

Curriculum Vitae

Quentin RICHARD

Situation administrative

Corps : Maître de conférences
Grade : MCF CN
Discipline : Mathématiques appliquées
Section CNU : 26 - Mathématiques appliquées et applications des mathématiques.

Contact

Adresse professionnelle : Institut Montpellierain Alexander Grothendieck. Univ de Montpellier.
Place Eugène Bataillon, 34090 Montpellier. Bât. 9, bureau 217.
Adresse mail : quentin.richard@umontpellier.fr
Page web : <http://quentin.richard.perso.math.cnrs.fr>.

Table des matières

1	Parcours professionnel	2
2	Enseignements	4
3	Activité scientifique	5

1 Parcours professionnel

1.1 Études et diplômes

2015-2018	Doctorat en Mathématiques Appliquées au Laboratoire de Mathématiques de Besançon (LMB), UBFC. Soutenue le 08 octobre 2018. Bourse ministérielle. Titre : Comportement asymptotique de modèles de populations structurées. Directeurs de thèse : Mustapha Mokhtar-Kharroubi et Antoine Perasso. Présidente du jury : Magali Ribot. Rapporteurs : Vincent Calvez et Laurent Desvillettes. Examineurs : Nabile Boussaïd, Arnaud Ducrot et Ryszard Rudnicki.
2014 - 2015	Master 2 “Maths en Action : Mathématiques pour la Biologie et la Médecine”, théorie et applications. Université Claude Bernard (UCBL), Lyon 1. Mention bien.
2013 - 2014	Master 1 Ingénierie Mathématique. UCBL. Mention bien. Projet de recherche : “Invasion de l’écureuil gris d’Amérique en Europe” (modèle de réaction-diffusion). Encadrant : Laurent Pujon-Menjouet.
2011 - 2013	Licence de Mathématiques . UCBL, mention assez bien.
2010 - 2011	Classe Préparatoire aux Grandes Écoles : MPSI. Lycée Jean Perrin, Lyon.

1.2 Expériences professionnelles

2022 - auj	MCF à l’Institut Montpelliérain Alexander Grothendieck (UM).
2021 - 2022	ATER à l’Institut Denis Poisson (Université de Tours).
2020 - 2021 (20 mois)	Post-doctorat dans l’UMR MIVEGEC au sein de l’IRD de Montpellier. Équipe Évolution Théorique et Expérimentale. Financement ANR STORM. En collaboration avec Ramsès Djidjou-Demasse, Thierry Lefèvre et Marc Choisy. Sujet : modélisation mathématique appliquée à l’épidémiologie évolutive théorique.
2019	Post-doctorat à l’Institut de Mathématiques de Bordeaux (IMB), Université de Bordeaux. Dans l’équipe Mathématiques pour la Dynamique des Populations. En collaboration avec Jean-Baptiste Burie (IMB), Arnaud Ducrot (LMAH) et Frédéric Fabre (INRAe de Bordeaux). Bourse IdEx, cluster SysNum. Sujet : Modélisation mathématique et simulations numériques d’une épidémie évolutive dans des paysages agricoles.
2015 (6 mois)	Stage de Master 2 au Laboratoire de Chrono-Environnement, Université de Bourgogne Franche-Comté (UBFC), Besançon. Encadrants : Antoine Perasso et Virgile Baudrot. Sujet : Analyse mathématique et simulations de modèles proies-prédateur avec différentes réponses fonctionnelles.

1.3 Thématiques de recherche

- **Modélisation mathématique en biologie et en médecine** : dynamique des populations, dynamique cellulaire, systèmes proies-prédateur, épidémiologie (paludisme, Covid-19) et épidémiologie évolutive.
- **Équations aux dérivées partielles ou à retard** : équations de transport, réaction-diffusion et équations intégro-différentielles.
- **Modèles structurés en âge** : taille, temps depuis infection, espace, traits phénotypiques.
- **Systèmes dynamiques** : comportement asymptotique des solutions, stabilités locale et globale d'équilibres, étude de bifurcation, analyse spectrale d'opérateurs, caractère bien-posé dans L^1 , théorie des semigroupes.
- **Schémas numériques** : volumes finis. Implémentation en Julia, Matlab et Python.

