

Резюме на трудовете

на гл. ас. д-р Радослав Стефанов Мавревски

за участие в обявения в ДВ бр. 52 от 02 юли 2019 г. конкурс за академичната длъжност „Доцент“ по професионално направление 4.6. Информатика и компютърни науки (Биоинформатика и информационно моделиране за обработка на експериментални данни)

Научните разработки на кандидата са представени в: 1 електронна книга; 15 (4 от тях са приравнени към монографичен труд) публикации на английски език в рецензирани и индексирани международни списания; 7 публикации в пълен текст в сборници на конференции, от които 2 на английски език и 5 на български език; и 6 абстракта на английски език в рецензирани сборници на международни конференции.

ЕЛЕКТРОННА КНИГА (УЧЕБНИК):

1. **Радослав Мавревски**. *Въведение в Linux*. e-book. Университетско издателство „Неофит Рилски“, Благоевград, ISBN 978-954-00-0170-8, 2018. 65 страници.
<http://newweirdscience.com/os.pdf>

В това учебно пособие са разгледани основни теми свързани с операционната система Линукс: основни функции на ОС, основни команди в Линукс, директориите в Линукс, писане на скриптове за BASH шел, аритметически операции с BASH, условни оператори в BASH, Функции с BASH. Към темите са приложени конкретни примери и задачи за упражнения по дисциплината „Операционни системи“. Упражненията са насочени към създаване на практически умения за работа с операционната система Линукс от гледна точка на нейното администриране.

ПУБЛИКАЦИИ В СПИСАНИЯ:

2. Traykov M., Trencheva M., **Mavrevski R.**, Stoilov A., Trenchev, I. Using partial differential equations for pricing of goods and services. *Scientific Annals of Economics and Business*, 2016, 63(2), 291-298. ISSN: 2501-1960.

Тази статия се базира на методи и техники за сравнителен анализ, чрез иновативен подход

за образуване на цени на различни стоки и услуги. В тази статия сравнителният анализ представлява процес на непрекъснато търсене и адаптиране на добри методи за ценообразуване, които може да доведат до увеличаване на печалбите. Разглеждано е численото решение на частни диференциални уравнения, които са базирани на Black-Scholes модела за ценообразуване на стоки и услуги в рамките на Европейски Опцион (European Options). Също така е разгледано численото поведение на различни експлицитни и имплицитни методи, които могат да бъдат използвани при ценообразуването на активи на компания в рамките на един Европейски Опцион. Получените резултати от техниките описани в статията са сравнени с резултатите получени с blsprice tool в MATLAB.

3. **Mavrevski R.**, Milanov P., Traykov M., Pencheva N. Assessment of different model selection criteria by generated experimental data. *WSEAS Transactions on Computers*, 2017, 16, 260-268, ISSN: 2224-2872. E-ISSN: 2224-2872. /част от монографичен труд/

Изследвана е възможността за използване на Хаусдорфовото разстояние като критерий за избор на оптимален модел за фитване (апроксимиране) и е сравнена ефективността му с други често използвани критерии - информационен критерий на Акайке (AIC) и информационен критерий на Бейс (BIC), чрез генерирани експериментални данни. Показано е, че Хаусдорфовото разстояние може да бъде ефективно използвано като критерии за избор на оптимален модел. Изтъкнати са неговите предимства пред AIC и BIC, като например независимост от размера на извадката (приложимо е във всички случаи), както и неговият недостатък като например, опасност от overfitting или underfitting, което не може да се случи при използването на AIC или BIC.

4. Milanov P., Koroleova G., **Mavrevski R.**, Pencheva N. Curve fitting problem: torque – velocity relationship with polynomials and Boltzmann sigmoid functions. *Acta of Bioengineering and Biomechanics*, 2018, 20(1), 169-184. DOI: 10.5277/ABB-01048-2017-03. ISSN: 1509-409X. (IF: 1.112). /част от монографичен труд/

Изследван е проблема за апроксимиране (фитване) на криви за зависимост въртящ момент-скорост на лактите за флексори и екстензори с полиноми и сигмоидни функции на Болцман. Тествани са най-добрите модели за тази зависимост и е избран оптималния сред тях. Използвани и сравнени са различни начини за представяне на експерименталните данни при моделирането

(средни стойности, облак от точки, минималната и максималната стойност в облака от точки и средната на минималната и максималната стойност в облака от точки), както и различни методи за регресионен анализ като най-малките квадрати и минимакс метод за намиране на най-добрите модели в отделните класове модели.

За оценка на най-добрите модели от различните класове и избора на оптимален сред тях, са приложени критериите на Акайке (AIC), Бейс (BIC), Хаусдорфово разстояние и минимизиране на максималния абсолютен остатък. Получените числови резултатите показват, че полиноми от различни степени са оптимални модели. Въпреки това, стойностите на критериите за оптималните сигмоиди на Болцман са много близки до тези на оптималните полиномни модели и прогнозираните съотношенията въртящ момент-скорост имат физиологично поведение само в сигмоидните функции на Болцман и техните параметри ясно се тълкуват.

Получените резултати предполагат, че сигмоидните функции на Болцман са по подходящи за моделиране и прогнозиране на връзката въртящ момент-скорост на лактите за флексори и екстензори при нетренирани жени, в сравнение с полиноми, и техните криви са физиологично значими.

5. **Mavrevski R.**, P. Milanov, M. Traykov, N. Pencheva. Performance comparison of model selection criteria by generated experimental data. *ITM Web of Conferences*, 2018, 16(02006), <https://doi.org/10.1051/itmconf/20181602006>. eISSN: 2271-2097.

Изследвана е ефективността на известни критерии за избор на модел чрез генерирани експериментални данни и са сравнени два често използвани в литературата критерия за избор на модел: информационен критерий на Акайке (AIC) и информационен критерий на Бейс (BIC). Направени са заключения за приложимостта на двата критерия в зависимост от размера на извадката с експериментални данни. Изтъкнати са предимствата и недостатъците на всеки от критериите, и са дадени препоръки за случаите в които се използва единия или другия критерии.

6. Traykov M., Yanev N., **Mavrevski R.**, Yurukov B. Algorithm for protein folding problem in 3D lattice HP model. *International Journal of Biology and Biomedicine*, 2018, 3, 16-21. ISSN: 2367-9085.

Предсказването на третичната структура на даден протеин по неговата аминокиселинна последователност е важен и предизвикателен обект на изследвания в различни научни области. Този проблем възниква от наблюдението, че взаимодействия между хидрофобните (Н) аминокиселини са главната сила, която предизвиква сгъването на протеините в тяхното природно състояние. Основен инструмент за предсказване на пространствената структура на протеините е решетъчния и извън-решетъчния Hydrophobic-Polar (HP) модел. HP моделът за нагъването на протеини в решетка се основава на наблюдението, че в полярна среда, протеините се нагъват по начин, при който в ядрото на полученото нагъване има повече хидрофобни аминокиселини, образувайки контакти (Н-Н контакти) между тях, а повечето полярни (Р) аминокиселини са разположени по периферията на нагъването в контакт с полярната среда.

Проблемът за нагъване на протеини в 3D решетъчен HP модел е NP-пълна задача. В тази публикация е предложено разширение на евристичен алгоритъм за решаване на проблема в 2D решетъчен HP модел, който е докладван на International Congress on Mathematics (MICOM), Атина, Септември, 2015 и е описан в публикация от Traykov, Angelov и Yanev (Traykov, M., Angelov, S., Yanev, N., 2016. A new heuristic algorithm for protein folding in the HP model. *Journal of computational biology*, vol. 23(8), pp. 662-668). Разширеният евристичен алгоритъм решава проблема за нагъване на протеини в 3D решетъчен HP модел. За изчислителните експерименти са използвани HP протеинови последователности, които са известни в литературата тестови последователности за 3D решетъчни HP модели. Получените резултати са сравнени с резултати, генерирани от други алгоритми за решаване на проблема за нагъване на протеини в 3D (генетични алгоритми, оптимизационния алгоритъм на мравките и алгоритъм тип Монте Карло).

