

## Алиев Айдар — Data Engineer



### Инженер данных / Аналитик данных

Python | SQL | Linux

Airflow | PostgreSQL | Pandas | PySpark | scikit-learn | Bash | R

Проживание: Москва, Россия

 [Скачать полное резюме](#)

---

### Абстракт

- Более 14 лет опыта работы с данными
  - Промышленный опыт построения ETL на Airflow + PostgreSQL для крупных проектов (ВТБ)
  - Уверено владею Linux, SQL и Python, есть опыт CI/CD и контейнеризации
  - Ищу развитие в **Data Engineering**, также открыт к **ML Engineering** и **Data Analytics**
- 

### Проекты на GitHub

- Jupyter ноутбуки с проектами по анализу данных, машинному и глубокому обучению
  - Проекты на PostgreSQL (сложные запросы, пользовательские типы данных, скрипты и хранимые рутинны на PL/pgSQL, плагины, проектирование БД, триггеры, оптимизация запросов)
- 

### Опыт работы

#### Иннотех, Группа компаний

Москва • Ноябрь 2022 — настоящее время

Ведущий российский интегратор IT-решений для корпоративного сектора

#### Разработчик ETL-процессов (Data Engineer)

##### Зона ответственности:

- Автоматизация ETL-процессов для проекта ВТБ на стеке Airflow + PostgreSQL.
- Рефакторинг, доработка и исправление ошибок внутренних фреймворков (Python, SQL).
- Обновление, создание новых и исправление ошибок в отчётах (Airflow, PostgreSQL, YAML, xml),
- Написание инструкций для разработчиков по алгоритмам работы с внутренними фреймворками (xml).

- Создание и регистрация .jar (Scala, Spark, Maven) модулей для загрузки больших (~100-150 Gb) таблиц в staging слой DWH команды.
- Поставка всех выполненных работ до production среды в рамках CI/CD процесса (git, sfera, Liquibase, YAML).

**Ключевые достижения:**

- ✓ Автоматизировал обслуживание ODS слоя DWH (удаление устаревших данных), устранив необходимость в дополнительном железе (Airflow, PostgreSQL).
- ✓ Разработал DAG для извлечения, трансформации и загрузки (ETL/ELT) FDW таблиц объёмом до 700 млн. строк (150 GB) в рамках DWH формирования регуляторной отчётности. Использовал PL/pgSQL процедуру которая вызывается и DAG'a Airflow.
- ✓ Внедрил новый этап логирования, повысив прозрачность и удобство поддержки процессов в т.ч. командой поддержки. Модуль стал обязательным для использования всеми разработчиками команды. Спроектировал схему хранения логов, написал рутины на PL/pgSQL и триггеры а также модуль с рутинами Python для вызова из Airflow.
- ✓ Написал модуль который используется в 100+ DAGах Airflow нашей команды. Отрефакторил что было, привёл к читаемому виду, применил подход DRY (вынес общие функции и константы в отдельный Python модуль).
- ✓ Реализовал декоратор авторизации на Python с несколькими уровнями вложенности. Декоратор используется во всех DAG'ах нашей команды (90% отчётов). Команда занимается регуляторной отчётностью, так что это много.

**Стек:** ETL/ELT, Python, SQL, Airflow, PostgreSQL, PL/pgSQL, Spark, git, Confluence, Maven

---

**Институт молекулярной генетики, НИЦ Курчатовский институт**

Москва • Сентябрь 2020 — настоящее время

Ведущий российский научный центр в области молекулярной генетики, осуществляющий фундаментальные и прикладные исследования данных о мутациях и биомедицинских образцах.

**Аналитик данных / Биоинформатик****Зона ответственности:**

- Обработка больших массивов биомедицинских данных (50–60 млн строк на 3–6 столбцов) в Linux-среде (Pandas, multiprocessing, bash, CLI утилиты).
- Проведение прунинга, импутации и анализа данных о мутациях с использованием Python и специализированных утилит (Python, R, специализированный FOSS софт из предметной области).
- Интеграция C/C++ инструментов (tabix, vcftools, bcftools etc.) в автоматизированные пайплайны на Python и R.
- Автоматизация процессов выявления мутаций, связанных с риском ОНМК; автоматизация контроля качества подаваемых и получаемых из пайплайна данных; подготовка аналитических отчетов (Python, R, специализированный FOSS софт из предметной области).

