

Curriculum vitæ

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

Table des matières

1	Parcours professionnel	2
2	Charge d'enseignement des cinq dernières années	3
3	Encadrement	4
4	Responsabilité scientifique	5
5	Thématiques de recherche	7
6	Présentation synthétique de mes travaux de recherche	8
7	Productions scientifiques	12
8	Bibliographie générale	14

1 Parcours professionnel

Études et diplômes

2015-2018	Doctorat en Mathématiques Appliquées au Laboratoire de Mathématiques de Besançon (LMB), UBFC. Soutenue le 08 octobre 2018. Bourse ministérielle. <i>Titre</i> : Comportement asymptotique de modèles de populations structurées. <i>Directeurs de thèse</i> : Mustapha Mokhtar-Kharroubi et Antoine Perasso. <i>Présidente du jury</i> : Magali Ribot. <i>Rapporteurs</i> : Vincent Calvez et Laurent Desvillettes. <i>Examineurs</i> : 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 Pujo-Menjouet.
2011 - 2013	Licence de Mathématiques . UCBL, mention assez bien.
2010 - 2011	Classe Préparatoire aux Grandes Écoles : MPSI. Lycée Jean Perrin, Lyon.

Expériences professionnelles

2022 - ...	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. <i>Sujet</i> : 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. <i>Sujet</i> : 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 (UBFC), Besançon. Encadrants : Antoine Perasso et Virgile Baudrot. <i>Sujet</i> : Analyse mathématique et simulations de modèles proies-prédateur avec différentes réponses fonctionnelles.

2 Charge d'enseignement des cinq dernières années

- ▷ 2022 - ... : Enseignement à la Faculté des Sciences de l'Université de Montpellier, au sein du Département de Mathématiques.
- ▷ 2021 - 2022 : Enseignement à la Faculté des Sciences et Techniques de l'Université de Tours en tant qu'attaché temporaire d'enseignement et de recherche (ATER), au département de mathématiques.

Présentation synthétique

À l'Université de Montpellier, mes enseignements se déroulent au sein du Département de Mathématiques de la Faculté des Sciences. J'interviens en licence principalement en analyse mais également en analyse numérique avec des travaux pratiques de programmation en Python et Matlab.

Je suis responsable de trois unités d'enseignement : une d'*introduction à Python* depuis 2022, en 2ème année de licence de mathématiques, ce langage de programmation étant utilisé dans plusieurs autres matières de la licence ; une de *mathématiques* depuis 2023 en 2ème année du parcours Terre Eau Environnement (TEE) ; et une d'*approfondissement en mathématiques* depuis 2025 en 2ème année du parcours Cycle Pluridisciplinaire d'Études Scientifiques (CPES) sur l'analyse de systèmes différentielles.

Tableau des enseignements depuis 2022

Voici un résumé des enseignements réalisés sur la période 2022-2026.

Période	Public	Enseignement	Format	Heures/an
2025-2026	L2 CPES	Approfondissement en maths	CM et TD	27h
2022-2026	L1 Maths	Analyse 2	TD	30h
2023-2026	L2 TEE	Mathématiques	CM, TD et TP	57h
2022-2026	L2 Maths	Analyse 3	TD	30h
2022-2026	L2 Maths	Intro à Python	TP	12h
2022-2026	L2 Maths	Algèbre lin. num.	TD et TP	25.5h
2022-2026	L3 Maths	Analyse num. des équadiff	TD et TP	27h
2022-2025	L1 informatique	Bases des Mathématiques	TD	24h

3 Encadrement

Co-encadrement de thèse

- ▷ 2024 - ... : **Khady Ndeye GNINGUE**. Projet NEXUS (ExposUM).
Titre : *dynamique épidémiologique et évolutive intra-hôte du paludisme*
Encadrement : Ramsès Djidjou-Demasse (IRD, 40%), Sylvain Gandon (CNRS, 30%), Quentin Richard (30%).

