Котлов Никита Юрьевич

Мужчина, 20 лет, родился 15 февраля 1995

Телефон: +7 (916) 346-00-28
E-mail: kit.iz.179@gmail.com
Skype: Kit179
Личные сайты: http://kodomo.fbb.msu.ru/~avkitex/, http://istina.msu.ru/profile/avkitex/, https://www.linkedin.com/pub/nickita-kotlov/93/b88/812
Место жительства: Москва, м. Ботанический сад
Гражданство: Российская Федерация
Не готов к переезду, не готов к командировкам

Образование

Средняя школа

2009-2010 **Средняя общеобразовательная школа №179 – структурное подразделение МИОО, Москва**
9 класс

2010 – 2012 **Специализированный учебно-научный центр имени Колмогорова при МГУ – школа А.Н.Колмогорова, Москва**
10-11 классы

Неоконченное высшее

2012 – н.в. (2018) **Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва**
Факультет биоинженерии и биоинформатики, Биоинженерия и биоинформатика
1-4 курсы

Работа в научных лабораториях

Сентябрь 2012 – май 2015
3 года 9 месяцев

Лаборатория кинетики ферментативных реакций МБЦ МГУ
Москва
Студент

Курсовая работа, 1-2 курс	Program complex for automatic protein-target preparation for docking *in silico* development, 2014
Курсовая работа, 2-3 курс	Docking quality of AutoDock 4.2, AutoDock VINA and SOL programs comparison on the example of membrane HEM-containing protein COX *in silico*, 2015
Курсовая работа, 3-4 курс	Program complex for post docking analysis using clustering in case of PGHS inhibitors search

Июль 2015 – Август 2015
1 месяц

Leiden Genome Technology Center, LUMC
Нидерланды, Лейден, http://www.lgtc.nl/
Студент

Стажировка	CYP2D6 genotyping using the single-molecule real-time PacBio RSII» Куратор: Seyed Yahya Anvar, Systems Biology, Bioinformatics at Leiden University Medical Center, Leiden.

Выступления на конференциях и постеры

XI студенческая конференция ФББ МГУ, 2014

Постер “Program complex for automatic protein-target preparation *in silico* development” (победитель секции “Биоинформатика”)

XIV INTERNATIONAL CONFERENCE FOR YOUNG SCIENTISTS “BIOCHEMICAL PHYSICS” AND SCHOLL “MODERN PROBLEMS OF BIOCHEMICAL PHYSICS”, 2014

Постер “Программный комплекс для автоматической подготовки белков-мишеней к докингу *in silico*”

Международная научная конференция студентов, аспирантов и молодых ученых «Ломоносов-2015», секция биоинформатики, 2015

Доклад “Docking quality of AutoDock 4.2, AutoDock VINA and SOL programs comparison on the example of membrane HEM-containing protein COX *in silico*”

XIII студенческая конференция ФББ МГУ, 2016

Доклад “Последовательные кластеризации результатов докинга на примере белка PGHS” (отмечен, как лучший доклад секции “Биоинформатика”)

Публикации

2015

Glafira D. Kolbasova, Arthur O. Zalevsky, Azamat R. Gafurov, Philipp O. Gusev, Margarita A. Ezhova, Anna A. Zheludkevich, Olga P. Konovalova, Ksenia N. Kosobokova, Nikita U. Kotlov, Natalia O. Lanina, Anna S. Lapashina, Dmitry O. Medvedev, Katerina S. Nosikova, Ekaterina O. Nuzhdina, Georgii A. Bazykin, and Neretina Tatyana. **A new species of cyanea jellyfish sympatric to c. capillata in the white sea**. *Polar Biology*, pages 1–13, 2015. [DOI]

Участие в биоинформатических проектах

2012 – 2015, Москва

Разработка программы PDBParser (C++) в рамках автоматической системы докинга.

Это многофункциональная программа позволяет выполнять большое количество разных манипуляций с файлами в формате PDB. Также имеется возможность обработки файлов для подготовки рецепторов и лигандов к докингу и анализа полученных результатов. Основные функции:

- Исправление некоторых ошибок записи файлов в формате PDB
- Сортировка атомов, остатков
- Сортировка атомов внутри каждого остатка по шаблону
- Разделение структур на мономеры (цепи)
- Выделение, удаление лигандов
- Добавление лигандов в структуру белков
- Автоматическое определение нужного для выделения лиганда по списку

растворителей и детергентов
- Построение ROC кривых и вычисление AUC значений
- Анализ и компоновка результатов докинга, проведенного с помощью программы AutoDock 4.2 и AutoDock Vina
- Создание файлов со структурами лигандов на основе результатов докинга
- Восстановление формата PDB после обработки программой MOPAC
- Восстановление формата PDB после работы в программе NAMD
- Исправление формата PDB после обработки программой Open Babel
- Поворот всех атомов на определенный угол

2012 – 2015, Москва

Разработка автоматической системы для проведения молекулярного докинга (C++, bash).

2015, Лейден, Нидерланды

Разработка программного комплекса для помощи врачам в лечении пациентов в зависимости от их генотипа. В рамках проекта «CYP2D6 genotyping using the single-molecule real-time PacBio RSII» на «Летней биоинформатической школе 2015 в Leiden University Medical Center для студентов факультета биоинженерии и биоинформатики МГУ». Куратор: Seyed Yahya Anvar, *Systems Biology, Bioinformatics at Leiden University Medical Center, Leiden*.