7. Traykov M, Trencheva M., Stavrova E., **Mavrevski R.**, Trenchev I. Risk analysis in the economics through R Language. *WSEAS Transactions on Business and Economics*, 2018, 15, 180-186. ISSN: 1109-9526. E-ISSN: 2224-2899. /част от монографичен труд/

Управлението на риска може да доведе до подобряване на състоянието на дадена компания. Целта на проучването е да се демонстрира ефективността и ползите от доброто управление на риска. Тази статия се основава на нови техники за измерване и управление на риска в различни сектори на бизнеса. Използвайки езика за програмиране R Language, е

показан ефективен начин за оценка и анализ на риска. С цел намиране и адаптиране на по-добри практики за управление на риска е приложен сравнителен анализ, който може да доведе до увеличаване на печалбите и конкурентоспособността на фирмите. Анализа на риска е доказан начин за идентифициране и оценка на факторите, които биха могли да повлияят отрицателно на успеха на бизнеса. Той позволява да се изследват рисковете пред които организацията е изправена и помага да се реши дали да се предприеме дадено действие. Тази трудна задача може да бъде решена бързо чрез използването на R Language, както е показано в това изследване.

8. **Mavrevski R.**, Traykov M., Trenchev I., Trencheva M. Approaches to modeling of biological experimental data with GraphPad Prism software. *WSEAS Transactions on Systems and Control*, 2018, 13, 242-247. ISSN: 1991-8763. E-ISSN: 2224-2856. /част от монографичен труд/

Целта на това изследване е да се въведе прост, последователен и лесно разбираем начин за извършване на нелинеен регресионен анализ на базата на потребителски функции с помощта на софтуерния пакет GraphPad Prism. Макар да е относително лесно да се апроксимират (фитват) данни с прости функции като линейни или логаритмични функции, фитването на данни с по-сложни нелинейни функции е по-трудно.

Това изследване представя лесно разбираемо стъпка-по-стъпка ръководство за прилагане на нелинеен регресионен анализ с функция във вида $y = f(x)$, и е много подходящо за бърз и надежден анализ на данни в различни области на биологията.

При нелинейния регресионен анализ целта на използваната крива е да опише експерименталните биологични данни във форма $y=f(x)$, където y е зависимата променлива и се измерва в експеримента, а x се контролира по време на експеримента и се нарича независима променлива, като нейната стойност е фиксирана по X оста. f е функция (математически модел) използвана за описание на връзката между x и y , и е под формата на уравнение, състоящо се от един или повече параметри. Като цяло, по-добре апроксимиране (фитване) на кривата означава по-добро описване на данните. Компромисът между качеството на приближение и простотата на модела при критериите за избор на модел не осигурява солидна основа за решаване на проблема с апроксимирането. Критериите за избор на модел игнорират както статистическата адекватност, така и надеждността на изводите за

даден проблем. За това е необходимо оценяването да става на базата на повече от един критерий за оптималност, както е показано в това изследване. Освен това, ако всички кандидат модели за фитване са лоши, критериите за оценка на моделите няма да дадат предупреждение за това. Поради тази причина е важно правилно формулиране на кандидат моделите.

9. Traykov M., Yanev N., **Mavrevski R.**, Yurukov B. Protein Folding in 3D Lattice HP Model Using Heuristic Algorithm. *WSEAS Transactions on Circuits and Systems*, 2018, 18(12), 89-98. ISSN: 1109-2734. E-ISSN: 2224-266X.

Протеините играят ключова роля в много жизнени функции в живите организми. Третичната структура на протеините определя техните функции. Предсказването на третичната структура на даден протеин може да бъде основа за разработване на лечения за заболявания като болестта на Алцхаймер и кистозна фиброза. Поради тази причина може да кажем, че предсказването на третичната структура на даден протеин от неговата аминокиселинна последователност от дълго време е един от основните проблеми в компютърната биология, молекулярната биология, биохимията и физиката. Този проблем е NP-пълнен и е известен като проблема за нагъване на протеини. Тази статия е продължение на [6] и представя разширение на евристичен алгоритъм, за решаване на проблема за нагъване на протеини в 3D решетъчен HP модел.

10. Trenchev I., Traykov M., **Mavrevski R.**, Popchev V. Investigation of the Relationship Between the Hydrophobicity of an Amino Acid and Codon, which Shall Encodes. *WSEAS Transactions on Systems and Control*, 2018, 13, 401-408, ISSN: 1991-8763. E-ISSN: 2224-2856.

Тази статия представлява кратък преглед на математически модели използвани за изучаване на генетичния код. Изследвано е как хидрофилността на аминокиселините влияе на цялата генетична структура. В тази статия е представен модел, описващ нуклеотидни последователности, при различни нива на еволюция на протеините. В дискусиата е представен математически анализ на структурата на даден протеин и възможен еволюционен сценарий. Еволюцията на кода се основава на формални схеми, чиято релевантност е

простата мутация и мощността на множество от синоними, което се използва за кодиране на една аминокиселина.

11. Ferezliev A. **Mavrevski R.** Delkov A. Correlation between average and dominant height of middle-aged Douglas fir plantations in the north-west rhodopes. *Silva Balcanica*, 2018, 19(2), 13-26. ISSN: 1311-8706.

В тази работа е проучена връзката между средната и доминиращата височина за дугласкови култури, създадени в Северозападната част на Родопите. Изпитани са седем регресионни модела от различни класове, като предварително е аргументирано нормалното разпределение на експерименталните данни чрез прилагане на подходящи тестове и е доказана много голяма корелация между изследваните величини. На база информационните критерии AIC и BIC е избран оптималния линеен модел на разглежданата връзка ($H_{dom} = 2.378 + 1.009H_{sr}$), чиято валидност се потвърждава от изследване на графиката на остатъчните стойности. Предложеният модел позволява да се изчисли доминиращата височина чрез средната при съставянето на местна растежна таблица за дугласката и може да се използва при бонитирането на тези и подобни на тях дугласкови насаждения в обхвата на изследвания регион.

12. **Mavrevski R.**, Traykov M. Visualization software for hydrophobic-polar protein folding model. *Scientific Visualization*, 2019, 11(1), 11-19. DOI: 10.26583/sv.11.1.02. ISSN 2079-3537.

Най-простият и използван модел за нагъване на протеини е хидрофобно-полярият (HP) модел. HP моделът групира аминокиселините на даден протеин като хидрофобни (Hydrophobic – H) или полярни (Polar – P). Нагъването на аминокиселинна последователност може да се представи като само-избягваща се разходка в 2D или 3D решетка, където оптималната конформация има максимален брой контакти между H аминокиселините (H-H контакти), които не са съседни в аминокиселината последователност. В тази статия разработваме и представяме софтуер за визуализиране на решения на проблема за нагъване на протеини, получени чрез HP модела в 2D квадратна решетка. За разработването на софтуера за визуализация на HP нагъвания използваме MS Visual Studio, .NET Framework 2.0 и C#. Използвайки софтуер за оптимизация като CPLEX или GUROBI ние можем да

генерираме нагъване за дадена HP последователност и след това с помощта на описания в тази статия софтуер за визуализация може да покажем полученото нагъване в 2D квадратна решетка. Този софтуер за визуализация е ценен инструмент за изучаване на HP нагъвания на протеини и е чудесен педагогически инструмент. Всички фигури на HP нагъването, включени в тази статия, са действителни снимки на нашата програма за визуализация.

