

## Plenārsēde. Inovatīvas informācijas tehnoloģijas

Piektdien, 2021. gada 5. februārī plkst. 14.00  
Attālināti, Zoom platformā

[Saite uz Zoom pasākumu](#)

Meeting ID: 940 8846 1252

Passcode: 009509

### Programma

Vadītājs: Prof. Andris Ambainis		
14.00–14.30	Jānis Bičevskis, Anastasija Ņikiforova, Zane Bičevska, Ivo Odītis, Ģirts Karnītis	<p><b>Procesu modeļu analīze</b></p> <p><i>Tiek aplūkotas galvenās idejas un risinājumi pētījumiem, kas tika veikti un tiek turpināti Datorikas fakultātes Inovatīvo informācijas tehnoloģiju laboratorijā laika posmā no 2017. līdz 2021.gadam. Pētījumi veltīti jaunas pieejas datu kvalitātei attīstīšanai, testēšanas pilnveidošanai par testēšanas modeli izmantojot datu kvalitātes modeli un procesu laiksakrītīgas izpildes analīzei. Pētījumu rezultāti apkopoti 20 zinātniskās publikācijās.</i></p>
14.30–15:00	Andris Ambainis	<p><b>Kvantu tehnoloģiju pētījumi un sadarbība starp datorzinātņi un fiziku</b></p> <p><i>Referāts veltīts starpdisciplināriem pētījumiem kvantu tehnoloģijās, kas veikti, sadarbojoties LU Datorikas fakultātes Kvantu datorzinātnes centram (prof. A Ambainis) un LU Fizikas, matemātikas un optometrijas fakultātes Kvantu nanoelektronikas grupai (prof. V. Kaščejevs). Referātā tiks ietverti divi pētījumu piemēri (viens no datorzinātnes, viens no fizikas) un plašāks konteksts par kvantu tehnoloģiju pētniecību Eiropā un iespējamu kvantu tehnoloģiju pētniecības programmu Latvijā.</i></p>
15:00–15:30	Guntis Bārzdiņš, Normunds Grūzītis, Didzis Goško, Artūrs Znotiņš, Roberts Darģis, Paulis Bārzdiņš, Mikus Grasmanis	<p><b>H2020 lielo datu projekts SELMA: mērķi un risinājumi</b></p> <p><i>LU MII Mākslīgā intelekta laboratorija līdz ar Fraunhofer institūtu, Deutsche Welle un partneriem no Francijas un Portugāles tiko ir sākusi darbu pie H2020 lielo datu pētniecības un inovācijas projekta SELMA (Stream learning for multilingual knowledge transfer). Projekta ietvaros paredzēts izveidot daudzvalodu video un teksta ziņu producēšanas platformu, kas datorlingvistikas dziļo mašīnmācīšanos apvieno ar "human-in-the-loop" pieeju.</i></p>
15:30–16:00	Jurgis Šķilters, Līga Zariņa	<p><b>Gads uztveres un kognitīvo sistēmu pētniecībā: paveiktais un nākotnes izaicinājumi</b></p> <p><i>Referātā tiks aptverti nozīmīgākie sasniegumi kognitīvajās zinātnēs pagājušajā gadā gan Latvijā, gan pasaulē, kā arī ieskicēti daži no šī gada uzdevumiem un</i></p>

		<p><i>izaicinājumiem. Kā galvenie sasniegumi Latvijā tiks aplūkoti telpiskās uztveres pētījumi par simetrijas ass un valodas ietekmi figūras uztverē, kā arī šķērsmodālās uztveres pētījumi.</i></p>
<b>16:00–16:30</b>	Emil Syudyukov	<p><b>Tehnoloģijas biomedicīnisko datu izmantošanai un pētījumu paātrināšanai</b></p>
<b>16:30–17:00</b>	E.Celms, K.Čerāns, K. Freivalds, P.Ķikusts, L.Lāce, G.Melkus, M.Opmanis, D.Rituma, P.Ručevskis, J.Vīksna	<p><b>Applications of graph-based modelling and analysis methods in systems biology</b></p> <p><i>We present a brief overview of the main research results obtained during a recent ERDF project. The project was focused on the following computational and/or system biology research areas: quantitative characterisation of proteome from gene expression data; analysis of structure and cell type specificity of chromatin interaction networks and analysis of dynamics and evolution of gene regulatory networks. In the area of quantitative characterisation of proteome we have developed a new method for protein ubiquity prediction from RNAseq and gene ontology annotation data, which provides prediction accuracies comparable only to methods that require targeted wet lab experiments. For analysis of chromatin interaction networks we propose a set of network topology-based metrics that provide good discriminatory power between different cell types. We also have developed methods for analysis of component structure of such networks and have provided validation of biological significance of some specific topological features of networks. Regarding analysis of gene regulation we present a new technique for comparing transcriptional regulatory networks based on network motif similarity for gene pairs.</i></p>
<b>17:00-17:30</b>	Inguna Skadiņa	<p><b>Daudzvalodu cilvēka-datora komunikācijas modelēšana, izmantojot mākslīgā intelekta metodes</b></p> <p><i>Laikā, kad mākslīgā intelekta risinājumi ir mums visapkārt, mēs sagaidām iespēju sazināties ar viedierīcēm dzimtajā valodā dabiskā un draudzīgā veidā un vēlamies izmantot digitālos darbiniekus dažādu ikdienas uzdevumu veikšanai. Tomēr virtuālie sarunu biedri un tajos izmantotās tehnoloģijas joprojām ir relatīvi jauni un tiem ir dažādi ierobežojumi. Pētījumā tiek izstrādātas jaunas metodes un tehnoloģijas, lai īstenotu cilvēka un datora komunikāciju mazāk populārās valodās dabiskā veidā, koncentrējoties uz problēmām, kas saistītas ar pašapmācošies virtuālo sarunu biedru izveidi, zināšanu izguvi no daudzvalodu tekstiem, daudzvalodīgas piekļuves nodrošināšanu, lietotāja emocionālā stāvokļa noteikšanu un paralingvistisko īpatnību analīzi runas atpazīšanā un sintēzē.</i></p>