



LÊ TIẾN THỰC

AI ENGINEER

Sinh viên năm 4 ngành CNTT với định hướng AI Engineer. Thành thạo Python và kiến trúc RAG cơ bản. Có nền tảng về Backend (API, MySQL) và DevOps (Docker). Tìm kiếm cơ hội thực tập để phát triển các dự án AI ứng dụng thực tiễn



0355439413



13/02/2004



Xuân Thủy, Cầu Giấy, Hà Nội



letienthuc2004@gmail.com



<https://ltthuc.id.vn/>

★ KỸ NĂNG

Python:

Xử lý dữ liệu, Regex, và làm việc với các thư viện AI.

LLM Frameworks:

LangChain , Google Generative AI

DATABASE:

MySQL , ChromaDB

Git:

Thành thạo các câu lệnh git cơ bản

Docker:

Có khả năng triển khai và đóng gói

👍 ƯU ĐIỂM

Tính kỷ luật cao: tuân thủ quy định khi làm việc.

Có trách nhiệm, tận tâm: luôn hoàn thành công việc đúng hạn.

🎓 HỌC VẤN

TRƯỜNG ĐẠI HỌC CÔNG NGHỆ - ĐẠI HỌC QUỐC GIA HÀ NỘI

Công nghệ thông tin

2022 - present

GPA 3.25

💼 DỰ ÁN CÁ NHÂN

HỆ THỐNG TRỢ LÝ ẢO PHÂN TÍCH CV

RAG BASE & LLM

11/2025 - 12/2025

- Mô tả: Xây dựng hệ thống chatbot hỗ trợ HR tự động hóa quy trình lọc và đánh giá CV dựa trên công nghệ Retrieval-Augmented Generation (RAG).

- Công nghệ sử dụng: Python, LangChain (LCEL), Google Gemini API, ChromaDB (Vector Database), Streamlit.
- Phân tách tài liệu: Sử dụng Regex tách nội dung theo logic (Kỹ năng, Học vấn...), giúp AI hiểu đúng ngữ cảnh từng phần.
- Truy xuất đa tầng: Triển khai Small2Big để tìm kiếm chính xác mảnh nhỏ và cung cấp đầy đủ thông tin đoạn lớn cho AI.
- Giao diện Chatbot: Xây dựng ứng dụng bằng Streamlit, hỗ trợ ghi nhớ lịch sử và trích dẫn nguồn từ PDF.

TRANSFORMER CHO DỰ ĐOÁN THỜI GIAN LƯU CỦA PEPTIDE

TRANSFORMER & Pytorch

10/2025 - 12/2025

- Mô tả: Xây dựng mô hình Deep Learning dựa trên kiến trúc Transformer để dự đoán thời gian lưu (RT) của peptide trong sắc ký lỏng (LC-MS), giúp tối ưu hóa quá trình định danh protein

- Xử lý ngôn ngữ peptide: Chuyển đổi chuỗi axit amin thành dạng dữ liệu số giúp máy tính hiểu được các đặc tính sinh học của protein.
- Cơ chế chú ý : Giúp mô hình tự động tập trung vào các mắt xích quan trọng trong chuỗi để dự đoán thời gian lưu chính xác hơn.
- Đánh giá & Tối ưu: Đạt độ chính xác cao (R-squared), hỗ trợ hiệu quả trong việc tự động hóa quá trình phân tích và định danh protein.