

Д. С. ІВАЩЕНКО, старший викладач кафедри системного аналізу та інформаційно-аналітичних технологій, Національний технічний університет «Харківський політехнічний інститут», м. Харків, Україна; e-mail: daria.ivashchenko@khp.edu.ua; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7365-111X>.

О. С. КУЦЕНКО, доктор технічних наук, професор, професор кафедри системного аналізу та інформаційно-аналітичних технологій, Національний технічний університет «Харківський політехнічний інститут», м. Харків, Україна; e-mail: oleksandr.kutsenko@khp.edu.ua, ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6059-3694>.

МУЛЬТИАГЕНТНА ІМІТАЦІЙНА МОДЕЛЬ ПОШИРЕННЯ ІНФЕКЦІЙНИХ ЗАХВОРИЮВАНЬ

Метою дослідження є розробка мультиагентної імітаційної моделі для прогнозування поширення інфекційних захворювань, зокрема COVID-19. В умовах пандемії COVID-19 виникла нагальна потреба у створенні інструментів для прогнозування та аналізу динаміки епідемії, а також оцінки ефективності управлінських рішень. Використання математичних моделей у цьому процесі дозволяє адекватно описувати динаміку поширення інфекцій, що є важливим для прийняття обґрунтованих рішень. У статті розглядаються традиційні підходи до моделювання епідемії, такі як модель «хижак–жертва» та компартментальна модель SIR (Susceptible-Infectious-Recovered). Модель «хижак–жертва» описує взаємодію між двома видами в екосистемі за допомогою диференціальних рівнянь, що дозволяє моделювати динаміку популяцій. Компартментальна модель SIR поділяє населення на три групи: вразливі, інфіковані та одужалі, що дозволяє аналізувати поширення інфекційних захворювань. Проте ці моделі мають обмеження, зокрема через припущення про однорідність популяції та сталість параметрів. Для більш точного моделювання складних епідемічних процесів було розроблено мультиагентну імітаційну модель. У цій моделі агенти взаємодіють у визначеній області, імітуючи реальні умови поширення інфекції. Агенти поділяються на три класи: здорові, інфіковані та одужалі. Рух агентів моделюється за допомогою випадкового блукання у двовимірному просторі з урахуванням можливості контакту між ними, що може призвести до зараження. Інфіковані агенти після певного періоду захворювання переходять у клас одужалих і більше не можуть інфікуватися. Результати моделювання показали, що мультиагентна модель дозволяє більш точно прогнозувати динаміку поширення інфекцій. Було проведено численні експерименти, які продемонстрували адекватність моделі у відтворенні процесу інфікування, пікових значень захворюваності та періоду одужання. Досліджено вплив різних параметрів, таких як тривалість захворювання, на динаміку епідемії. Отримані результати підтверджують, що врахування індивідуальних характеристик та поведінкових особливостей агентів покращує точність моделювання. Це дозволяє використовувати мультиагентну імітаційну модель для розробки ефективних стратегій контролю та прогнозування поширення інфекційних захворювань, що може бути корисним для прийняття управлінських рішень у реальних умовах пандемії.

Ключові слова: епідемія, імітаційне моделювання, модель, SARS-CoV-2, пандемія, прогнозування, математичне моделювання

Вступ. З поширенням коронавірусу SARS-CoV-2 (COVID-19) з'явилася потреба у прогнозуванні масштабів можливої соціальної шкоди, термінів піку та завершення епідемії, а також у визначенні ефективності можливих управлінських рішень для запобігання поширенню хвороби в умовах біолого-соціальної надзвичайної ситуації [1]. У цьому контексті математичні моделі, що описують ці процеси, стають важливим інструментом. На сьогодні існують різні підходи до моделювання поширення епідемії, які можуть бути використані для аналізу подій та порівняння альтернативних шляхів розвитку в залежності від управлінських рішень.

Огляд математичних моделей. Математичне моделювання в епідеміології є важливою галуззю, яка дозволяє вивчати та прогнозувати поширення інфекційних захворювань в популяції [2]. Початок цієї галузі можна віднести до робіт, де ефективність вакцинації проти вітряної віспи вперше була досліджена з використанням математичних підходів. Одним з ключових досягнень є розробка моделей, які базуються на законі збереження маси, що дозволяють адекватно відтворювати динаміку захворювань в популяції. Серед них можна виділити «хижак-жертва» та компартментальні моделі, включаючи модель SIR (Susceptible-Infectious-Recovered) [3–5].