13. **Mavrevski R.**, Traykov M. Trenchev I. Interactive approach to learning of sorting algorithms. *International Journal of Online and Biomedical Engineering*, 2019, 15(8), 120-134. eISSN: 2626-8493.

В съвременното обучение, използващо пълноценно възможностите на съвременните ИКТ, са много важни нагласите и отношението на преподавателите към използването на компютрите и за постигане на образователните цели. За да имат технологиите траен и значим ефект, учениците и студентите трябва да разбират как да ги използват. Целта на тази статия е да помогне на ученици и студенти да придобият достатъчно практически умения по програмиране и алгоритми за сортиране. В тази статия като пример е реализирана приложна програма „Визуално сортиране”, представяща визуално изпълнението на някои основните алгоритми за сортиране. Разгледани са основни алгоритмите за сортиране включени в реализираната приложна програма „Визуално сортиране” предоставяща интерактивно проследяване на постъпковото изпълнение на различни алгоритми за сортиране.

14. Traykov M., **Mavrevski R.**, Trenchev I. Modeling of digital converter for GSM signals with MATLAB. *International Journal of Electrical and Computer Engineering*, 2019, 9(5), 4417-4422. DOI: 10.11591/ijece.v9i5.pp4417-4422. ISSN: 2088-8708.

В това проучване симулираме стабилно състояние на Цифров понижаващ преобразовател (Digital Down Converter – DDC) за GSM сигнал, който има тесен честотен обхват. Реализираният чрез MATLAB модел симулира работата на TIGC4016 Quad Digital Down Converter (DDC). Този конвертор служи за цифрово смесване на сигнали, нискочестотно филтриране на честотната лента и децимация. За реализацията на модела използваме висока скорост на извадки (69.333 MSPS) от лентовия сигнал. Получения

резултат съдържа ниска скорост на извадки (270.83 KSPS) от лентовия сигнал, като по този начин улесняваме процеса на демодулация за тези извадки.

15. **Mavrevski R.**, Traykov M., Trenchev I. Multitasking in Embedded System Designs. *International Journal of Electrical and Computer Engineering*, 2019, 15(9), 44-57. eISSN: 2626-8493.

Известно в информационните технологии (ИТ) е, че вградена компютърна система е базирана на микропроцесор и е изградена за управление на дадена функция или набор от функции. Въпреки че не е проектирана да бъде програмирана от крайния потребител по същия начин, по който е персоналният компютър, тя е проектирана да изпълнява конкретна задача с различни опции. Многозадачността е метод, чрез който няколко задачи, известни също като процеси, споделят общи ресурси за обработка, като CPU. Основната цел на тази работа е анализът на дизайна на вградени компютърни системи с акцент върху абстракциите на средно ниво за едновременни изпълнявани програми. Примери показват, че бъдещите дизайнерите и програмисти трябва да се съсредоточат върху използването на по-високи нива на абстракция.

16. **Mavrevski R.** Modelling in food technology. *WSEAS Transactions on Biology and Biomedicine*, 2019, 16, 69-74. ISSN: 1109-9518. E-ISSN: 2224-2902.

Моделирането в хранителната технология е свързано с въпроса за избор на най-добър модел. Целта на тази работа е да се покажат основните методи за моделиране и критерии за подбор на модели, които могат да се използват в хранителната технология, за да се разработи надежден подход за прогнозиране. Моделите в хранителната технология, на най-простото ниво, са уравнения, показващи връзката между две или повече променливи. Математическият модел на един процес може да бъде дефиниран като система от уравнения, чието решение, при зададени входни данни, е представително за отговора на съответния набор от входове. Моделирането в тази работа е направено със софтуерния пакет GraphPad Prism. Информационните Акайке (AIC) и Бейс (BIC) критерии бяха използвани при подбора на модела.

ПУБЛИКАЦИИ В ПЪЛЕН ТЕКСТ И АБСТРАКТИ В СБОРНИЦИ НА КОНФЕРЕНЦИИ

17. Koroleova G., **Mavrevski R.**, Kanelov I., Pencheva N., Milanov P., Assessment of elbow torque-velocity curve fitting with different optimisation criteria, Book of abstracts, The 20th annual congress of the European College of Sport Science, Malmö, 2015, p. 477. ISBN: 978-91-7104-567-6.

Това изследване се отнася до изследване на зависимост въртящ момент-скорост на флексорите и екстензорите. Целта беше да се сравнят различни модели на зависимостта чрез четири оптимизационни критерия за оценка на тези зависимости, моделирана с полиноми от различна степен. Изокинетичен въртящ момент на лакътните флексори и екстензори на десет жени е получен при шест скорости 0, 30, 75, 120, 150, 210 градуса. За моделиране е използван метод на най-малките квадрати, полиноми от втора до четвърта степен и четири оптимизационни критерия. Всички критерии определят еднозначно полином от четвърта степен като оптимален за флексорите и екстензорите.

18. Todorin I., Trenchev I., Stoilov A., **Mavrevski R.**, Traykov M. A Model for HP Folding Prediction Using Increasing Constraint for Spreading in the Process of Making Conformations. (abstract). Proceedings of the Biomath Communications – BIOMATH2015, 2015, vol. 2 (1), p. 88. ISSN: 2367-5233.

3D структурата на протеините е основният фактор, който определя тяхната биологична активност. Синтезът на нови протеини и кристалографският анализ на тяхната 3D структура е много бавен и скъп процес. Ако имаме възможността да предсказваме 3D структурата на протеини от дадено множество, то ще синтезираме само конкретни протеини с очаквани свойства. Целта на това изследване беше да разработим модел, който да генерира възможни протеинови конформации в 3D, излизайки от ограниченията на кубичната решетка. За постигане на тази цел използваме гъвкави ограничения за отдалечаване от центъра на образуваната молекула. Въвеждаме коефициент, който може да варира в процеса на нагъване според процента на невъзможност за генериране на конформация, причинена от липсата на

пространство. Малкото пространство води до трудности при генериране на конформации, но постигнатите форми са по-компактни и с по-ниска енергия. От друга страна голямото пространство води до много безполезни случайни конформации и е необходимо повече време за изчисление, за да се намери най-добрата конформация. Методът описан в тази статия може да се използва във всеки друг модел за предсказване на пространствената структура на протеини, за да се подобри времето за изчисление и вероятността за намиране на точна 3D структура. Получените резултати показват това предимство.

19. Todorin I, Traykov M., **Mavrevski R.**, Stoilov A., Trenchev I. 3D Visualization of the Biological Structures. (abstract). Proceedings of the Biomath Communications – BIOMATH2015, 2015, vol. 2 (1), p. 89, ISSN: 2367-5233.

В тази работа представяме визуализация на 3D модел на протеин, използвайки данни, съхранени в молекулярна структура. Всички наши примери са реализирани с геометрия и текстура в софтуерната програма Мая. Използва се и много практично приложение на MEL скриптове за автоматизиране на моделирането. Представени са симулации на ДНК инфилтрация чрез ненапорните, използвайки NAMD, VMD, Аха и 3Ds Аха. В тази работа са описани накратко тази техника и възможностите за използване на Аха.

20. Traykov M, Trench Eva M., Todorin I., **Mavrevski R.**, Stoilov A., Trenchev I. Risk Analysis with R Language. Proceedings of the Sixth International Scientific Conference – FMNS2015 (Math. Nat. Sci.), 2015, vol. 1, pp. 137 – 146. ISSN: 1314-0272.