Participation à l'encadrement de thèse

- ▷ 2023 - 2025 : **Malick Pane**. Thèse soutenue le 20/12/2025.
Titre : dynamiques intra- à inter- hôte du *Plasmodium falciparum* : évolution, émergence et contrôle des résistances aux antipaludéens.
Encadrement : Ramsès Djidjou-Demasse (IRD) et Ousmane Seydi (Université Le Havre Normandie).
Collaboration dans le cadre d'un chapitre de sa thèse, donnant lieu à la publication [P3].
- ▷ 2020 - ... : **Séraphin Djaoué** (Université de Maroua, Cameroun).
Titre : modélisation mathématique de la dynamique de transmission du paludisme avec structuration en âge.
Encadrement : Antoine Perasso (UMLP, Besançon) et Damakoa Irepran (Université de Ngaoundéré, Cameroun).
Collaboration dans le cadre d'un chapitre de sa thèse, donnant lieu au travail soumis [P2].

Encadrement de stage de licence

- ▷ Juillet-août 2025 : **Rachel Bourse**. Modélisation mathématique de dynamiques proie-prédateur. Projet de L2, CPES, Université de Montpellier. Co-encadrée avec Hélène Mathis (UM).

4 Responsabilité scientifique

Activités éditoriales

- ▷ Rapporteur d'articles pour les journaux scientifiques suivants : *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*, *SeMA Journal*, *Journal of Biological Systems* et *Bulletin des sciences mathématiques*

Comités de suivi de thèse

- ▷ 2024 - ... : Ana Guijarro Matos (PCCEI, UM).
Titre : Preparing the critical care system for future health crises.
Encadrement : Mircea Sofonea, Jean-Yves Lefrant et Rémi Choquet.
- ▷ 2024 - ... : Armelle Poisson (CEFE, UM)
Titre : Evolution of pathogen life-history strategies : infection-age, heterogeneity and plasticity.
Encadrement : Sébastien Lion, Sylvain Gandon et Ophélie Ronce.
- ▷ 2023 - ... : Sacha Cardonna (IMAG, UM)
Titre : Modélisation et étude numérique de problèmes à frontière libre et interactions vagues-structures.
Encadrement : Fabien Marche et François Vilar.

Diffusion du savoir

- ▷ Mini-cours à la conférence EDySA (Thiès, Sénégal 2024) sur les systèmes dynamiques non-linéaires.
- ▷ Exposés à des conférences : EDySA (Thiès, Sénégal 2024), Journées Maths-bio OcciMath (Montpellier, 2024), GT Biomaths Normand (Rouen, 2022), Mathematical models from evolutionary biology (Montpellier, 2022), Journées Math Bio Santé (Besançon, 2022), MPDEE (Turin, 2022).
- ▷ Exposés aux séminaires d'équipes : LMB (Besançon, 2023), IMAG (Montpellier, 2022), IMT (Toulouse, 2022).

Organisation d'événements

- ▷ Novembre 2025 : membre local du comité d'organisation des *Journées Math Bio Santé* et *Journées de Biostatistiques* à Montpellier, 100 participants.
- ▷ Depuis 2024 : organisateur du séminaire d'équipe MACS (IMAG, Montpellier). Environ 20 participants.

Participation à des jurys de thèse

- ▷ Examineur pour la thèse de M. Abou Bakari Diabaté (Université Nazi Boni, Burkina Faso) encadrée par M. Boureima Sangaré et soutenue le 06/12/2024.

Responsabilité élective

- ▷ 2025 - ... : Membre de la commission de section 26 pour le pôle de recherche MIPS (Mathématiques, Informatique, Physique, Systèmes) de l'UM.

Vulgarisation

- ▷ 2025 : exposé pour le DOR (Dialogue Objectifs Ressources) dans le cadre de la visite de l'INSMI.
- ▷ 2023 : exposé pour la journée de l'IMAG.