**Ключевые достижения:**

- ✓ Спроектировал и оптимизировал пайплайн для анализа генетических данных объёмом 50+ млн записей, используя Python и bash-скрипты в среде Linux (реализовал многопоточное выполнение на сервере).
- ✓ Интегрировал C++ утилиты в пайплайн на Python и R, повысив производительность вычислений с ~36 часов до ~5 часов при обработке VCF-файлов объёмом до 150 GB.
- ✓ Интегрировал расчёт нескольких статистик для выявления и анализа ключевых мутаций ассоциированных с ОНМК (FOSS из предметной области).
- ✓ Разработал систему автоматизированных отчетов, которые позволяют выявить ошибки первого рода при поиске ассоциаций SNP-полиморфизмов с ОНМК (bash скрипты которые склеивающие скрипты на R).

**Стек:** Python, R, bash, Linux, tabix, Специализированные CLI-программы (vcftools, bcftools, plink2 и.т.д.), multiprocessing, FOSS

---

### Департамент здравоохранения города Москвы

Москва • Август 2021 — Ноябрь 2022

Крупнейшая медицинская организация, управляющая цифровыми сервисами и данными здравоохранения Москвы.

#### Аналитик данных

##### Зона ответственности:

- Автоматизация загрузки и обработки данных из ЕМИАС и S3 облака nextcloud в локальное хранилище DWH на ClickHouse SQL, (Airflow).
- Разработка управленческих отчётов и аналитических дашбордов для подразделений департамента (Pandas, ClickHouse SQL, matplotlib, seaborn).
- Расчет метрик эффективности для медицинских учреждений (Pandas, Airflow).
- Автоматизация своевременного обновления справочников (например, прикрепление адреса к поликлинике, список закрытых на ремонт медицинских учреждений и др.).
- Выполнение ad-hoc аналитики и подготовка данных по индивидуальным запросам от сотрудников ДЗМ (Pandas, ClickHouse SQL, Excel).
- Помощь с автоматизацией рутинных задач оперативному отделу (Pandas, Airflow, openpyxl).

##### Ключевые достижения:

- ✓ Автоматизировал процесс извлечения, трансформации и загрузки (ETL) данных (плоские файлы до 20 Гб.) в ClickHouse, обеспечив стабильность и скорость обновлений (Airflow).
- ✓ Автоматизировал формирование ежедневных отчётов по KPI и другим статистикам работы подчинённых организаций (больницы/поликлиники), освободив ~25 часов в неделю у сотрудников оперативного отдела (Pandas, Airflow, openpyxl).
- ✓ Автоматизировал интеграцию и ведение справочников адресов, устранив необходимость ручной работы, удалось освободить около 5 часов времени в неделю у сотрудников аналитического отдела (Pandas).
- ✓ Разработал комплексный пайплайн на Airflow + pandas + ClickHouse для контроля качества витрин данных для аналитиков оперативного отдела. Качественные витрины позволили на ~7 часов сократить время, затрачиваемое на предобработку данных.

**Стек:** Стек: ETL/ELT, Python, SQL, ClickHouse, Airflow, pandas, openpyxl, requests, matplotlib, seaborn

---

### Работа в лабораториях, преподавание

Москва / Новая Зеландия / Амстердам / Бишкек • Август 2011 — Сентябрь 2020

Исследовательская и образовательная деятельность в международных лабораториях и вузах, включая проектирование аналитических пайплайнов и преподавание Python/аналитики данных.

#### Биоинформатик (ETL/ELT-пайплайны, анализ данных, моделирование, преподавание)

##### Зона ответственности:

- Моделирование (дифференциальные уравнения, АВМ) и анализ биологических данных с использованием Python, Java, R и Bash.
- Разработка, оптимизация и поддержка аналитических пайплайнов для исследований и учебных задач (Python, Linux, Pandas, seaborn, R, scikit-learn, multiprocessing).
- Преподавание основ Python и анализа данных студентам.
- Интеграция CLI-утилит (C/C++/Fortran/R) в существующие пайплайны.

