



2025 | **16-20**
GIJÓN | **JUNIO**

9º CONGRESO FORESTAL ESPAÑOL

9CFE-1791

Actas del Noveno Congreso Forestal Español
Edita: **Sociedad Española de Ciencias Forestales. 2025.**
ISBN: **978-84-941695-7-1**

Organiza





Herramientas fenológicas para la delimitación de cepas (clones) en montes bajos de *Quercus pyrenaica* Willd.

PALLARÉS ZAZO, J. (1), SALOMÓN MORENO, R. (1), RODRÍGUEZ CALCERRADA, J. (1), HOLGUÍN, A. (2); ZABAL AGUIRRE, M. (3, 4); MIRANDA GARCÍA-ROVÉS, J.C. (1) y VALBUENA CARABAÑA, M. (1, 5)

(1) Departamento de Sistemas y Recursos Naturales, Universidad Politécnica de Madrid, 28040 Madrid.

(2) TYC-GIS. C. Bravo Murillo 50, 28003, Madrid.

(3) Centro de Investigación en Biodiversidad y Cambio Global (CIBC-UAM), Universidad Autónoma de Madrid, C. Darwin 2, 28049 Madrid.

(4) Departamento de Biología, Universidad Autónoma de Madrid, C. Darwin 2, 28049 Madrid

(5) Centro para la Conservación de la Biodiversidad y el Desarrollo Sostenible (CBDS), E.T.S.I. Montes, Forestal y del Medio Natural, Universidad Politécnica de Madrid, 28040 Madrid.

Resumen

Los rebollares de *Quercus pyrenaica* ocupan grandes superficies en España y son considerados hábitats de interés comunitario en Europa. Tras el abandono de la gestión tradicional en monte bajo, muchas de estas masas sufren procesos de decaimiento achacados a su envejecimiento. El intenso rebrote de raíz y las cortas periódicas durante siglos han generado desequilibrios fisiológicos y de biomasa entre la fracción aérea y los sistemas radicales, creando estructuras clonales (cepas) difícilmente identificables en ausencia de costosas herramientas de genotipado. La correcta delimitación de las cepas (tamaño, forma, densidad de genotipos, etc.) ayudaría en la gestión adaptativa de estas masas, definiendo la intensidad de cortas en los aclareos destinados a su conversión a monte alto. Nuestras observaciones de campo revelan que la fenología de la brotación de primavera es coincidente entre los pies de una misma cepa identificados genéticamente. En este trabajo se han combinado datos genéticos, observaciones de campo e índices de vegetación obtenidos mediante imágenes multiespectrales para delimitar cepas, obteniéndose resultados prometedores con coincidencias entre métodos en torno al 90%. Los resultados evidencian la aplicabilidad a gran escala de los vuelos multiespectrales en la identificación de genotipos clonales en montes bajos de rebollo dado su menor coste.

Palabras clave

Decaimiento, diversidad genética, fenología, índices de vegetación, rebollares

Introducción

La preocupación por el estado de salud de los bosques aumenta con el incremento generalizado de casos de decaimiento y mortalidad en masas forestales (ALLEN *et al.* 2010; HARTMANN *et al.* 2018). El calentamiento global conlleva amenazas crecientes para los bosques, tanto por el empeoramiento de las condiciones ambientales como por la aparición de nuevas enfermedades y plagas, los cuales ponen en riesgo su adaptabilidad futura. Preservar la vitalidad de los bosques y un uso sostenible de los recursos forestales es crucial para la conservación de la biodiversidad terrestre y el bienestar humano. Para ello, la aplicación de prácticas selvícolas adaptativas, especialmente en áreas mediterráneas, donde los cambios del clima y del uso del territorio son notables, es clave para crear bosques productivos, pero también sostenibles y capaces de enfrentar los desafíos del



futuro (FAO 2018, IPCC 2021; PEÑUELAS *et al.* 2021, COELLO *et al.* 2021). Estas prácticas han de tener en cuenta factores como la estructura de los ecosistemas forestales y su diversidad asociada, tanto inter- como intraespecífica. Así, la gestión adaptativa considera aspectos como la densidad de las masas, la edad y el tamaño de los árboles, así como la disposición de las copas, con el fin de asegurar una regeneración natural de semilla que permita la creación de nuevas combinaciones genéticas con capacidad de adaptación a condiciones ambientales cambiantes. El mantenimiento de la diversidad fenotípica con base genética también debería ser objeto de la selvicultura adaptativa (VOLTAS, 2023), dada su importancia en los procesos que determinan el mantenimiento de la eficacia biológica de las poblaciones (*fitness*) y el potencial evolutivo de las especies (REED & FRANKHAM 2003; JUMP *et al.* 2008; PAUTASSO *et al.* 2009).