Написан комплекс программ на python, bash, R, php/html/css/js для автоматического нахождения лучших генотипов для последовательностей генов пациентов. Результаты выводятся в графическом представлении в виде нескольких html страниц. Автоматизированность позволяет пользоваться программами не вникая в технические подробности, графическое отображение – легче анализировать полученные результаты.

Повышение квалификации, курсы

Институт биоинформатики, http://bioinformaticsinstitute.ru/ 2015 **Интенсив по геномной биоинформатике**

Stepic.org 2015 **Введение в Линукс**

Kaspersky Lab 2013 **Антивируская школа касперского**

Summer programming school, lksh.ru 2012 **Летняя алгоритмическая школа, параллель B**

2011 **Летняя алгоритмическая школа, параллель C+**

2011 **Летняя алгоритмическая школа, параллель C**

Учебный комплекс Специалист при МГТУ им. Баумана, specialist.ru 2011 **HTML/CSS (2 курса)**

2007 **Ремонт, настройка, администрирование ПК**

Опыт работы (7 лет)

Сентябрь 2015 – настоящие время

ООО «BostonGene»

Москва, http://bostongene.com/

Инженер-программист, биоинформатик

Февраль 2015 – Сентябрь 2015
7 месяцев

ЗАО «НОРСИ-ТРАНС»

Москва, http://www.norsi-trans.ru/

Инженер-программист

Разработка и тестирование нового программного обеспечения.

Август 2012 – настоящее время
3 года 7 месяцев

Международный учебно-научный биотехнологический центр МГУ имени М.В.Ломоносова

Москва, http://biocentr.msu.ru/

Студент

Научная работа в сфере биоинформатики.

Август 2011 – декабрь 2014
3 года 5 месяцев

ННОУ ИРЛЕМ

Москва

Сисадмин/веб-программист

Обслуживание компьютеров: ремонт, настройка. HTML-верстка сайтов и администрирование web страниц. Создание макросов в программе MS Excel. Создание прикладных приложений (C++).

Электронные сертификаты

2017 Семинар по системной биологии

2015 Введение в Линукс
Интенсив по геномной биоинформатике
1й биоинформатический хакатон

2011 HTML и CSS. Уровень 1. Создание сайтов по стандартам W3C и переход на HTML 5 и CSS 3
HTML и CSS. Уровень 2. Кроссбраузерная верстка и основы юзабилити
Настройка офисных и домашних ПК

2008 Технический специалист по настройке и ремонту ПК

Ключевые навыки

Знание языков

Русский – родной
Английский – читаю профессиональную литературу

Навыки, технологии

Ремонт ПК, Веб-программирование, ООП, DDD, BIGDATA, языки программирования, командная строка Unix, Docker, OpenStack, антивирусные средства, Microsoft Office, сборка геномов, поиск SNV, поиск химерных белков, анализ NGS данных, поиск дифференциально экспрессированных генов, постановка биологических задач, отображение результатов в понятной форме, машинное обучение, разбираюсь в статистике.

Языки программирования

C/C++ опыт более 5 лет, Python опыт более 5 лет (активно пользуюсь pandas, numpy, scikit-learn, matplotlib), BASH опыт более 3 лет, Java опыт около года, Visual Basic, R, HTML4.01/CSS3/JavaScript опыт около 2 лет, AngularJS опыт около года, PHP опыт около года

Знание операционных систем

Windows – продвинутый пользователь, администратор

Unix (Linux) – продвинутый пользователь, администратор, свободно владею командной строкой

Биоинформатические программы

AutoDock 4.2, AutoDock Vina, SOL, Aplite, VMD, NAMD, Open Babel, PyMOL, Jmol, JalView, Mopac, Mega, MGLTools, PTools, Emboss, BLASR, ChemSketch, Origin, Bowtie, BWA, FastQC, SOAPFuse, Chimerascan, FuMa, Ericscan, SAMtools, Trimmomatic,Deseq, Limma, Kalisto, Mutect

Биоинформатические базы данных

Pubmed, PDB, PDBe, PDBBind, ChemSpider, SwissParam, Swissprot, Uniprot, Brenda, UCSC, Ensembl, Cath, GEO, Array express, repositive.io, UCSC, Ensemble

Биоинформатические online сервисы

Blast, Muscle, T-coffee, VEP, Chemmine-tools, Mutalyzer, KEGG, SwissParam.ch, chemspider, Galaxy

Личные достижения

2015, Москва

Капитан команды-победительницы первого биоинформатического хакатона (genehack.ru), завоевавшей специальный приз от компаний In Silico Medicine и ПОНКЦ.

Дополнительная информация

Научные интересы

Биоинформатика, биоинформатический софт, геномные исследования, молекулярный докинг, трехмерные структуры белков и других макромолекул, автоматизация вычислений, облачные системы, bigdata, контейнеризация (docker), анализ микрочиповых и НГС данных, анализ данных (Data science), машинное обучение.

Обо мне

Я быстро обучаюсь, могу научиться программировать практически на любом языке. Прекрасно владею компьютером. Хорошо вписываюсь в любой коллектив.
Я коммуникабельный и ответственный. Имею лидерские качества.
Люблю волейбол и другие активные игры.
Не имею вредных привычек.
Преподавал биологию, молекулярную биологию, программирование и разработку сайтов в математическом лагере «Слон».