Однією з класичних математичних моделей є модель «хижак-жертва», вона використовується для опису взаємодії між двома видами в екосистемі: один

вид, відомий як «хижак», полює на інший вид, відомий як «жертва» [6–8]. Ця модель може бути застосована в різних контекстах, включаючи біологію, екологію та інші галузі.

В моделі «хижак–жертва» зазвичай використовуються два диференціальні рівняння для опису змін в популяціях обох видів з часом:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = \alpha x - \beta xy, \\ \frac{dy}{dt} = -\gamma y + \delta xy, \end{cases}$$

де α , β , γ , і δ – це параметри, які визначають характеристики взаємодії між хижаками і жертвами.

α – представляє природний приріст хижаків (без урахування жертв);

β – визначає частку успішних хижаків, які виживають, полюючи на жертв;

γ – вказує на швидкість природного вимирання жертв,

δ – визначає, як часто хижак і жертва взаємодіють.

Математична модель SIR широко використовується для аналізу поширення інфекційних захворювань, таких як SARS-CoV-2. Ця модель розглядає населення як сукупність осіб, які можуть перебувати в одній із трьох основних категорій S – Susceptible (вразливий), I – Infected (інфікований) та R – Recovered

© Іващенко Д. С., Куценко О. С., 2024



Дослідницька стаття: Цю статтю опубліковано видавництвом *НТУ «ХПІ»* у збірнику «Вісник Національного технічного університету «ХПІ». Серія: Системний аналіз, управління та інформаційні технології». Ця стаття поширюється за міжнародною ліцензією [Creative Commons Attribution \(CC BY 4.0\)](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/). **Конфлікт інтересів:** Автор/и заявив/или про відсутність конфлікту.



(одужавший) [9-11]. SIR модель дозволяє врахувати значну кількість факторів, що впливають на динаміку поширення коронавірусної інфекції. Однак через спрощену природу цієї моделі вона не враховує всі аспекти динаміки поширення коронавірусної інфекції. Модель SIR має наступний вигляд:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\alpha \frac{SI}{N}, \\ \frac{dI}{dt} = \alpha \frac{SI}{N} - \beta I, \\ \frac{dR}{dt} = \beta I, \end{cases}$$

де $S(t)$, $I(t)$ та $R(t)$ – кількість вразливих, інфікованих та одужавших осіб відповідно;

$N = S(t) + I(t) + R(t)$ – загальна кількість населення;

α – коефіцієнт передачі інфекції, залежний від частоти контактів;

β – коефіцієнт одужання, який визначає швидкість виходу інфікованих осіб з інфекції.

Моделі SIR та «хижак-жертва» надзвичайно корисні для розуміння розповсюдження епідемій та динаміки популяцій, але вони не є досконалими через свої спрощення. Вони часто передбачають однорідність популяції, випадкову взаємодію між її членами та сталість параметрів з часом, не враховуючи при цьому індивідуальні відмінності, складну соціальну динаміку та змінність у часі. Такі спрощення можуть призвести до недооцінки реальних ризиків та неефективності стратегій контролю епідемій.

Мультиагентний підхід до імітаційної моделі розповсюдження епідемій.

Враховуючи обмеження існуючих моделей, виникла потреба у розробці нової імітаційної моделі, яка повинна враховувати складніші та більш реалістичніші аспекти епідемічних процесів.

Агентний підхід передбачає використання індивідуальних агентів, кожен з яких має власні характеристики та поведінкові правила. Цей підхід дозволяє моделювати взаємодії між окремими агентами, враховуючи їхню індивідуальну різноманітність, мобільність та адаптивну поведінку [12]. Така модель може відтворювати складні соціальні структури і динамічні зміни, що відбуваються у популяції під час епідемії. Агентний підхід також враховує випадкові контакти між людьми, різні рівні сприйнятливості до інфекції та інші фактори, що можуть суттєво впливати на динаміку епідемічного процесу.

На основі вище зазначеної інформації було розроблено математичну модель поширення епідемії у двовимірній області:

$$R^2 = \{x \in [0,1], y \in [0,1]\}.$$

У заданій області випадковим чином розміщуються і переміщуються N агентів A_1, A_2, \dots, A_N .