2 Enseignements

Voici un résumé de mes enseignements réalisés :

Année	Niveau	Diplôme	Intitulé	Nature	Volume
23/24	L1	Info	Mathématiques	TD	24h
23/24	L1	Maths	Analyse 2	TD	30h
23/24	L2	TEE	Mathématiques	CM/TD/TP	24h/8h/6h
23/24	L2	Maths	Analyse 3	TD	30h
23/24	L2	Maths	Intro à Python	TP	12h
23/24	L2	Maths	Algèbre lin. num.	TD/TP	10.5h/15h
23/24	L3	Maths	Analyse num. des équadiff	TD/TP	15h/12h
22/23	L1	Info	Mathématiques	TD	48h
22/23	L1	Maths	Analyse 2	TD	30h
22/23	L2	Maths	Intro à Python	TP	8h
22/23	L2	Maths	Algèbre lin. num.	TP	15h
22/23	L3	Maths	Analyse num. des équadiff	TD/TP	15h/12h
21/22	L1	Maths	Calculus	TD	16h
21/22	L1	Maths	Algèbre linéaire	TD	54h
21/22	L1	Physique	Analyse	TD	24h
21/22	L1	SV	Statistiques	TD/TP	12h/8h
21/22	L2	Maths	Algèbre bilinéaire	TD	36h
21/22	L2	Maths	Probas discrètes	TD	18h
21/22	L2	Maths	Arithmétique	TD/TP	15h/4h
21/22	L2	Maths	Modélisation	TP	16h
17/18	L1	Maths	Analyse	TD	19h
17/18	L1	Maths	Algèbre	TD	19h
17/18	L1	SVT	Mathématiques	Cours/TD	20h
17/18	L3	Maths	Encadrement de projet		
16/17	L1	ST	Analyse	Cours/TD	39h
16/17	L1	SVT	Mathématiques	Cours/TD	25h
15/16	L1	SVT	Mathématiques	Cours/TD	64h

où SV sont les sciences de la vie et TEE est le parcours Terre Eau Environnement.

3 Activité scientifique

3.1 Axes de recherche

Mes travaux de recherche portent sur la construction et l'analyse de modèles mathématiques appliqués à la biologie ou à la médecine. Plus précisément, une partie des modèles étudiés entre dans le domaine de l'écologie, en particulier dans le thème de la dynamique des populations. La seconde partie des modèles provient de l'épidémiologie et de l'épidémiologie évolutive.

Le point commun de tous ces modèles est de décrire l'évolution au cours du temps, d'une ou plusieurs populations d'individus (animaux, cellules, humains). Une spécificité importante de ces modèles est d'avoir considéré, à l'aide d'une variable réelle continue autre que le temps, une caractéristique propre à la population (âge, taille, espace...)

Ces modèles s'écrivent ainsi à l'aide d'équations aux dérivées partielles (EDP) principalement de type transport couplées parfois à de la diffusion, ou des équations intégro-différentielles. Une fois ces modèles écrits, l'étude se porte d'une part sur le caractère bien-posé des modèles, afin de s'assurer de l'existence et de l'unicité de solutions dans un cadre L^1 et qui restent positives au cours du temps; et d'autre part sur le comportement asymptotique des solutions à l'aide par exemple d'analyse spectrale d'opérateurs afin d'étudier la stabilité locale des équilibres, mais également à travers la stabilité globale grâce aux fonctions de Lyapunov. Enfin, à l'aide de schémas aux volumes finis, et d'une implémentation en Julia ou Python, j'illustre les résultats théoriques. Mes travaux de recherche se décomposent essentiellement en trois axes, qui s'intersectent les uns les autres.