Тази статия се основава на новите техники за измерване и управление на риска в различни сектори на бизнеса. Чрез използване на програмираният език за статистически анализи R language, ние показваме ефективен начин за оценка и анализ на риска. Представено е математическото описание на задачата за оценка на риска. Показания подход за обработка на данните може да бъде използван и за допълнителна обработка на експериментални данни получени от различни експерименти. В края на статията е описана процедура за предсказване и откриване на тенденции. Такъв подход може да бъде приложен към разнообразни типове данни.

21. Георгиева А. Кюркчийска И., **Мавревски Р.**, Бахчеванджиева Р. Установяване на някои рискови фактори за сърдечно съдови заболявания и техни зависимости при студенти. 16-та студентска научна конференция "Кинезитерапия и спорт", Благоевград, България, април, 2015, vol. 1, pp. 19 - 21.

Сред рисковите фактори за сърдечно съдовите заболявания се нареждат: повишено артериално налягане, наднормено тегло, тютюнопушене, захарен диабет, фамилна обремененост. Изследванията за наличие на рискови фактори за сърдечно съдовата система и техните зависимости имат важно значение за профилактиката на социално значимите сърдечно съдови заболявания.

Целта на това проучване беше да се установи присъствието и зависимостта между проследените рискови фактори за сърдечно съдови заболявания при студенти.

Обект на наблюдението са 32 студенти от специалност Кинезитерапия втори и трети курс на възраст 20.0 ± 5.0 години. На изследваните лица бяха измерени стойностите на систолното и диастолното артериално налягане (RRs и RRd), артериалния пулс (HR) и обиколката на талията (OT). Беше изчислен индекса на телесна маса (ИТМ). Данните бяха обработени с вариационен анализ с Graph Pad Prism.

22. **Mavrevski R.**, Koroleova G., Pencheva N., Milanov P., Yurukov B. The Hausdorff distance as a criterion for the optimal model selection in torque-angle relationships. (abstract). International Congress on Mathematics MICOM, Athens, September, 2015, pp. 45. ISSN: 1105-7955.

Хаусдорфовото разстояние се използва като мярка за близост между две множества от точки. Целите на този труд бяха: (1) да се провери възможността за използване на Хаусдорфовото разстояние като критерий за избор на оптимален модел за фитване (апроксимиране) на зависимост въртящ момент-ъгъл на лакътните стави и (2) да се сравни ефективността му с други често използвани критерии: AIC и BIC. Представен е ефикасен алгоритъм за изчисляване на Хаусдорфовото разстояние между множеството от точки съдържащо експерименталните данни и множеството от точки получено от изчисления с оптималния фитващ модел в дадените класове. Изчислителните експерименти показват, че

Хаусдорфовото разстояние може да бъде използвано като критерий за оценка на оптимално фитване с полиноми при този вид зависимости.

23. Trenchev I., **Mavrevski R.**, Stoilov A., Traykov M., Yurukov B. Computer graphics's application in Bioinformatics. (abstract). International Congress on Mathematics MICOM, Athens, September, 2015, pp. 35. ISSN: 1105-7955.

Тук е представено използването на компютърна графика и математически модели за създаване на 3D обекти в биоинформатиката. Разгледани са различни начини за визуализиране на биологични структури, превръщайки файловете формати директно в 3D графики. Също така е представен компютърен софтуер за 3D визуализация и как компютърната графика може да бъде адаптирана към нуждите на биоинформатичните изследвания. Разгледан е също, процеса за представянето на 3D структура на молекула.

24. Смилков К., Христов С., Трайков М., **Мавревски Р.** Намиране и визуализация на най-кратък път в граф с помощта на езика C# и WPF. Първа студентска и докторантска научна сесия SDSS-2016, Югозападен университет „Неофит Рилски“, Благоевград, Технически факултет -19 -20 май, 2016, vol. 1, pp. 54 - 60. ISSN: 2367-9441.

Представената работа е пример за реализация и приложение на алгоритъма на Дейкстра за намиране на най-кратък път между два върха в свързан, ненасочен граф. За целта са използвани технологиите, .NET 4.0, Visual Studio 2010, и WPF за графичния потребителски интерфейс. Реализираната програма позволява изчертаване на не насочен граф, визуализира най-краткият път между два върха и намира неговата стойност.

25. Бельова Д., Павлова В., **Мавревски Р.**, Тренчев И. Визуализиране на биологични макромолекули. Първа студентска и докторантска научна сесия SDSS-2016, Югозападен университет „Неофит Рилски“, Благоевград, Технически факултет -19 -20 май, 2016, vol. 1, pp. 69 - 75. ISSN 2367-9441.

Структурната биоинформатика е една от ключовите изследователски области в полето на изчислителната биология. Тя е посветена на анализа и прогнозирането на триизмерната

(3-D) структура на биологичните макромолекули като протеини, РНК и ДНК. Реалната структура се получава чрез кристалография (рентгенова дифракция), електронна микроскопия или ядрено-магнитен резонанс. Един от основните проблеми в структурни изследвания в биоинформатиката е предвиждането на триизмерни протеинови структури и начините на визуализация на молекулите. В тази работа даваме обща представа за компютърната графика, нейното приложение в биоинформатичните изследвания и начините на визуализация.

26. **Mavrevski R.**, Milanov P., Yurukov B. Comparison and assessment of commonly used model selection criteria in modeling of experimental data. (abstract). *Biomath Communications - Featuring International Conference BIOMATH2016*, 2016, 3(1), pp. 46. ISSN: 2367-5233.

Перспективите за развитие на математически модели в медико-биологичните изследвания и биоинформатиката почиват на използването на информационните технологии. Задачата за избора на модели, които „най-добре“ описват данните е важна част от приложните и научните изследвания в биоинформатиката. Ако се приеме, че съществува един основен модел („най-добър“), който описва данните, то критериите за избор на модел се опитват да намерят този модел.

В този труд е изследвана ефективността на различни критерии за избор на „най-добър“ модел чрез генерирани експериментални данни и са сравнени два често използвани в литературата критерия за избор на модел: информационен критерий на Акайке (AIC) и информационен критерий на Бейс (BIC). Използвани са различни модели с нарастваща сложност за да се провери дали моделът, използван за генериране на данните, би могъл да бъде правилно идентифициран чрез критериите AIC и BIC и да се оцени и сравни емпирично представянето на двата критерия. Генерирането на изкуствени експериментални данни и фитването (апроксимирането) на кривите е извършено чрез използването на софтуера GraphPad Prism.

27. Смилков К., Христов С., Трайков М., **Мавревски Р.** Съставяне и избор на оптимален математически модел описващ научен или инженерен процес. Студентска и докторантска научна сесия SDSS-2017, Югозападен университет „Неофит Рилски“, Благоевград, Технически факултет -18 май, 2017, pp. 12 - 17. ISSN: 2367-9441.

Представената работа демонстрира различни етапи при моделиране на зависимости между масови явления и процеси чрез регресионен анализ по метода на най-малките квадрати. За целта е използван софтуерния пакет Matlab и вградените функции за фитване (апроксимиране). Математическите модели могат да се използват за предсказване на изхода на процеса, за калибриране, или за оптимизиране на процесите.

28. Георги Киров, Димитър Атанасов, Илия Канелов, Стефан Капралов, **Радолсав Мавревски**, Невена Пенчева. Пилотно проучване на торг-скорост криви на екстензорите на колянна става при футболист и неактивно спортуващ мъж. 19-та Студентска научна конференция на факултета „Обществено здраве, здравни грижи и спорт“, 11-ти май 2018 - Университетски център Бачиново, Благоевград, pp. 16 - 19. ISBN 978-954-00-0182-1.