Процес розглядається у дискретному часі t_k з кроком τ :

$$t_{k+1} = t_k + \tau,$$

де $k = 0, 1, \dots$

Траєкторії агентів у просторі R^2 описуються вектором:

$$P_j = (r_j^0, r_j^1, r_j^2, \dots, r_j^k), j = 1 \dots N,$$

де $r_j^k = (x_j^k, y_j^k)$ – декартові координати j -го агента в k момент часу.

Рух агентів P_j будується на основі випадкового блукання:

$$\begin{cases} x_j^{k+1} = x_j^k + v_{x_j}^k \tau, \\ y_j^{k+1} = y_j^k + v_{y_j}^k \tau, \end{cases}$$

де $v_{x_j}^k$ і $v_{y_j}^k$ – рівномірно розподілені значення в діапазоні $[-1, +1]$.

На межах області R^2 , якщо $x_j^{(k+1)} \notin [0,1]$ або $y_j^{(k+1)} \notin [0,1]$, де відповідні значення обчислюються за співвідношеннями:

$$\begin{cases} x_j^{(k+1)} = x_j^{(k)} - v_{x_j}^{(k)} \tau, \\ y_j^{(k+1)} = y_j^{(k)} - v_{y_j}^{(k)} \tau. \end{cases}$$

Агенти A_1, A_2, \dots, A_N , по аналогії з SIR-моделлю, розділені на три класи: S – здорові, схильні до зараження, R – здорові агенти, що одужали, I – хворі, носії інфекції. Стан i -го агента задається логічною функцією:

$$\delta_{i^{(k)}} = \begin{cases} 0, & k = 0, 1, \dots, k' \dots k'' + 1, \\ 1, & k = k' + 1 \dots k'' - 1. \end{cases}$$

Момент зіткнення агентів k' відповідає контакту між носієм інфекції та здоровим агентом. Момент k'' – це час, коли інфікований агент перестає бути носієм інфекції та переходить у стан агента що одужав R . Він визначається як сума моменту контакту k' , коли відбувся початковий контакт між носієм інфекції та здоровим агентом і тривалості захворювання l :

$$k'' = k' + l.$$

Контакт між агентами A_i та A_j оцінюється за різницею їх координат:

$$\begin{cases} |x_i^{(k)} - x_j^{(k)}| \leq \varepsilon, \\ |y_i^{(k)} - y_j^{(k)}| \leq \varepsilon. \end{cases}$$

Після завершення періоду захворювання агент переходить у клас R – здоровий агент, з імунітетом, що більше не може інфікуватись.

Результати та обговорення. Використовуючи запропоновану імітаційну модель було проведено серію обчислювальних експериментів. На рис. 1 зображено результати моделювання розповсюдження захворювання для 100 агентів з тривалістю захворювання $l = 5$.

Далі на всіх рисунках червоний колір відображає кількість хворих, зелений – агентів, що одужали, а сірий – здорових. З рис. 1, *a* видно, що на початку моделювання є лише один інфікований агент, після того як заражений агент наближається до інших він передає захворювання, таким чином починається стрімке розповсюдження інфекції, котре досягає свого максимального значення при $t = 7$ (див. рис. 1, *б*). Потім починається поступовий ріст кількості агентів R , а кількість агентів класу I поступово зменшується. Остаточне одужання усієї популяції досягається при значенні часу $t = 20$ (див. рис. 1, *в*).

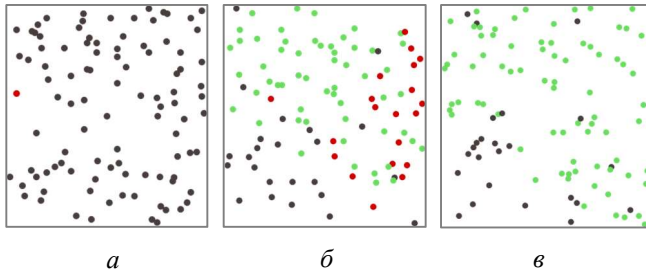


Рис. 1. Результати моделювання при різних значеннях часу:
a – початок моделювання при значенні часу $t = 0$;
б – результат моделювання при значенні часу $t = 7$;
в – результат моделювання при значенні часу $t = 20$

Так, на рис. 2 зображено результати моделювання розповсюдження захворювання для 100 агентів з тривалістю захворювання $l = 5$. Як можна побачити на рисунку, з початку інфікування йде стрімке розповсюдження інфекції, котре досягає свого максимального значення при $t = 7$. Потім починається поступовий ріст кількості агентів R , а значення агентів класу I поступово зменшується. Остаточне одужання усієї популяції досягається при значенні часу $t = 20$.