- **Dynamique des populations** : j'étudie des systèmes de type proie-prédateur, décrivant l'interaction entre deux espèces, qui sont des variantes du modèle classique de Lotka-Volterra. Il y a une importante littérature sur ce modèle, qui a ensuite été amélioré en prenant en compte l'âge dans les dynamiques des espèces considérées à l'aide d'une variable continue. Ce modèle EDP, proposé par Gurtin et Levine [13], a été réduit à un problème EDO à l'aide d'hypothèses sur les paramètres rendant l'analyse bien plus simple. Dans les papiers qui ont suivi, des hypothèses similaires sont nécessaires pour obtenir des résultats sur le comportement des solutions. L'idée de mon travail est ainsi de considérer le cas général où les taux de reproduction, de prédation et de mortalité de la proie dépendent de leur âge, ce qui a amené à étudier le problème non linéaire de type transport avec condition au bord non locale [16]. À l'aide d'hypothèses sur les paramètres, plus faibles que celles proposées dans la littérature, j'ai ainsi pu étudier plus en détails le comportement asymptotique des solutions puisque le modèle peut se réécrire comme un système d'équations à retard [17], plus simple à analyser que le modèle général d'EDP mais plus compliqué que les modèles EDO. Sur le même sujet, j'ai travaillé avec des collègues de l'Université de Turin sur l'interaction entre planctons à l'aide d'un modèle proie-prédateur où la dynamique dépend de la quantité de lumière reçue [2, 18], ce qui est décrit par une structure continue en profondeur d'eau et des équations de réaction-diffusion.
- **Transmission de maladies infectieuses** : dans cet axe de recherche, je m'intéresse à la modélisation mathématique décrivant la transmission de maladies infectieuses. J'ai notamment collaboré avec des chercheurs spécialistes en évolution des maladies infectieuses au sein de l'Unité MIVEGEC à Montpellier, sur l'épidémie de Covid-19 [19, 21]. La double difficulté a été d'une part de se servir d'exploiter les données existantes mais peu nombreuses au début de l'épidémie, et d'autre part d'analyser le modèle épidémiologique compartimental avec double structure continue (âge chronologique et âge d'infection) qui a été jusque-là peu étudié mathématiquement (voir [14] pour une liste exhaustive de la littérature avant 2020). De plus, cet axe de recherche consiste à développer et analyser des modèles mathématiques

permettant de décrire comment les influences génétiques et environnementales du moustique *Plasmodium* peuvent affecter la transmission du paludisme. Dans la littérature, les modèles étudiés sont généralement constitués d'EDO négligeant ainsi les caractéristiques intrinsèques à la fois aux humains mais également aux moustiques. En effet, il est connu que l'âge des humains joue un rôle important dans la transmission du paludisme puisque environ 55% des 627 000 décès survenus en 2020 étaient âgés de moins de 5 ans. D'autre part, le temps depuis infection des humains est également important puisqu'il est fortement corrélé à la production des gamétocytes (formes sexuées des parasites du paludisme). Du côté des moustiques, des travaux récents [3, 25] ont souligné l'importance de la sénescence des moustiques lors de la modélisation, impliquant que l'hypothèse de taux de mortalité constant des moustiques n'est biologiquement pas réaliste. J'ai donc écrit un modèle en intégrant au modèle le temps depuis guérison, l'âge chronologique et l'âge d'infection pour les deux populations rendant le modèle plus réaliste mais plus compliqué à analyser [22] et dont on donne plusieurs résultats théoriques sur le comportement asymptotique des solutions. Un travail récent, issue d'une collaboration avec des biologistes de MIVEGEC et de l'IRD (Montpellier et Bobo-Dioulasso, Burkina-Faso), a été d'examiner l'influence de l'âge du moustique sur les principales caractéristiques du cycle de vie qui déterminent la transmission du paludisme chez l'homme. Pour cela, des anophèles femelles (*Anopheles coluzzii*), un vecteur majeur du paludisme, appartenant à trois classes d'âge (4, 8 et 12 jours), ont été infectées expérimentalement avec différents isolats du parasite *Plasmodium falciparum*. Un résultat intéressant est le fait que les moustiques infectés âgés de 12 jours ont présenté une meilleure survie, ce qui suggère que l'infection pourrait agir comme une fontaine de jouvence pour les moustiques plus âgés. Un autre travail récent [23] a été de paramétrer le modèle à l'aide de ces données biologiques [24, 26] et de montrer comment on peut exploiter ce modèle d'EDP pour obtenir des formules sur des paramètres biologiques et entomologiques très utilisés en pratique (période d'incubation extrinsèque, taux de sporozoïte, survie du moustique etc.)