Оценяването на зависимостите торг-скорост на екстензори на коляното при футболисти и сравнителният анализ на съответните криви с тези при нетренирани, позволява да се търсят различия, като критерии за адаптационни изменения в силата при системно натоварване. Анализът е по-пълен когато динамичното натоварване се провежда както в концентричен (преодоляващ) режим, така и при ексцентричен (отстъпващ). Тези изследвания са актуални във връзка с данни в литературата за наличие на асиметрия в силовите възможности на ритация крак (който нанася удара на топката) и опорния крак, както при нетренирани така и при футболисти. Тази асиметрия води до билатерален дефицит в силовите възможности на долните крайници, който е обект на активен изследователски интерес.

Целите на изследването бяха: - да се проведе пилотно проучване върху торга при футболист и нетрениран мъж на една и съща възраст на екстензорите на коляното на ритация и на опорния крак при различни ъглови скорости в ексцентричен и концентричен режим на натоварване; - да се моделира математически зависимостта торг-скорост на екстензорите на коляното; - да се сравнят и анализират различията в кривите между опорния и ритация крак при двете изследвани лица за оценяване на асиметрията и адаптационни изменения при системно трениране при футболиста.

Изследването се проведе в Университетски Център за Функционални изследвания в Спорта и Кинезитерапията. В него участваха: футболист с 20 годишен спортен стаж на 39

години, с телесна маса 76 kg, ръст 179 cm и индекс на телесна маса (BMI) 23.7 kg/m²; и мъж на същата възраст, който не е тренирал системно, но с двигателна активност от веднъж седмично – игра на футбол и ежедневно ходене пеша, с телесна маса 98 kg, ръст 178 cm и BMI 31.9 kg/m². Лицата бяха запознати с целите и дизайна на изследването и подписаха декларации за информирано съгласие.

29. **Mavrevski R.**, Traykov M. Building And Selection An Optimal Mathematical Model Describing A Scientific Or Engineering Process. The 15th International Conference for Informatics and Information Technology (СИТ 2018), 2018, 88-90. ISBN: 978-608-4699-08-8.

Работата демонстрира различни етапи при моделиране на зависимости между масови явления и процеси чрез регресионен анализ по метода на най-малките квадрати, чрез използване на софтуерния пакет Matlab и вградените функции за фитване. Математическите модели могат да се използват за предсказване на изхода на процеса, за калибриране, или за оптимизиране на процесите. Регресионен анализ по метода на най-малките квадрати, чрез използване на софтуерния пакет Matlab може да бъде приложен при моделиране на различни зависимости. Предимството на софтуерния пакет Matlab пред останалите софтуери за регресионен анализ е наличието на специална функция *fminimax*, която чрез подходяща модификация успешно се използва за регресия по метода минимакс. Тъй като моделирането на различни устройства и явления е важно и за двете инженерство и наука, инженери и учени имат различни причини за правене на математическо моделиране. В това проучване експерименталните данни са взети от съществуващата литература и представляват пример за моделиране на продължителността на услугата, зависеща от брой ремонтирани компоненти.

гл. ас. д-р Радослав Мавревски

Abstracts of the scientific works

of Assist. Prof. Radoslav Mavrevski, PhD

for participation in the announced in the SG. 52 of 02 July 2019, competition for the academic position "Associate Professor" in professional field 4.6. Informatics and Computer Science (Bioinformatics and information modeling for experimental data processing)

The scientific works of the candidate are presented in: 1 e-book; 15 (4 of them are equated to monograph work) English-language articles in peer-reviewed and indexed international journals; 7 full text publications in conference proceedings of which 2 in English and 5 in Bulgarian language; and 6 abstracts in English peer-reviewed proceeding from international conferences.

E-BOOK:

1. **Radoslav Mavrevski**. *Introduction to Linux*. e-book. Neofit Rilski University Publishing House, Blagoevgrad, ISBN 978-954-00-0170-8, 2018. 65 pages. <http://newweirdscience.com/os.pdf>

In this book are discussed the main topics related to the Linux operating system: Basic functions of the OS, basic commands in Linux, directories in Linux, writing scripts for BASH shell, arithmetic operations with BASH, conditional operators in BASH, functions with BASH. Specific examples and tasks for exercises in the operating systems discipline are attached to the topics. The exercises are aimed at developing practical skills for working with the Linux operating system from the point of view of its administration.

PUBLICATIONS IN THE JOURNALS:

2. Traykov M., Trencheva M., **Mavrevski R.**, Stoilov A., Trenchev, I. Using partial differential equations for pricing of goods and services. *Scientific Annals of Economics and Business*, 2016, 63(2), 291-298. ISSN: 2501-1960.

This article is based on the methodology of comparative analysis, using an innovative approach for pricing of various goods and services. Benchmarking is the continuous search to find and adapt better pricing methods that leading to increased profits. We will consider the numerical solution of partial differential equations, based on Black-Scholes model for pricing of goods and services within European option. Also, we will present formulation and numerical behavior of explicit and implicit methods that can

be use in pricing for company assets within European option.

3. **Mavrevski R.**, Milanov P., Traykov M., Pencheva N. Assessment of different model selection criteria by generated experimental data. *WSEAS Transactions on Computers*, 2017, 16, 260-268, ISSN: 2224-2872. E-ISSN: 2224-2872. /part of a monographic work/

Model selection is a process of choosing a model from a set of candidate models which will provide the best balance between goodness of fit of the data and complexity of the model. Different criteria for evaluation of competitive mathematical models for data fitting have become available. The main objectives of this study are: (1) to generate artificial experimental data by known models; (2) to fit data with various models with increasing complexity; (3) to verify if the model used to generate the data could be correctly identified through the two commonly used criteria Akaike's information criterion (AIC) and Bayesian information criterion (BIC) and to assess and compare empirically their performance. The artificial experimental data generating and the curve fitting is performed through using the GraphPad Prism software.

4. Milanov P., Koroleova G, **Mavrevski R.**, Pencheva N. Curve fitting problem: torque – velocity relationship with polynomials and Boltzmann sigmoid functions. *Acta of Bioengineering and Biomechanics*, 2018, 20(1), 169-184. DOI: 10.5277/ABB-01048-2017-03. ISSN: 1509-409X. (IF: 1.112). /part of a monographic work/

Purpose: The aim of this study was to investigate the curve fitting and model selection problem of the torque-velocity relationship of elbow flexors and extensors in untrained females. The second goal was to determine the optimal models in different function classes and the best, among the optimal ones. Lastly, test the best models to predict the torque were tested. *Methods:* Using the polynomials (second – fourth degree) and Boltzmann sigmoid functions, and a different presentation of data points (averages, a point cloud, etc.), we determined the optimal models by both error criteria: minimum residual sum of squares and minimum of the maximal absolute residue. To assess the best models, we applied Akaike and Bayesian information criteria, Hausdorff distance and the minimum of the smallest maximal absolute residue and the predictive torque-velocity relationships of the best models with torque values, calculated beyond the experimental velocity interval. *Results:* The application of different error and model selection criteria showed that the best models in the majority of cases were polynomials of fourth degree, with some

exceptions from second and third degree. The criteria values for the optimal Boltzmann sigmoids were very close to those of the best polynomial models. However, the predicted torque-velocity relationships had physiological behavior only in Boltzmann's sigmoid functions, and their parameters had a clear interpretation. *Conclusion:* The results obtained suggest that the Boltzmann sigmoid functions are suitable for modeling and predicting of the torque-velocity relationship of elbow flexors and extensors in untrained females, as compared to polynomials, and their curves are physiologically relevant.

5. **Mavrevski R.**, P. Milanov, M. Traykov, N. Pencheva. Performance comparison of model selection criteria by generated experimental data. *ITM Web of Conferences*, 2018, 16(02006), <https://doi.org/10.1051/itmconf/20181602006>. eISSN: 2271-2097.

