

Abstrakt

Adam Frey

Záměrem této práce bylo vyvinout model strojového učení pro predikci interakcí mezi léky a bílkovinami v těle. Inspirována předchozími metodami zaměřila se práce hlavně na metody typu "collaborative filtering" a hlubokého učení. Cílem bylo překonání předchozích modelů. Tento cíl byl dosažen pomocí série vylepšení základního algoritmu faktorizace latentních matic na relevantním datasetu. Malé množství dat se aktuálně jeví jako bariéra pro využití více sofistikovaných metod hlubokého učení. Hybridní přístupy doporučovacích systémů kombinující vícero typů dat se zdají jako logický další krok.