Ключевые достижения:

- ✓ Смоделировал изменения в человеческом геноме при расселении людей по островам тихого океана от 50 до 20 тысяч лет назад (Massey University, New Zealand).
- ✓ Обучил более 60 студентов основам Python, сформировав фундаментальные навыки у второкурсников Школы предпринимательства и управления бизнесом Американского университета Центральной Азии (г. Бишкек, Кыргызстан).
- ✓ Автоматизировал обработку сложных данных с помощью CLI утилит и скриптов на bash, Python и R, снизив трудозатраты нескольких исследовательских команд в области Биоинформатики (Новая-Зеландия, 2 лаборатории в РФ).
- ✓ Создал модель биореактора по переработке дихлорметана при помощи дифференциальных уравнений (Институт системной биологии, Москва, РФ).
- ✓ Участвовал в международных коллаборациях, применяя современные методы статистики и визуализации данных.

Стек: Python, Bash, R, Java, Linux, C/C++ build tools, scikit-learn, multiprocessing, FOSS

---

## Образование

Год	Учебное заведение	Специальность и квалификация
2014	Massey University, Новая Зеландия	Master in Computational Biology
2011	МГУ им. М.В. Ломоносова (ФФМ)	Лечебное дело (врач)
2011	МГУ им. М.В. Ломоносова (ВМиК)	Разработчик (доп. квалификация)

---

## Сертификаты

- **2024** — SQL для разработчиков (Яндекс Практикум)
- **2023** — Специалист по Data Science (Яндекс Практикум)
- **2020** — Python and Flask Bootcamp (Udemy)
- **2018** — Data Science Math Skills, Statistics with R, OOP in Java, REST APIs, Linear Algebra, Calculus (Coursera/edX/Stanford)

---

## Навыки и стек

- **Языки:** Python, SQL, R, Java
- **Встроенные модули Python:** multiprocessing, os, requests, json
- **Базы данных и хранилища:** PostgreSQL, ClickHouse, S3
- **ETL и Workflow:** Airflow, Cron, Prefect 2, PySpark, Spark
- **Анализ данных:** pandas, matplotlib, seaborn, scikit-learn, Jupyter, Excel
- **API и Web:** REST, Flask, requests, json
- **DevOps:** git, Docker, CI/CD
- **ОС:** Linux (Ubuntu, Tuxedo OS), Windows, MacOS

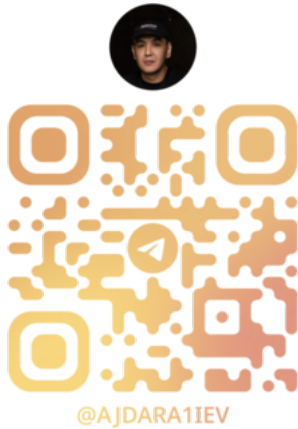
---

## О себе

- Учился программировать на ВМиК МГУ параллельно с дипломом врача (ФФМ МГУ).
- После выпуска занимался сначала биоинформатикой, затем полностью перешёл в ETL и Data Engineering.

- Уверенно владею Python и SQL. Стремлюсь углубить свои знания при помощи онлайн обучения.
  - Имею 3 года промышленного опыта разработки ETL процессов (Airflow, Pandas, PostgreSQL, ClickHouse).
  - Сторонник непрерывного обучения. Сейчас прохожу курс по инженерии данных на Яндекс Практикум. Поступил в магистратуру ВШЭ по инженерии данных (обучение онлайн).
  - Слежу за новостями в области Data Science через подписку на medium.
  - Изучал основы теории игр и эволюционные вычисления в университете Амстердама (Universiteit van Amsterdam) и Свободном университете (Vrije Universiteit, Amsterdam).
  - В рамках моей академической деятельности анализировал структурированные данные (таблицы) и моделировал биологические системы.
  - Преподавал Python и основы анализа данных студентам.
  - Уверенно работаю в командной строке Linux, могу написать скрипт на bash.
  - Открыт к предложениям Data Engineer, ML Engineer и Data Analyst.
- 

Telegram



 [Скачать полное резюме](#)