In Bioinformatics and other areas the model selection is a process of choosing a model from set of candidate models of different classes which will provide the best balance between goodness of fitting of the data and complexity of the model. There are many criteria for evaluation of mathematical models for data fitting. The main objectives of this study are: (1) to fitting artificial experimental data with different models with increasing complexity: (2) to test whether two known criteria as Akaike's information criterion (AIC) and Bayesian information criterion (BIC) can correctly identify the model, used to generate the artificial data and (3) to assess and compare empirically the performance of AIC and BIC.

6. Traykov M., Yanev N., **Mavrevski R.**, Yurukov B. Algorithm for protein folding problem in 3D lattice HP model. *International Journal of Biology and Biomedicine*, 2018, 3, 16-21. ISSN: 2367-9085.

The prediction of a protein's tertiary structure from the amino acid sequence of a protein is known as the protein folding problem. The protein folding problem in 3D lattice Hydrophobic-Polar model is problem of finding the lowest energy conformation. This is the NP-complete problem. In this article we propose extension of the heuristic algorithm described by some of authors to solve the protein folding problem in 3D cubic lattice in HP model. For computational experiments we use 8 HP sequences that are known in the literature benchmarks for 3D lattice in HP model. We compare the obtained results with results obtained by algorithms for solving the problem in 3D lattice HP model as genetic algorithms, ant-colony optimization algorithm, and Monte Carlo algorithm.

7. Traykov M, Trencheva M., Stavrova E., **Mavrevski R.**, Trenchev I. Risk analysis in the economics through R Language. *WSEAS Transactions on Business and Economics*, 2018, 15, 180-186. ISSN: 1109-9526. E-ISSN: 2224-2899. */part of a monographic work/*

Usually the risk management leads to improved company. Many often are cases, big risk decisions are being made too low in organizations, with staff who don't stimulated to make the right decisions for the organization. The aim of our study is to demonstrate the effectiveness and benefits of good risk management. This article is based on the latest techniques for measuring and managing on risks in various sectors of business. Using the programming language R Language, we show effective way to evaluate and analysis risk. Apply the comparative analysis in the continuing quest to find and adapt better practices for management risk, which leads to increased profits and competitiveness of firms. We showed a good and easy risk management using R Language, which can be useful for a happy and successful career.

8. **Mavrevski R.**, Traykov M., Trenchev I., Trencheva M. Approaches to modeling of biological experimental data with GraphPad Prism software. *WSEAS Transactions on Systems and Control*, 2018, 13, 242-247. ISSN: 1991-8763. E-ISSN: 2224-2856. */part of a monographic work/*

Mathematical models are commonly used in biological sciences. To understand complex biological systems such as cells, tissues, or others, it is not enough to identify and characterize only individual molecules in the system. It also is necessary to obtain a thorough understanding of the interaction between molecules and different pathways. Computational models help investigators to analyze systems, develop hypotheses to guide the design of new experimental tests. Known are mathematical methods referring to different categories of biological processes. Now, modeling approaches are essential for biologists, enabling them to analyze complex physiological processes. The aim of this study is to presents a step-by-step applying non-linear regression analysis for fast and effective data analysis in the biology. To achieve this aim is used non-linear regression analysis method by GraphPad Prism software and the modeling of specific experimental data taken from available literature. Nonlinear regression is an extremely useful tool in analyzing data, but choosing a model is a scientific decision based on biology, chemistry or physiology and etc. and not be based solely on the shape of the graph.

9. Traykov M., Yanev N., **Mavrevski R.**, Yurukov B. Protein Folding in 3D Lattice HP Model Using Heuristic Algorithm. *WSEAS Transactions on Circuits and Systems*, 2018, 18(12), 89-98. ISSN: 1109-2734. E-ISSN: 2224-266X.

The proteins play a key role in many vital functions in living organisms. The tertiary structure of the proteins determines their functions. Predicting of a protein's tertiary structure can be the base for development of treatments for diseases such as Alzheimer's disease and cystic fibrosis. Therefore, the predicting of a protein's tertiary structure from its amino acid sequence from long time is one of the fundamental problems in computational biology, molecular biology, biochemistry, and physics. The prediction of a protein's tertiary structure from its amino acid sequence is known as Protein Folding Problem. This is the NP-complete problem. In this article we propose extension of the heuristic algorithm that solves the problem in 2D (described by some of authors on this article) to solve the protein folding problem in 3D lattice HP model.

10. Trenchev I., Traykov M., **Mavrevski R.**, Popchev V. Investigation of the Relationship Between the Hydrophobicity of an Amino Acid and Codon, which Shall Encodes. *WSEAS Transactions on Systems and Control*, 2018, 13, 401-408, ISSN: 1991-8763. E-ISSN: 2224-2856.

In this article we did a brief review of mathematical models for studying the genetic code. We investigate how the hydrophilicity of amino acids effect of the structure. Presented a model, in this article, describe nucleotide sequences, about different levels of evolution of the proteins. Mathematical analysis of the construction and possible evolutionary scenario is presented in discussion. The code evolution is based on formal schemes whose relevance simple mutation and cardinality of synonymous set which codes one amino acid.

11. Ferezliev A. **Mavrevski R.** Delkov A. Correlation between average and dominant height of middle-aged Douglas fir plantations in the north-west rhodopes. *Silva Balcanica*, 2018, 19(2), 13-26. ISSN: 1311-8706.

The correlation between average and dominant height of Douglas fir plantations in the North-West Rhodopes was studied. Seven regression models were tested, the normal distribution of

experimental data was preliminary well-grounded through application of suitable tests and very high correlation was proved between studied quantities. On the basis of information criteria AIC and BIC, the optimal linear model of the investigated correlation was selected ($H_{dom} = 2.378 + 1.009H_{av}$), which validity was confirmed by investigation residual values diagram. The suggested model allows calculation of the dominant height through the average one to make a local growth table for Douglas fir and to assess the productivity of its plantations in the region investigated.

12. **Mavrevski R.**, Traykov M. Visualization software for hydrophobic-polar protein folding model. *Scientific Visualization*, 2019, 11(1), 11-19. DOI: 10.26583/sv.11.1.02. ISSN 2079-3537.

The simplest and most used models of protein folding is the Hydrophobic-Polar (HP) model. The HP model labeling the amino acids as Hydrophilic (H) or Polar/hydrophilic (P). The folding of amino acids sequence is configured as self-avoiding walks on the 2D or 3D lattice, where the optimal conformation has maximum number of contacts between H amino acids (H-H contacts) that are not adjustment in amino acid sequence. In this paper, we develop and present software for visualization of HP protein folding problem under the HP model on the 2D square lattice. For the development of HP folding visualization software, we used MS Visual Studio, .NET Framework 2.0 and C# language. If we have HP sequence and folding results for this sequence, obtained by optimization software as CPLEX or GUROBI, then using the 2D visualization software we can visualize the obtained results in square lattice. This visualization software is a valuable tool for the study of HP folding and is a great pedagogic instrument. All figures of HP folding included in this paper are actual screenshots of our visualization program.

13. **Mavrevski R.**, Traykov M. Trenchev I. Interactive approach to learning of sorting algorithms. *International Journal of Online and Biomedical Engineering*, 2019, 15(8), 120-134. eISSN: 2626-8493.

Today we live in a society of high technologies, advanced information and communication systems in every field, including education. So, in modern education, teachers make full use of the possibilities of modern Information and Communication Technologies (ICT). In this case, the attitude of the teachers towards the use of computers, to achieve the educational goals, is very important. To have the technologies sustained and significant effect, students in secondary and

higher schools need to understand how to use them. The goal of this article is to help of students in secondary and higher schools to acquire enough practical programming skills and to learn the sorting algorithms, i.e. the article considers basic sorting algorithms. We developed and describe here software with name “Visual sorting” that shows visual, the execution of the basic sorting algorithms: Bubble sort; Selection sort; Insertion sort; Merge sort. Also, our software provides interactive tracking of the performance (step by step) of different sorting algorithms.