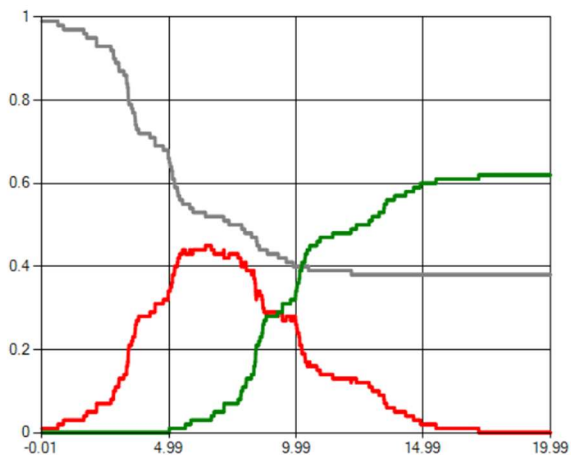


Рис. 2. Зміна динаміки захворювання з часом. Час кроку $\tau = 0.01$, кількість агентів $N = 100$, дистанція взаємодії $\varepsilon = 0.03$, тривалість захворювання $l = 5$

У даній роботі було проведено серію з 100 чисельних експериментів з тими ж самими параметрами моделювання (див. рис. 3). Як можна побачити на

рисунку, при збільшенні статистики тенденції розповсюдження захворюваності не змінюються: так саме пік захворюваності спостерігається біля значення часу $t = 7$, однак час повного одужання збільшується до $t = 40$, що може бути обумовлено впливом стохастичних факторів. Слід зазначити, що якісний перебіг інфекції не змінюється при збільшенні статистики (див. рис. 4).

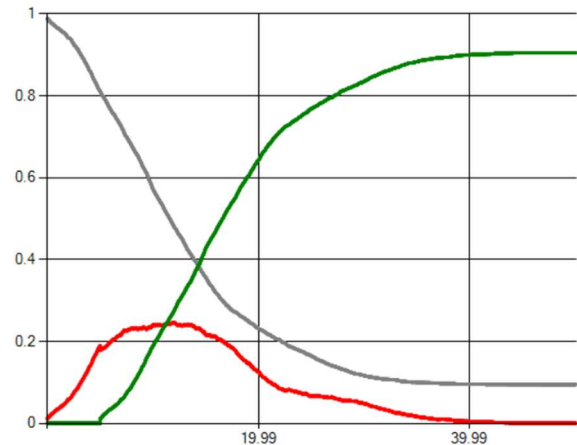


Рис. 3. Результати узагальнення 100 експериментів.
 Час кроку $\tau = 0.01$, кількість агентів $N = 100$,
 дистанція взаємодії $\varepsilon = 0.03$, тривалість
 захворювання $l = 5$, час моделювання $t = 50$

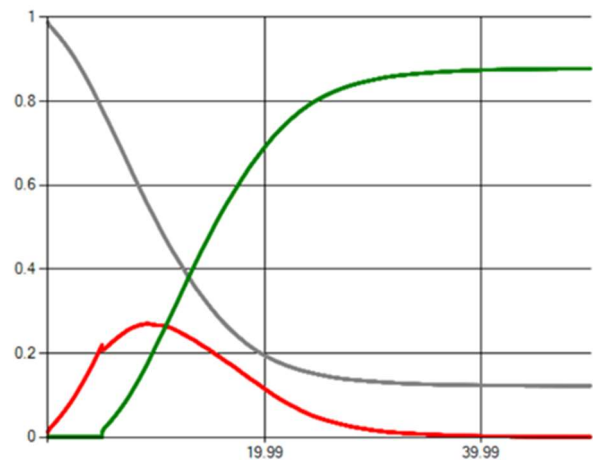


Рис. 4. Результати узагальнення 1000 експериментів.
 Час кроку $\tau = 0.01$, кількість агентів $N = 100$,
 дистанція взаємодії $\varepsilon = 0.03$, тривалість
 захворювання $l = 5$, час моделювання $t = 50$

В рамках даної роботи було проведено дослідження впливу тривалості захворювання агентів на перебіг розповсюдження інфекції. На рис. 5 наведено результати моделювання інфікування для різних значень l . Як видно з рисунку, збільшення тривалості захворювання суттєво впливає на динаміку поширення пандемії. Так, при збільшенні параметру l від 8 до 12 змінюється пік максимальної кількості захворювань спостерігається більш помітне зростання кількості заражених осіб на протязі певного періоду часу $t = 10$ до $t = 18$, а кількість інфікованих у піку захворювання

збільшується з 40 % до 65 %. Також, при тривалості захворювання $l \geq 10$ вже всі агенти інфікуються, що не спостерігається при менших значеннях параметру.