- **Modélisation d'épidémie évolutive** : cet axe de recherche rejoint le précédent car il s'agit de modèles d'épidémiologie, mais ici l'idée est que le pathogène (ou virus) a la capacité de muter au cours du temps. J'ai surtout travaillé sur la modélisation mathématique d'épidémies évolutives de mildiou, qui est à l'origine de plusieurs travaux récents [4, 5, 6, 10, 12]. Cette maladie, provoquée par un oomycète parasite (*Plasmopara viticola* pour la vigne), a d'importantes conséquences sur les récoltes. Afin de contrer cette maladie, les agriculteurs ont recours à l'utilisation intensive de pesticides. Pour éviter cette utilisation, les chercheurs de l'INRAe ont créé des plantes résistantes en croisant des variétés différentes, pour obtenir les gènes souhaités, et en particulier des gènes de résistance au mildiou. Cependant, Delmas *et al.* [9] ont montré que le mildiou s'adapte aux variétés résistantes, ainsi qu'aux pesticides utilisés. Ainsi, comprendre cette adaptation de la maladie aux plantes résistantes permettrait ainsi de mieux choisir les variétés à planter, pour ralentir au maximum les épidémies.

Cette thématique suit une approche dite d'épidémiologie évolutive, proposée par Day et Proulx [7], et consiste à supposer, contrairement aux autres approches, que les échelles de temps épidémiologique et évolutive sont du même ordre de grandeur. Un premier travail appliqué au contexte de la vigne est dû à Djidjou-Demasse *et al.* [10] et explique mathématiquement comment le pathogène survit même en cas de variété résistante : par un phénomène de mutation-sélection. J'ai continué ce travail en étudiant ce qu'il se passait lorsque deux espèces cohabitent dans une même parcelle [6] et plus précisément à quoi ressemble l'équilibre endémique lorsque la variance de mutation se rapproche de 0.

3.2 Publications

- [1]. M. Mokhtar-Kharroubi et **Q. Richard**. *Time asymptotics of structured populations with diffusion and dynamic boundary conditions*. Discrete and Continuous Dynamical Systems - B (2018).
- [2]. A. Perasso et **Q. Richard**. *Implication of age-structure on the dynamics of Lotka Volterra equations*. Differential and Integral Equations (2019).
- [3]. M. Mokhtar-Kharroubi et **Q. Richard**. *Spectral theory and time asymptotics of size-structured two-phase population models*. Discrete and Continuous Dynamical Systems - B (2020).
- [4]. **Q. Richard**. *Global stability in a competitive infection-age structured model*. Mathematical Modelling of Natural Phenomena (2020).
- [5]. A. Perasso et **Q. Richard**. *Asymptotic behavior of age-structured and delayed Lotka-Volterra models*. SIAM Journal on Mathematical Analysis (2020).
- [6]. J.-B. Burie, A. Ducrot, Q. Griette et **Q. Richard**. *Concentration estimates in a multi-host epidemiological model structured by phenotypic traits*. Journal of Differential Equations (2020).
- [7]. A. Perasso, **Q. Richard**, I. Azzali et E. Venturino. *Well-posedness and positivity property for a reaction-diffusion model of plankton communities, involving a rational nonlinearity with singularity*. Studies in Applied Mathematics (2021).
- [8]. **Q. Richard**, S. Alizon, M. Choisy, M. T. Sofonea et R. Djidjou-Demasse. *Age-structured non-pharmaceutical interventions for optimal control of COVID-19 epidemic*. PLOS Computational Biology (2021).
- [9]. **Q. Richard**, M. Choisy, T. Lefèvre et R. Djidjou-Demasse, *Human-vector malaria transmission model structured by age, time since infection and waning immunity*, Nonlinear Analysis : Real World Applications (2022).
- [10]. F. Fabre, J.-B. Burie, A. Ducrot, S. Lion, **Q. Richard** et R. Djidjou-Demasse. *An epi-evolutionary model for predicting the adaptation of spore-producing pathogens to quantitative resistance in heterogeneous environments*. Evolutionary Applications (2022).
- [11]. B. Reyné, **Q. Richard**, C. Selinger, M.T. Sofonea, R. Djidjou-Demasse et S. Alizon, *Non-Markovian modelling highlights the importance of age structure on Covid-19 epidemiological dynamics*. Recommandé par Peer Community in Mathematical and Computational Biology. Mathematical Modelling of Natural Phenomena, 17(7), (2022).
- [12]. B. Somé, E. Guissou, D. F. Da, **Q. Richard**, M. Choisy, K. B. Yameogo, D. FdS. Hien, R. S. Yerbanga, G. A. Ouedraogo, K. R. Dabiré, R. Djidjou-Demasse, A. Cohuet et T. Lefèvre, *Mosquito ageing modulates the development, virulence and transmission potential of pathogens*. Proc. R. Soc. B. (2024).