14. Traykov M., **Mavrevski R.**, Trenchev I. Modeling of digital converter for GSM signals with MATLAB. *International Journal of Electrical and Computer Engineering*, 2019, 9(5), 4417-4422. DOI: 10.11591/ijece.v9i5.pp4417-4422. ISSN: 2088-8708.

In this study will simulate steady state of Digital Down Converter (DDC) for GSM signal with a narrow frequency range. The MATLAB model that is described in this article simulates the work of the TIGC4016 Quad Digital Down Converter. This converter is used for digital mixing (down conversion) of signals, narrow band low-pass filtering and decimation. To implementation of the model, we use high sample-rate (69,333 MSPS) bandpass signal. The result contains low sample-rate (270.83 KSPS) baseband signal, thus facilitating the demodulation process.

15. **Mavrevski R.**, Traykov M., Trenchev I. Multitasking in Embedded System Designs. *International Journal of Electrical and Computer Engineering*, 2019, 15(9), 44-57. eISSN: 2626-8493.

It is common knowledge in Information Technology (IT) that an embedded system is based on microprocessor and is built to control a function or a range of functions. Although, it is not designed to be programmed by the end user in the same way that a PC is, it is designed to perform one particular task with choices and different options. Multitasking is a method by which multiple tasks, also known as processes, share common processing resources, such as CPU. The main aim of this paper is analysis of the design of the embedded systems and a focus on mid-level abstractions for concurrent programs.

16. **Mavrevski R.** Modelling in food technology. *WSEAS Transactions on Biology and Biomedicine*, 2019, 16, 69-74. ISSN: 1109-9518. E-ISSN: 2224-2902.

The modelling in food technology is concerned with the question of the best model choice. The aim of the presented work is to show the basic methods for modelling and criteria for model selection in food technology, in order to develop a reliable approach for prediction of their behavior. Models in food technology, at the simplest level, are equations showing the relationship between two or more variables. Mathematical model of a process can be defined as a system of equations whose solution, given specified input data, is representative of the response to a corresponding set of inputs. Curve fitting and statistics in this work was made by Prism software. Akaike's information criteria (AIC) and Bayesian information criteria (BIC) was used in the model selection.

FULL TEXT PUBLICATIONS AND ABSTRACTS IN CONFERENCE PROCEEDINGS

17. Koroleova G., **Mavrevski R.**, Kanelov I., Pencheva N., Milanov P., Assessment of elbow torque-velocity curve fitting with different optimisation criteria, Book of abstracts, The 20th annual congress of the European College of Sport Science, Malmö, 2015, p. 477. ISBN: 978-91-7104-567-6.

Introduction: This study concerns the elbow torque-velocity relationships of flexors and extensors. The aim was to compare four optimization criteria for assessment of the optimal fitting of these relationships with polynomials. *Methods:* The isokinetic torque of the elbow flexors and extensors of ten females was obtained under six velocities [$^{\circ}/s$]: 0, 30, 75, 120, 150, 210. The least squares fitting (averages or cloud point data) of torque-velocity curves with 2nd to 4th order polynomials was assessed with Akaike information criteria (AIC), Bayesian information criteria (BIC), Minimizing the maximum residual (MMR) and Hausdorff distance criteria (HDC). The predictive relationships with the values of the optimal coefficients were also fitted. *Results:* All criteria uniquely determined the 4th order polynomial as optimal for flexors (AIC = -89.09, BIC = -6.4, MMR, HDC = 0.36) and extensors (AIC = -76.04, BIC = 6.72, MMR, HDC = 1.3), when averages were used. The same conclusion was obtained by using point cloud data with the exception of BIC for extensors and AIC and BIC for flexors, where 2nd order was optimal. Non-physiological

curvatures were obtained with polynomials of degree greater than. *Discussion:* The graphics of polynomials from 2nd to 4th order were curvatures with acceptable behavior, similar to other authors. AIC, BIC, MMR and HDC uniquely pointed out that the 4th order polynomial is an optimal model for elbow flexors and extensors, when fitting with averages, while with point cloud data AIC and BIC reveal different assessment. So, the AIC and BIC are less reliable, although commonly used, while MMR and HDC are rather novel. However, in this study, the least squares fitting was used without constraints, and the graph of the 4th order polynomial is quite different from those of the classical force-velocity relationship. It remains an open question if the fitting method with constraints and polynomials will provide accurate physiological torque-velocity curves in elbow flexors and extensors, or it should be investigated with other (non polynomial) logistic equations.

18. Todorin I., Trenchev I., Stoilov A., **Mavrevski R.**, Traykov M. A Model for HP Folding Prediction Using Increasing Constrain for Spreading in the Process of Making Conformations. (abstract). Proceedings of the Biomath Communications – BIOMATH2015, 2015, vol. 2 (1), p. 88. ISSN: 2367-5233.

The 3D structure of proteins is the major factor that determines their biological activity. The synthesis of new proteins and the crystallographic analysis of their 3D structure is very slow and very expensive process. If we can predict the 3D structure of many proteins, than only proteins with expected properties have to be synthesized. The main idea, implemented in our research, is not to use lattice cube with constant size to make possible conformations in this space, but to use flexible constrain for spreading away from the center of the formed molecule, which constrain has a coefficient that can vary in the process of folding according the percentage of failing to make possible conformation, caused by lack of space. Less space allowed causes difficulties to make the conformations but the achieved forms are more compact and with lower energy. More space causes making many useless random conformations and more computational time is needed to find the best conformation and to make the same one more times in this random process in order to have bigger probability that it is the best one. This method may be used in every other model for protein folding prediction to improve the computational time and the probability of finding the accurate 3D structure our results show that advantage.

19. Todorin I, Traykov M., **Mavrevski R.**, Stoilov A., Trenchev I. 3D Visualization of the Biological Structures. (abstract). Proceedings of the Biomath Communications – BIOMATH2015, 2015, vol. 2 (1), p. 89, ISSN: 2367-5233.

In this paper we aim to present a visualization of 3D model of a protein using data stored in a molecular structure file. All our examples will be realized with geometry and texturing in Maya. It will also be used a very practical application of MEL scripting to automate a modeling. It will be presented a simulations of DNA permeation through nanopores using NAMD, VMD and Maya. In this work we will briefly describe this technique and the possibilities for its use.

20. Traykov M, Trench Eva M., Todorin I., **Mavrevski R.**, Stoilov A., Trenchev I. Risk Analysis with R Language. Proceedings of the Sixth International Scientific Conference – FMNS2015 (Math. Nat. Sci.), 2015, vol. 1, pp. 137 – 146. ISSN: 1314-0272.

This article is based on the latest techniques for measuring and managing on risks in various sectors of business. Using the programming language R Language we show effective way to evaluate and analysis risk.

21. Georgieva A. Kurkchiyska I., **Mavrevski R.**, Bakhchevandzhieva R. Identification of some risk factors for cardiovascular diseases and their dependencies in students. 16th Student Scientific Conference "Kinesitherapy and Sport", Blagoevgrad, Bulgaria, April, 2015, vol. 1, pp. 19 - 21.

Among the risk factors for cardiovascular disease are: high blood pressure, overweight, smoking, diabetes mellitus, family burden. Studies on the presence of risk factors for the cardiovascular system and their dependencies are important for the prevention of socially significant cardiovascular disease.

The purpose of this study was to determine the presence and correlation between the observed risk factors for cardiovascular disease in college students.