Таким чином, отримані результати підкреслюють важливість урахування тривалості захворювання при розробці стратегій контролю і прогнозування поширення пандемії. Врахування цього параметра дозволяє краще зрозуміти динаміку інфекційного процесу та розробляти ефективні заходи для його обмеження.

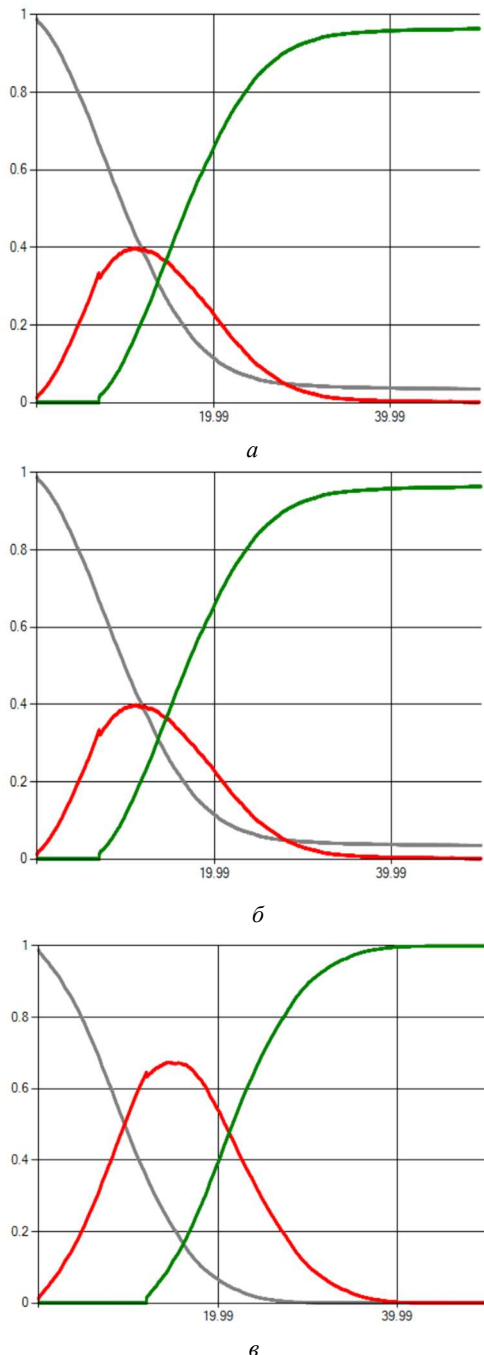


Рис. 5. Результати моделювання з різними часом захворювання: а – результат моделювання з тривалістю захворювання $l = 8$; б – результат моделювання з тривалістю захворювання $l = 10$; в – результат моделювання з тривалістю захворювання $l = 12$

Висновки. Отримані результати експериментів підтверджують важливість урахування тривалості захворювання при аналізі та прогнозуванні поширення інфекційних захворювань. Збільшення тривалості захворювання суттєво впливає на динаміку пандемії, що може призвести до затримки процесу вилікування та збільшення загальної кількості заражених, що свідчить про необхідність урахування цього параметра при розробці стратегій контролю та прогнозування поширення захворювань. Отримані результати можуть досить точно обґрунтувати прийняті управлінські рішення, спрямовані на обмеження поширення епідемії.