Ainsi que les papiers soumis et en cours d'écriture :

- [13]. **Q. Richard**, M. Choisy, T. Lefèvre et R. Djidjou-Demasse. *Epidemiological impacts of age structures on human malaria transmission*. Soumis.
- [14]. M. Pane, **Q. Richard**, O. Seydi et R. Djidjou-Demasse *A within-host mathematical model unraveling immune evasion mechanisms of malaria parasites*. En préparation.
- [15]. S. Djaoué, **Q. Richard**, A. Perasso, I. Damakoa. *Global analysis of an Age-structured model for Malaria*. En préparation.

3.3 Diffusion et valorisation des résultats de la recherche

Activités éditoriales

J'ai été rapporteur de plusieurs articles pour des journaux scientifiques : *Journal of Physics A Mathematical and Theoretical*, *Mathematical Modelling of Natural Phenomena*, *Journal of Theoretical Biology*, *Nonlinear Dynamics*, *Nonlinearity*, *International Journal of Applied and Computational Mathematics* et *SeMA Journal*.

Diffusion du savoir

J'ai participé à plusieurs conférences pour exposer mes travaux de recherche : GT Biomaths Normand (Rouen, 2022), Mathematical models from evolutionary biology (Montpellier, 2022), Journées Math Bio Santé (Besançon, 2022), MPDEE (Turin, 2022), GDR MAMOMI (Tours, 2019), Mathematical Modeling in Population Dynamics (Bordeaux, 2019).

Ainsi qu'à différents séminaires d'équipes : IMAG (Montpellier), IMT (Toulouse), IDP (Tours), UPJV (Amiens), IRD (Montpellier), IMB (Bordeaux), IDP (Orléans), LMB (Besançon).

Organisation de colloques

En octobre 2020, j'ai co-organisé la formation *Introduction à la modélisation mathématique des maladies infectieuses* à l'Université Nazi Boni (Bobo Dioulasso, Burkina Faso) pour une durée de 21h.

En juin 2018, j'ai été membre du comité d'organisation des Journées de Modélisation Bio-Mathématique de Besançon {MB}².

3.4 Encadrement doctoral et scientifique

Bien que je ne dirige pas, ni co-dirige, de thèse actuellement, je participe cependant à l'encadrement de deux thèses avec des réunions régulières ; entre une fois par mois et une fois toutes les deux semaines sur l'avancée des travaux de recherche.

- **Séraphin Djaoué** encadrée par Antoine Perasso (UBFC) et Damakoa Irepran (Université de Ngaoundéré, Cameroun) sur la modélisation mathématique de la dynamique de transmission du paludisme avec structuration en âge.
- **Malick Pane** encadrée par Ramsès Djidjou-Demasse (IRD) et Ousmane Seydi (École polytechnique de Thiès) sur la dynamique intra et inter-hôte du *Plasmodium falciparum* avec notamment des questions sur l'évolution, l'émergence et le contrôle des résistances aux anti-paludéens.

3.5 Bibliographie générale

- [1] O. Arino, M. Delgado and M. Molina-Becerra, Asymptotic behavior of disease-free equilibriums of an age-structured predator-prey model with disease in the prey, *DCDS - series B* (2004).
- [2] I. Azzali, A. Morozov and E. Venturino, Exploring the role of vertical heterogeneity in the stabilization of planktonic ecosystems under eutrophication, *J. of Biological Systems* (2017).
- [3] S.E. Bellan, The importance of age dependent mortality and the extrinsic incubation period in models of mosquito-borne disease transmission and control, *PLOS ONE* (2010).
- [4] J.-B. Burie, R. Djidjou-Demasse and A. Ducrot, Asymptotic and transient behaviour for a nonlocal problem arising in population genetics, *European J. Appl. Math.* (2018).