The subject is monitored by 32 second and third year kinesitherapy students, aged 20.0 ± 5.0 years. The subjects measured the values of systolic and diastolic blood pressure, arterial pulse and

waist circumference. Body mass index was calculated. Data were processed by variational analysis with Graph Pad Prism.

22. **Mavrevski R.**, Koroleova G., Pencheva N., Milanov P., Yurukov B. The Hausdorff distance as a criterion for the optimal model selection in torque-angle relationships. (abstract). International Congress on Mathematics MICOM, Athens, September, 2015, pp. 45. ISSN: 1105-7955.

Purpose: The Hausdorff distance is commonly used as a proximity measure between two sets of points. The aims of the presented work were: (1) to test the possibility to use the Hausdorff distance as a criterion for selection of the optimal model from different class models for fitting of torque-angle relationships of elbow extensors and (2) to compare its performance with other commonly used criteria as Akaike's information criterion, Bayesian information criterion, and minimizing the maximum residual.

Methods: The peak torque of maximum isometric voluntary contractions of elbow extensors of females (21.0 ± 1.5 years) was measured by isokinetic dynamometer in over a wide range of angular positions (0.26 – 2.62 rad). Finding the best torque-angle relationships is equivalent to the choice of the “optimal” fitting model from some classes of polynomial models with respect to the experimental data. The following three methods were applied for polynomial fitting: least squares, robust and minimax.

Results: It was found that: (1) the “optimal” model for fitting the torque-angle relationship of elbow extensors is fourth order polynomials and (2) the Hausdorff distance could be used as a criterion for assessment of the “optimal” polynomial fitting, as compared with Akaike's information criterion, Bayesian information criterion and minimizing the maximum residual.

Conclusion: (1) three fitting models, three fitting methods and four criteria for model selection and assessment of quality of polynomial fitting were studied and (2) the Hausdorff distance could be used as a criterion for the “optimal” model selection in torque-angle relationships.

23. Trenchev I., **Mavrevski R.**, Stoilov A., Traykov M., Yurukov B. Computer graphics's application in Bioinformatics. (abstract). International Congress on Mathematics MICOM, Athens, September, 2015, pp. 35. ISSN: 1105-7955.

This paper provides a report about use of computer graphics and mathematical models for the creation of 3D objects in bioinformatics. Readers interested in three-dimensional graphics will find different ways of visualization of biological structures, converting file formats directly used in 3D. Also, we will present computer software for 3D visualization and how it should be adapted to the needs of a bioinformatics researcher. We will examine the preproduction process for 3D structure of molecule and computer graphics. Also, by the computer graphics we can show a visualization of 3D model of a protein using data stored in a molecular structure file.

24. Smilkov K., Hristov S., Traikov M., **Mavrevski R.** Finding and visualizing the shortest path in a graph using C # and WPF. First SDSS-2016 Student and PhD Students Science Session, South-West University "Neofit Rilski", Blagoevgrad, Faculty of Engineering -19 -20 May, 2016, vol. 1, pp. 54 - 60. ISSN: 2367-9441.

The shortest path problem is a classic problem in mathematics and computer science with applications in Economics (sequential decision making, analysis of social networks, etc.). The presented work is an example of realizing and applying of Dijkstra's algorithm to find the shortest path between two vertices in a connected, undirected graph, which is often a solved problem at a time annual International Olympiad in Informatics. For this purpose, are used the technologies, .NET 4.0, Visual Studio 2010, and WPF for the graphical user interface. The implemented program allows drawing an undirected graph, visualizing the shortest path between two vertices and finding its value.

25. Belyova D., Pavlova V., **Mavrevski R.**, Trenchev I. Visualization of biological macromolecules. First SDSS-2016 Student and PhD Students Science Session, South-West University "Neofit Rilski", Blagoevgrad, Faculty of Engineering -19 -20 May, 2016, vol. 1, pp. 69 - 75. ISSN 2367-9441.

Structural bioinformatics is one of the key research areas in the field of computational biology. It is dedicated to the analysis and prediction of the three-dimensional (3-D) structure of biological macromolecules such as proteins, RNA and DNA. The real structure is obtained by crystallography (X-ray diffraction), electron microscopy or magnetic resonance tomography. One of the major problems in structural studies in bioinformatics is the prediction of three-dimensional

protein structures and ways of visualizing molecules. In this paper, we give an overview of computer graphics, its application in bioinformatics research and ways of visualization.

26. **Mavrevski R.**, Milanov P., Yurukov B. Comparison and assessment of commonly used model selection criteria in modeling of experimental data. (abstract). *Biomath Communications - Featuring International Conference BIOMATH2016*, 2016, 3(1), pp. 46. ISSN: 2367-5233.

Model selection is a process of choosing a model from a set of candidate models, which will provide the best balance between goodness of fit of the data and complexity of the model. Different criteria for evaluation of competitive mathematical models for data fitting have become available.

This research has several specific objectives: (1) to generate artificial experimental data by known models; (2) to fit data with various models with increasing complexity; (3) to verify if the model used to generate the data could be correctly identified through the two commonly used criteria Akaike's information criterion (AIC) and Bayesian information criterion (BIC) and to assess and compare empirically their performance.

The artificial experimental data generating and the curve fitting is performed through using the GraphPad Prism software.

27. Smilkov K., Hristov S., Traykov M., Mavrevski R. Construction and selection of an optimal mathematical model describing a scientific or engineering process. *SDSS-2017 Student and PhD Students Science Session, South-West University "Neofit Rilski", Blagoevgrad, Faculty of Engineering-May 18, 2017*, pp. 12 - 17. ISSN: 2367-9441.

The presented work demonstrates different stages in modeling the relations between mass phenomena and processes by regression analysis using the least squares method. The Matlab software package and the built-in fit (approximation) functions were used for this purpose. Mathematical models can be used to predict the outcome of a process, to calibrate, or to optimize processes.

28. Georgi Kirov, Dimitar Atanasov, Iliya Kanelov, Stefan Kapralov, **Radolsov Mavrevski**, Nevena Pencheva. A pilot study of torque-velocity curves of knee extensors in a football player and an inactive sports man. *19th Student Scientific Conference of the Faculty of Public Health, Health*

Care and Sports, May 11, 2018 - University Center Bachinovo, Blagoevgrad, pp. 16 - 19. ISBN 978-954-00-0182-1.

The estimation of the torque-velocity dependencies of knee extensors in football players and the comparative analysis of the corresponding curves with those of the untrained, allows one to look for differences as criteria for adaptive changes in the strength at system load.

The objectives of the study were: - to conduct a pilot study on the torque of football players and untrained men at the same age of knee extensions of the kicking and of the support leg at different angular velocity in eccentric and concentric load modes; - To model the mathematical dependence torque-velocity of the extensors of the knee; - to compare and analyze the differences in the curves between the supporting and kicking legs of the two subjects to evaluate the asymmetry and adaptive changes in systematic training in the football player.

The study was conducted at the University Center for Functional Research in Sports and Kinesitherapy.

29. **Mavrevski R.**, Traykov M. Building And Selection An Optimal Mathematical Model Describing A Scientific Or Engineering Process. The 15th International Conference for Informatics and Information Technology (CIIT 2018), 2018, 88-90. ISBN: 978-608-4699-08-8.

The presented work demonstrates different stages in the modeling of relation-ships between mass phenomena and processes by regression analysis using the least squares method. For this purpose, is used the software package Matlab and the built-in fitting functions. Mathematical models can be used to predict process output, calibrate, or optimize processes. Since the modeling of different devices and phenomena is important to both engineering and science, engineers and scientists have very different reasons for doing mathematical modeling. In this study the experimental data are taken from existing literature and represent example of a of the length of the service depended on the number of repaired components.

Assist. Prof. Radoslav Mavrevski, PhD