Список використаної літератури

1. Иванов М. В. *Математическое моделирование процесса пандемии: теория и практика*. URL: <https://indsi.ru/2020/04/30/математическое-моделирование-проце/> (дата звернення: 15.11.2020).
2. Івашченко Д. С., Кутценко О. С. Огляд і аналіз методів моделювання процесу розвитку епідемії. *Вісник Національного технічного університету «ХПІ»*. Сер.: Системний аналіз, управління та інформаційні технології. 2021. № 1 (5). С. 16–19.
3. Мاستихин А. В. *Финальные вероятности для марковских процессов эпидемии: дис. ... канд. физ.-мат. наук: 01.01.05* Москва, 2011. 93 с.
4. Авиллов К. *Математическое моделирование в эпидемиологии как задача анализа сложных данных*. URL: <http://download.yandex.ru/company/experience/seminars/KAvilovmatmodelirovanie.pdf> (дата звернення: 07.04.2021).
5. Allen L. J. S. *An Introduction to stochastic epidemic models*. URL: <http://eaton.math.rpi.edu/csums/papers/epidemic/allenstochasticepidemic.pdf> (дата звернення: 03.04.2021).
6. Апонин Ю. М., Апонина Е. А. Математическая модель сообщества хищник – жертва с нижним порогом численности жертвы. *Компьютерные исследования и моделирование*. 2009. № 1. С. 51–56.
7. Evans C., Findley G. A new transformation for the Lotka – Volterra problem. *Journal of Mathematical Chemistry*. 1999. № 25 (1). P. 105–110.
8. Fort H. On predicting species yields in multispecies communities: Quantifying the accuracy of the linear Lotka-Volterra generalized model. *Ecological Modelling*. 2018. Vol. 387. P. 154–162. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2018.09.009>.
9. Gray A., Greenhalgh D., Mao X., Pan J. The SIS epidemic model with markovian switching. URL: <http://strathprints.strath.ac.uk/41322> (дата звернення: 10.03.2021).
10. Асатрян М. Н., Салман Е. Р., Боев Б. В. Моделирование и прогнозирования эпидемического процесса гепатита В. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2012. №1 (62). С. 49–54.
11. Carley K. M., Altman N., Kaminsky B., Nave D., Yahja A. BioWar: A City-Scale Multi-Agent Network Model of Weaponized Biological Attacks. *CASOS Technical Report*, 2004. URL: http://www.casos.cs.cmu.edu/publications/papers/carley_2004_biowarcityscale.pdf (дата звернення: 17.10.2020).
12. Bellu G., Saccomani M. P., Audoly S., Daisy D. L. A new software tool to test global identifiability of biological and physiological systems. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*. 2007. Vol. 88, № 1. P. 52–61.

References (transliterated)

1. Ivanov M. V. *Matematicheskoe modelirovanie processa pandemii: teoriya i praktika* [Mathematical modeling of the pandemic process]. Available at: <https://indsi.ru/2020/04/30/математическое-моделирование-проце/> (accessed: 15.11.2020). (In Russ.).
2. Ivashchenko D. S., Kutsenko O. S. Ohliad i analiz metodiv modeliuвання protsesu rozvytku epidemii [Review and analysis of methods for modeling the development of the epidemic]. *Visnyk Natsional'noho tekhnichnoho universytetu «KhPI»*. Seriya: Systemnyy analiz, upravlinnya ta informatsiyni tekhnolohiyi [Bulletin of the National Technical University "KhPI": a collection of scientific papers. Ser.: System analysis, control and information technology]. 2021, no. 1 (5), pp. 16–19. (In Ukr.).