- [5] J.-B. Burie, R. Djidjou-Demasse and A. Ducrot, Slow convergence to equilibrium for an evolutionary epidemiology integro-differential system, *Discrete Contin. Dyn. Syst. Ser. B* (2020).
- [6] J.-B. Burie, A. Ducrot, Q. Griette and **Q. Richard**, Concentration estimates in a multi-host epidemiological model structured by phenotypic traits, *Journal of Differential Equations* (2020).
- [7] T. Day and S.R. Proulx, A General Theory for the Evolutionary Dynamics of Virulence, *The American Nat.* (2004).
- [8] M. Delgado, M. Molina-Becerra and A. Suárez, Analysis of an age-structured predator-prey model with disease in the prey, *Nonlinear Analysis : Real World Applications* (2006).
- [9] C.E.L. Delmas, F. Fabre, J. Jolivet *et al.* Adaptation of a plant pathogen to partial host resistance : selection for greater aggressiveness in grapevine downy mildew, *Evolutionary Applications* (2016).
- [10] R. Djidjou-Demasse, A. Ducrot and F. Fabre, Steady state concentration for a phenotypic structured problem modeling the evolutionary epidemiology of spore producing pathogens, *Math. Models Methods Appl. Sci.* (2017).
- [11] R. Djidjou-Demasse, M. L. Mann-Manyombe, O. Seydi and V. Yatat-Djeumen Differential preferences for RBCs is key for Plasmodium species evolutionary diversity within human host, *Studies in Applied Mathematics* (2022).
- [12] F. Fabre, J.-B. Burie, A. Ducrot, S. Lion, **Q. Richard** and R. Djidjou-Demasse, An epi-evolutionary model for predicting the adaptation of spore-producing pathogens to quantitative resistance in heterogeneous environments, *Evolutionary Applications* (2022).
- [13] M.E Gurtin and D.S. Levine, On predator-prey interactions with predation dependent on age of prey, *Mathematical Biosciences* (1979).
- [14] H. Kang, X. Hugo and S. Ruan, Nonlinear physiologically structured population models with two internal variables, *Journal of Nonlinear Science* (2020).
- [15] M. Martcheva and X.-Z. Li Competitive exclusion in an infection-age structured model with environmental transmission. *J. Math. Anal. Appl.* (2013).
- [16] A. Perasso and **Q. Richard**, Implication of age-structure on the dynamics of Lotka-Volterra equations, *Differential and Integral Equations* (2019).
- [17] A. Perasso and **Q. Richard**, Asymptotic behavior of age-structured and delayed Lotka-Volterra models, *SIAM, Journal on Mathematical Analysis* (2020).
- [18] A. Perasso, **Q. Richard**, I. Azzali and E. Venturino, Well-posedness and positivity property for a reaction-diffusion model of plankton communities, involving a rational nonlinearity with singularity, *Studies in Applied Mathematics* (2021).
- [19] B. Reyné, **Q. Richard**, C. Selinger, M.T. Sofonea, R. Djidjou-Demasse and S. Alizon, Non-Markovian modelling highlights the importance of age structure on Covid-19 epidemiological dynamics, Recommended by PCI Mathematical and Computational Biology. *Mathematical Modelling of Natural Phenomena* (2022).
- [20] **Q. Richard**, Global stability in a competitive infection-age structured model. *Mathematical Modelling of Natural Phenomena* (2020).
- [21] **Q. Richard**, S. Alizon, M. Choisy, M.T. Sofonea and R. Djidjou-Demasse, Age-structured non-pharmaceutical interventions for optimal control of COVID-19 epidemic, *PLOS Computational Biology* (2021).
- [22] **Q. Richard**, M. Choisy, T. Lefèvre and R. Djidjou-Demasse, Human-vector malaria transmission model structured by age, time since infection and waning immunity, *Nonlinear Analysis : Real World App.* (2022).
- [23] **Q. Richard**, M. Choisy, T. Lefèvre and R. Djidjou-Demasse, Epidemiological impacts of age structures on human malaria transmission, *Submitted*, DOI : 10.48550/arXiv.2310.07275
- [24] B. Somé, E. Guissou, D.F. Da, **Q. Richard**, M. Choisy *et al.* Mosquito ageing modulates the development, virulence and transmission potential of pathogens *Proc. R. Soc. B.* (2024).
- [25] L. M. Styer, J.R. Carey, J.-L. Wang and T. W. Scott, Mosquitoes do senesce : departure from the paradigm of constant mortality, *The American journal of tropical medicine and hygiene* (2007).
- [26] A. Vantaux, F. Yao, D. FdS Hien, E. Guissou *et al.*, Field evidence for manipulation of mosquito host selection by the human malaria parasite, *Plasmodium falciparum*, *Peer Community Journal* (2021).