Implication dans des projets de recherche

- ▷ 2024 - 2028 : membre du projet Nexus (ExposUM) intitulé *Épidémiologie et évolution des maladies infectieuses dans des populations structurées en âge (EMIPSA)*.
Budget : environ 560k€.
Responsable scientifique : Sébastien Lion (CEFE, UM). Environ 10 personnes impliquées dans le projet.
Ce projet porte sur l'utilisation des modèles structurés en âge pour analyser la dynamique épidémiologique (la variation du nombre de cas au cours du temps) et évolutive (le changement de fréquence des différents variants) des pathogènes. Il permet le financement de 3 thèses de 4 ans avec 20k€ de fonctionnement chacune : une en écologie évolutive, une en santé publique et une en mathématiques (celle de **Khady Ndeye Gningue** que je co-encadre).
- ▷ 2021-2024 : membre du projet *Analyse et prise en compte de la saisonnalité des épidémies dans la modélisation mathématique des maladies infectieuses tropicales*. Appel à projet 2021 du CNRS dans le cadre du *Dispositif de soutien aux Collaborations avec l'Afrique subsaharienne*. Budget : 20k€
Porteurs principaux du projet : Antoine Perasso (UMLP, Besançon) et Ezekiel Dangbé (Université de Ngaoundéré, Cameroun).
Ce projet a permis de financer 2 stages, plusieurs mobilités et d'acheter du matériel informatique.

5 Thématiques de recherche

Mon activité de recherche se conduit au sein de l'équipe Modélisation, Analyse et Calcul Scientifique (MACS, anciennement ACSIOM) de l'Institut Montpelliérain Alexander Grothendieck depuis septembre 2022. Voici un résumé en quelques mots-clés de mon activité de recherche :

- **Modélisation mathématique en biologie et en médecine** : dynamique des populations, dynamique cellulaire, systèmes proies-prédateur, épidémiologie (paludisme, Covid-19) et épidémiologie évolutive.
- **Systèmes d'équations différentielles ou aux dérivées partielles non linéaires** : équations à retard, équations de transport, équations de réaction-diffusion et équations intégro-différentielles.
- **Modèles structurés en âge continu** : 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 Python, Julia et Matlab.

Mes travaux de recherche portent sur la construction et l'analyse de modèles mathématiques appliqués à l'épidémiologie, épidémiologie évolutive et à l'écologie. Plus précisément, une partie des modèles étudiés porte sur la transmission du paludisme à l'échelle des populations (dynamique en temps des populations de moustiques et d'humains) ou à l'échelle cellulaire (dynamique des globules rouges). Ces modèles compartimentaux sont de type SI (SIR ou SIRS) où les individus sont soit susceptible, soit infectés soit guéris. Certains modèles considèrent également la mutation du parasite. Une autre partie des modèles porte sur la transmission de la Covid-19 ou du mildiou via un modèle d'épidémiologie évolutive végétale. Enfin, l'autre partie des modèles étudiés provient de la dynamique des populations avec en particulier l'étude de modèles proies-prédateur ou de compétition entre différents prédateurs.

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 non-linéaires 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 principalement en Python, j'illustre les résultats théoriques.

6 Présentation synthétique de mes travaux de recherche

Je présente ici mes travaux récents de recherche où la liste des publications et travaux en cours est donnée dans la Section 7 et la bibliographie générale (hors publications) est donnée dans la Section 8. Les différents axes de recherche sont naturellement établis selon le domaine d'application de chaque modèle

Mes recherches s'articulent autour de quatre axes, définis en fonction du domaine d'application de chaque modèle : la transmission du paludisme, la modélisation de la Covid-19, l'épidémiologie évolutive végétale et les modèles de compétition. Bien que les outils mathématiques utilisés soient parfois communs à plusieurs axes, les approches de modélisation ainsi que les problématiques abordées diffèrent à chaque fois.

Transmission du paludisme

Cet axe de recherche consiste à développer et analyser des modèles mathématiques permettant de décrire comment les influences génétiques et environnementales sur le moustique 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, d'après l'OMS, environ 76% des 597 000 décès survenus en 2023 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 [1, 12] 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 [P8] et dont on donne plusieurs résultats théoriques sur le comportement asymptotique des solutions. On dérive notamment une condition pour avoir une bifurcation en avant autour de $\mathcal{R}_0 = 1$, ou une bifurcation en arrière selon les paramètres.

Dans un autre travail [P4], on a ensuite pris en compte les données biologiques existantes (en particulier [13] et [P5]) afin 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.) D'autre part, en collaborant avec des biologistes de MIVEGEC et de l'IRD (Montpellier et Bobo-Dioulasso, Burkina-Faso), on a étudié [P5] 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.

