу продажу квитків, додання нового функціоналу і провайдерів. На дані позиції починаю використовувати ще й RUBY

BACKEND DEVELOPER

2017 - 2019

IT WBE

Розробка і підтримка сервісів по збору і аналізу даних, написання REST API сервісів. Створення магазинів на OpenCart, написання модулів під дану ЦМС.

FULL STACK DEVELOPER

ОСВІТА

09.2009 - 07.2015

Львівський національний університет імені Івана Франка
Біологічний факультет. Кафедра генетики та біотехнологій.

МАГІСТР

09.2009 - 07.2014

Львівський національний університет імені Івана Франка
Фізичний факультет. Фізика конденсованого стану.

СПЕЦІАЛІСТ

НАВИКИ

МОВИ	БАЗИ ДАНИХ	ФРЕЙМВОРКИ	ІНШЕ
PHP GO JavaScript Ruby	MySQL Postgres SQLite Redis Memcached	Phalcon Framework Laravel Lumen Kohana Ruby on rails Angular Angular Material 2 Zurb Foundation	Git Linux Opencart jQuery

ВЛАСНІ ПРОЕКТИ

[TRINITY](#) - сервіс для дослідження нуклеотидних послідовностей геномів. За допомогою сервісу можна отримати інформацію про: нуклеотидний, кодонний, амінокислотний, склад генів, старт і стоп кодини, розмір

генів. Дізнатись як ці гени розташовані у геномі. Обчислити індекс вживання кодонів CAI. Зробити вибірку генів по таким параметрах як розмір, присутні чи відсутні певні нуклеотиди, кодони чи амінокислоти а також за індексом CAI, післячого

можна буде викачати тільки ті гени які задовольнятимуть умову фільтра, також для цих генів буде побудовано усі графіки. У сервісі реалізована можливість дослідити геном за певним кодоном. Результатом буде як і де зустрічається даний триплет, розподіл кодонів у гені, інформація про його сусідів.

В проєкті використана моя бібліотека [js-data-plot](#).

[OLX storage](#) - це безкоштовне розширення, що дозволяє Вам відстежувати зміни в обраних оголошеннях. Збереження усіх обраних оголошень. Моніторинг ціни. Побудова графіку динаміки зміни ціни.