3. Mastikhin A. V. (2011). Final'nye veroyatnosti dlya markovskikh processov epidemii: *dys. ... kand. fiz.-mat. nauk: 01.01.05* [Finalny imovirnosty for Markov processes of the Epidemic: dissertation of candidate of physical and mathematical sciences: 01.01.05 (PhD)]. Moscow, 2011. 93 p. (In Russ.).
4. Avilov K. *Matematicheskoe modelirovanie v epidemiologii kak zadacha analiza slozhnyh dannyh* [Mathematical modeling in epidemiology as a problem in the analysis of complex data]. Available at: <http://download.yandex.ru/company/experience/seminars/KAvilovmatmodelirovanie.pdf> (accessed 07.04.2021).
5. Allen L. J. *An Introduction to stochastic epidemic models*. URL: <http://eaton.math.rpi.edu/csums/papers/epidemic/allenstochasticepidemic.pdf> (accessed 03.04.2021).
6. Aponin Y. M., Aponina E. A. Matematicheskaya model soobshchestva hishnik – zhertva s nizhnim porogom chislennosti zhertyy [Mathematical model of a predator – prey community with a lower threshold for the number of prey]. *Kompyuternye issledovaniya i modelirovanie* [Computer research and modeling]. 2009, no. 1, pp. 51–56. (In Russ.).
7. Evans C., Findley G. A new transformation for the Lotka – Volterra problem. *Journal of Mathematical Chemistry*. 1999, no. 25 (1), pp. 105–110.
8. Fort H. On predicting species yields in multispecies communities: Quantifying the accuracy of the linear Lotka-Volterra generalized model. *Ecological Modelling*. 2018, vol. 387, pp. 154–162. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2018.09.009>.
9. Gray A., Greenhalgh D., Mao X., Pan J. *The SIS epidemic model with markovian switching*. URL: <http://strathprints.strath.ac.uk/41322> (accessed 10.03.2021).
10. Asatryan M. N., Salman E. R., Boev B. V. *Modelirovaniya i prognozirovaniya epidemicheskogo processa gepatita B* [Model and prognosis of the hepatitis B]. *Epidemiology and vaccine prophylaxis*. 2012, no. 1 (62), pp. 49–54. (In Russ.).
11. Carley K. M., Altman N., Kaminsky B., Nave D., Yahja A. *BioWar: A City-Scale Multi-Agent Network Model of Weaponized Biological Attacks*. *CASOS Technical Report 2004*. URL: http://www.casos.cs.cmu.edu/publications/papers/carley_2004_biowarcityscale.pdf (accessed 17.10.2020).
12. Bellu G., Saccomani M. P., Audoly S., Daisy D. L. A new software tool to test global identifiability of biological and physiological systems. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*. 2007, vol. 88, no. 1, pp. 52–61.

Надійшло (received) 25.02.2024

UDC 004.942

D. S. IVASHCHENKO, Senior Lecturer of the Department of System Analysis and Information-Analytical Technologies, National Technical University "Kharkiv Polytechnic Institute"; Kharkiv, Ukraine; e-mail: daria.ivashchenko@khp.edu.ua; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7365-111X>.

O. S. KUTSENKO, Doctor of Technical Sciences, Professor, National Technical University "Kharkiv Polytechnic Institute", professor of the Department of System Analysis and Information-Analytical Technologies; Kharkiv, Ukraine; e-mail: oleksandr.kutsenko@khp.edu.ua; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6059-3694>

MULTI-AGENT SIMULATION MODEL OF INFECTIOUS DISEASE SPREAD

The aim of the research is to develop a multi-agent simulation model for predicting the spread of infectious diseases, particularly COVID-19. In the context of the COVID-19 pandemic, there emerged an urgent need to create tools for forecasting and analyzing the dynamics of epidemics, as well as for evaluating the effectiveness of management decisions. The use of mathematical models in this process allows for an adequate description of the infection spread dynamics, which is essential for making informed decisions. The article discusses traditional approaches to epidemic modeling, such as the predator-prey model and the compartmental SIR (Susceptible-Infectious-Recovered) model. The predator-prey model describes the interaction between two species in an ecosystem using differential equations, which allows for modeling population dynamics. The compartmental SIR model divides the population into three groups: susceptible, infected, and recovered, which enables the analysis of the spread of infectious diseases. However, these models have limitations, particularly due to assumptions about population homogeneity and constant parameters. To more accurately model complex epidemic processes, a multi-agent simulation model was developed. In this model, agents interact within a defined area, mimicking real conditions of infection spread. Agents are divided into three classes: healthy, infected, and recovered. The movement of agents is modeled using random walk in a two-dimensional space, taking into account the possibility of contact between them, which can lead to infection. Infected agents transition to the recovered class after a certain period of illness and can no longer be infected. Modeling results showed that the multi-agent model allows for more accurate prediction of infection spread dynamics. Numerous experiments were conducted, demonstrating the model's adequacy in replicating the infection process, peak infection rates, and recovery periods. The influence of various parameters, such as the duration of illness, on the epidemic dynamics was investigated. The obtained results confirm that considering individual characteristics and behavioral traits of agents improves the accuracy of modeling. This allows the multi-agent simulation model to be used for developing effective control strategies and predicting the spread of infectious diseases, which can be useful for making management decisions in real pandemic conditions.

Keywords: epidemic, simulation modeling, model, SARS-CoV-2, pandemic, forecasting, mathematical modeling.

Повні імена авторів / Author's full names

Автор 1 / Author 1: Івашченко Дар'я Сергіївна / Ivashchenko Daria Sergiivna

Автор 2 / Author 2: Куценко Олександр Сергійович / Kutsenko Oleksandr Sergiyovych