Plus récemment dans le cadre de la thèse de Séraphin Djaoué, un travail [P2] se focalise sur un modèle épidémiologique de type SIRS chez les humains avec structure en âge chronologique, impliquant ainsi un système de 3 équations de transport non-linéaires couplées, et de type SI chez les moustiques. On démontre ainsi en particulier un résultat de stabilité globale lorsque $\mathcal{R}_0 \leq 1$.

J'ai aussi étudié la transmission du paludisme d'un point de vue cellulaire, c'est-à-dire en me concentrant sur la dynamique épidémiologique des globules rouges qui se font infecter par les mérozoïtes (un des stades du parasite) qui sont eux-mêmes libérés par les globules rouges infectés. Dans le cadre de la thèse de Malick Pane, on a ainsi étudié [P3] un modèle intra-hôte de compétition entre deux espèces différentes de *Plasmodium* qui attaquent les globules rouges à des stades différents. L'un étant généraliste *P. falciparum* et l'autre étant spécialisé chez les jeunes globules rouges *P. vivax*. De plus, le parasite est structuré en trait phénotypique continu et a la possibilité de muter au cours du temps. L'idée sous-jacente du modèle étant d'étudier l'évolution de la résistance aux antipaludéens, on montre dans quelles situations lequel des deux parasites gagne et une possibilité de coexistence. De plus, lorsque la variance du noyau de mutation tend vers 0, les densités de parasite se concentrent autour d'un certain trait phénotypique maximisant une fonction de fitness. Ce projet fait suite à un travail récent [8] où il y a une compétition entre n espèces différentes de parasites mais où la structure en trait phénotypique (et donc la partie évolutive) n'est pas présente.

Enfin, dans le cadre de la thèse de Khady Ndeye Gningue, on étudie actuellement un modèle intra-hôte avec deux parasites en compétition où chaque parasite peut infecter à la fois les jeunes et les vieux globules rouges. Sans mutation possible chez le parasite, l'idée est de caractériser l'avantage compétitif d'une espèce de *Plasmodium* spécifique au sein des infections mixtes de paludisme chez l'hôte infecté et d'identifier la stratégie d'infection préférentielle de globules rouges d'âges différents qui est favorisée par la sélection naturelle.

Modélisation de la Covid-19

Cette thématique de recherche fait suite à ma collaboration avec des chercheurs spécialistes en évolution des maladies infectieuses au sein de l'unité MIVEGEC à Montpellier, initiée lors de mon postdoctorat dans cette unité en 2020-2021. Le modèle épidémiologique étudié est de type SIR où les individus sont d'une part structurés en âge en raison de la forte dépendance en âge de certains paramètres dont la mortalité, et d'autre part structurés en temps depuis infection pour prendre en compte de manière plus fine les différents stades de l'infection. De plus, les individus infectés sont divisés en trois compartiments en fonction de la sévérité de la maladie. 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 [9] pour une liste exhaustive de la littérature avant 2020). Un premier travail a donné lieu à la publication [P9].

Plus récemment [P6], dans le cadre de la thèse de Bastien Reyné soutenue en 2023 au sein de l'unité MIVEGEC, la vaccination a été prise en compte dans les équations en se focalisant sur l'épidémie en France en 2021 afin de déterminer les composantes majeures qui ont contribué aux admissions en hôpital. La dynamique temporelle de l'efficacité de la vaccination a été calibrée à l'aide de données sur le vaccin Pfizer-BioNTech. On a ainsi utilisé une double sigmoïde pour prendre en compte un schéma vaccinal à deux doses, avec des intensités différentes pour la réduction de la sévérité, l'immunité infectieuse et la réduction de la transmission. Pour chaque jeu de paramètres, le taux de vaccination a été fitté pour que la densité de personnes vaccinées corresponde aux données existantes. Ensuite, les interventions non pharmaceutiques ont également été fittées via un paramètre, sur les données quotidiennes d'admissions à l'hôpital. Finalement, à l'aide d'une analyse de sensibilité, on montre qu'une grande partie de la variance provient de la matrice de contact, surtout chez les jeunes. On observe également d'importantes variations temporelles de certains paramètres, tels que l'échelle de paramètre du temps de génération de la loi Weibull.

Épidémiologie évolutive végétale

Dans cette thématique, je me suis intéressé à la modélisation mathématique d'épidémies évolutives de mildiou, qui est à l'origine de plusieurs travaux récents [2, 3, 7]. Dans ces modèles, le pathogène libère des spores afin de contaminer des populations de vignes. Ces spores sont elles-mêmes structurées par une variable continue représentant le trait phénotypique, donnant lieu à un modèle intégro-différentiel, où un petit paramètre ε caractérise la variance du noyau de mutation.

Cette maladie est provoquée par un oomycète parasite (*Plasmopara viticola* pour la vigne) et 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.* [5] 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 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 [4], et consiste à supposer, contrairement aux autres approches, que les échelles de temps évolutive et épidémiologique sont du même ordre de grandeur. Un premier travail appliqué au contexte de la vigne est dû à Djidjou-Demasse *et al.* [7] et explique mathématiquement comment le pathogène survit même en cas de variété résistante : par un phénomène de mutation-sélection en se concentrant autour du trait phénotypique qui maximise une fonction de fitness lorsque $\varepsilon \rightarrow 0$, à condition que le maximum de cette fonction, noté $\mathcal{R}_0$, soit plus grand que 1.

Lors de mon postdoctorat à Bordeaux en 2019, j'ai étudié un modèle similaire en prenant en compte deux espèces qui cohabitent dans une même parcelle [P11] en démontrant à quoi ressemble l'équilibre endémique lorsque $\varepsilon \rightarrow 0$. Ces résultats n'étant valables que sous certaines hypothèses, on les a relâchées dans un travail récent [P7]. On trouve que si le gène de résistance altère la production totale de spores, alors les deux populations d'infectés vont survivre et se concentrer autour du trait phénotypique qui maximise la fonction de fitness qui s'écrit dans ce cas comme la somme arithmétique des fonctions de fitness de chacun des deux hôtes. Ceci s'explique par le fait que les propagules pathogènes passent toutes par un unique compartiment de spores. La convergence est relativement plus lente lorsque la fonction de fitness possède un maximum local : le pathogène vit alors plus longtemps autour du trait phénotypique correspondant à ce maximum.

Dans le cas où la résistance altère l'efficacité d'infection, le principe d'optimisation ne tient plus et par conséquent des branchements évolutifs sont possibles. La forme de la fonction de fitness permet ainsi de déterminer un attracteur évolutif stable (qui est le maximum global de la fonction), mais un second attracteur stable peut exister. Ceux-ci sont trouvés en calculant des fonctions de fitness d'invasion (classiques en dynamique adaptative) permettant de savoir si une stratégie mutante peut envahir une population résidente.

Modèles de compétition

Le point de départ de cet axe est le travail fondateur [10] où les auteurs étudient un modèle épidémiologique de type SI avec structure en âge chez les individus infectés en démontrant la stabilité globale, dans un certain bassin d'attraction, de l'équilibre endémique, ainsi que de l'équilibre sans maladie, en fonction du seuil $\mathcal{R}_0$. Ils combinent pour cela la théorie des semigroupes intégrés avec des résultats de systèmes dynamiques : existence d'un attracteur global, persistance uniforme du semiflot puis utilisation de fonctions de Lyapunov. Dans le cas de plusieurs souches, le modèle devient un modèle de compétition (une population de susceptibles et N populations d'infectés). Ce modèle peut aussi être interprété en écologie comme un système proie-prédateurs. Dans [11], les auteurs ont démontré un principe d'exclusion compétitive : la souche avec le plus grand $\mathcal{R}_0$ va

survivre asymptotiquement, tandis que les autres souches vont finir par disparaître. Cependant, le cas où le plus grand $\mathcal{R}_0$ est atteint pour plusieurs souches n'est pas traité dans [11].

Dans le cas à deux souches ($N = 2$) j'ai démontré dans [P12] l'attractivité globale de l'ensemble des équilibres endémiques dans le cas où les deux $\mathcal{R}_0$ sont égaux.

Plus récemment, avec un collègue de l'Université Côte d'Azur, on a étendu dans [1] les résultats de [11] en considérant également les cas où plusieurs souches ont le même $\mathcal{R}_0$. On montre ainsi que le principe de compétition exclusive est encore vrai : plusieurs souches peuvent survivre simultanément si elles ont le même $\mathcal{R}_0$ à condition qu'elles soient initialement présentes dans le système et qu'aucune souche avec un plus grand $\mathcal{R}_0$ ne soit présent initialement. On démontre ainsi en particulier la stabilité d'un certain ensemble d'équilibres endémiques, ce qui était un problème resté ouvert dans [P12]. De plus, on démontre rigoureusement plusieurs éléments de preuve ignorés dans [10, 11]. En particulier, démontrer l'existence d'une fonction de Lyapunov nécessite le calcul de la dérivée de la fonction le long des orbites. Cela demande d'avoir une solution classique et donc de considérer de bonnes conditions initiales (dans le domaine d'un certain opérateur). Autrement, le principal argument avancé dans [10] mais incomplet est celui de densité du domaine dans l'espace entier. Il manque en effet un argument de continuité uniforme par rapport à la condition initiale : pour tout temps fixé t et toute condition initiale x_0 , la solution va rester pour tout temps $s \in [0, t]$ aussi proche que l'on veut de la solution partant d'une autre condition initiale, à condition que celle-ci soit suffisamment proche de x_0 . L'autre argument manquant, nécessaire pour démontrer la stabilité globale des équilibres endémiques, est d'avoir certaines estimations sur la solution pour s'assurer que la fonction est bien définie : en effet, l'argument de densité n'assure pas que ces estimations soient vérifiées.

7 Productions scientifiques

Papiers soumis :

- [P1] S. Girel et **Q. Richard**, On the global asymptotic stability of an infection-age structured competitive model. Soumis.
- [P2] S. Djaoué, I. Damakoa, A. Perasso et **Q. Richard**, Global stability in an age-structured SIRS malaria transmission model. Soumis.

Publications récentes :

- [P3] M. Pane, **Q. Richard**, O. Seydi et R. Djidjou-Demasse, Mathematical modeling of intra- and inter-species interactions in mixed malaria within-host infections, *Journal of Mathematical Analysis and Applications* (2025).
- [P4] **Q. Richard**, M. Choisy, T. Lefèvre et R. Djidjou-Demasse, On the necessity of accounting for age structure in human malaria transmission modelling, *Mathematical Biosciences* (2024).
- [P5] 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).
- [P6] 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, *Mathematical Modelling of Natural Phenomena* (2022).
- [P7] 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).
- [P8] **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).

Publications plus anciennes :

- [P9] **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).
- [P10] 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).
- [P11] 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).
- [P12] **Q. Richard**, Global stability in a competitive infection-age structured model. *Mathematical Modelling of Natural Phenomena* (2020).
- [P13] A. Perasso and **Q. Richard**, Asymptotic behavior of age-structured and delayed Lotka-Volterra models, *SIAM, Journal on Mathematical Analysis* (2020).
- [P14] 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).

- [P15] A. Perasso and **Q. Richard**, Implication of age-structure on the dynamics of Lotka-Volterra equations, *Differential and Integral Equations* (2019).
- [P16] M. Mokhtar-Kharroubi et **Q. Richard** Time asymptotics of structured populations with diffusion and dynamic boundary conditions *Discrete and Continuous Dynamical Systems - B* (2018).

8 Bibliographie générale

- [1] 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).
- [2] 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).
- [3] 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).
- [4] T. Day and S.R. Proulx, A General Theory for the Evolutionary Dynamics of Virulence, *The American Nat.* (2004).
- [5] 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).
- [6] R. Djidjou-Demasse and A. Ducrot, An age-structured within-host model for multistrain malaria infections, *SIAM J. Appl. Math.* (2013).
- [7] 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).
- [8] 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).
- [9] H. Kang, X. Hugo and S. Ruan, Nonlinear physiologically structured population models with two internal variables, *Journal of Nonlinear Science* (2020).
- [10] P. Magal, C.C. McCluskey and G.F. Webb, Lyapunov functional and global asymptotic stability for an infection-age model, *Applied Analysis* **89**, 1109–1140 (2010).
- [11] M. Martcheva and X.-Z. Li Competitive exclusion in an infection-age structured model with environmental transmission. *J. Math. Anal. Appl.* (2013).
- [12] 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).
- [13] 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).