Frente al cambio global, el manejo de formaciones monoespecíficas, como los montes bajos de quercinias mediterráneas, y en especial de *Quercus pyrenaica*, se enfrenta a grandes retos (CAÑELLAS *et al.* 2004, BRAVO *et al.* 2008; SERRADA y BRAVO 2012). Las recomendaciones selvícolas se centran en el control de la densidad, con el fin de atenuar los síntomas asociados al decaimiento y la mortalidad de los árboles para aumentar su resistencia a estreses abióticos (daños por déficit hídrico y riesgo de incendios), asegurando su crecimiento y regeneración natural (incrementando la productividad y la fructificación) (e.g. VERICAT *et al.* 2012). Para ello, los resalvos de conversión a monte alto -o fustal sobre cepa- se aplican con relativo éxito, pero sin el conocimiento de aspectos fisiológicos y genéticos potencialmente determinantes de su eficacia (SALOMÓN *et al.* 2017). Los aprovechamientos tradicionales de estas especies rebrotadoras con *cortas a hecho*, para la obtención de madera, leña y carbón vegetal en ciclos de rotación cortos (RACKHAM, 2003), conllevan el rejuvenecimiento periódico de las partes aéreas a expensas del continuo desarrollo de los sistemas radicales. Con el tiempo, éstos pueden hacerse menos profundos (ZADWORNÝ *et al.* 2014) y representar una gran proporción de la biomasa del árbol (CANADELL & RODA, 1991; BOND & MIDGLEY, 2001), lo que podría generar desequilibrios de carbono y agua, y acelerar el decaimiento de los árboles. Así, una alta proporción de biomasa subterránea implicaría un consumo elevado de carbohidratos no estructurales en la respiración que reduciría el carbono disponible para el crecimiento y la fructificación de los pies (CORCUERA *et al.* 2006; SALOMÓN *et al.* 2015, 2016). El estancamiento del crecimiento y la escasa regeneración por semillas son problemas comunes en montes bajos envejecidos cuya gestión ha sido abandonada. Un manejo adaptativo de estas masas debería considerar, además del tipo de rebrote mayoritario, los posibles desequilibrios fisiológicos relacionados con la incidencia de las cortas aplicadas, así como la consiguiente estructura clonal de los rodales (SALOMÓN *et al.* 2017).

En montes bajos de estructura genética desconocida –la mayoría de ellos– las claras de alta intensidad pueden provocar la eliminación no deseada de genotipos (VALBUENA-CARABAÑA *et al.* 2008), además de un rebrote excesivo. Esto puede ser un problema añadido en rodales con baja diversidad de cepas (genotipos) si la excesiva intensidad del aclareo incrementa el desequilibrio entre la parte subterránea y aérea de la cepa; ello podría limitar el crecimiento de los resalvos y poner en peligro la supervivencia del genotipo. Así, definir la intensidad de corta óptima puede beneficiarse del conocimiento de la estructura clonal de las cepas. Sin embargo, en especies que rebrotan de raíz esta información requiere de análisis genéticos costosos y laboriosos. El uso de marcadores moleculares para



caracterizar la estructura genética de los bosques obedece mayoritariamente a fines de investigación más que a planes de manejo. Separar los genotipos a simple vista, incluso por ojos expertos, sólo es factible en especies rebrotadoras de cepa que forman agrupaciones visibles. Después de varios ciclos de corta y regeneración, la estructura clonal del rodal suele quedar difuminada. De hecho, algunos montes bajos tienen una estructura genética compleja, con pies que rebrotan de raíces que se extienden a decenas o incluso cientos de metros de distancia, entremezclados con pies de otros genotipos (VALBUENA-CARABAÑA y GIL, 2017). Identificar estas cepas es imposible visualmente y muy complejo con marcadores moleculares.

La variación en rasgos fenotípicos entre individuos puede condicionar diferencias intrapoblacionales en la supervivencia y adaptación. Las variaciones en la fenología, la cual determina los tiempos de brotación, floración, fructificación y senescencia de los individuos, pueden condicionar la reproducción o el crecimiento de los árboles, afectando a la competencia por los recursos y a las interacciones ecológicas con otras especies herbívoras y polinizadoras. Bajo el supuesto de que la fenología es una característica individual asociada al genotipo y controlada por el ambiente es de esperar que los pies de una misma cepa (ramets del mismo genotipo o genet) muestren una alta sincronía fenológica entre sí en comparación con pies de otros genotipos, más aún si ocupan microambientes diferentes (BLONDER *et al.* 2023). Los cambios rápidos en las concentraciones de pigmentos, el área foliar y el grosor de las hojas que ocurren durante la brotación de primavera o la senescencia de las hojas en otoño se pueden detectar, entre otros procedimientos, mediante observaciones de campo, cámaras fenológicas (VANBEVEREN *et al.* 2016; DELPIERRE *et al.* 2020) e índices de vegetación (VI) derivados de imágenes multiespectrales e hiperespectrales obtenidas con vehículos aéreos no tripulados (UAVs o drones) (KLOSTERMAN & RICHARDSON, 2017; FAWCETT *et al.* 2021) o satélites (DRONOVA & TADDEO, 2022; BLONDER *et al.* 2023). Las imágenes multiespectrales satelitales para monitorear la fenología de las hojas atraen un importante esfuerzo de investigación, dado su potencial para evaluar la productividad de los cultivos, los ciclos del carbono y el agua de los bosques y la retroalimentación climática a grandes escalas espaciales (BAJOCCO *et al.* 2019; YIN *et al.* 2022). Sin embargo, estas imágenes aún no presentan la resolución espacial suficiente para caracterizar las copas de los árboles de forma individualizada (BLONDER *et al.* 2023). Por el contrario, el uso de drones equipados con cámaras espectrales puede mejorar la resolución espacial y temporal necesaria para detectar con precisión cambios fenológicos a nivel individual (KLOSTERMAN & RICHARDSON, 2017; FAWCETT *et al.* 2021) y, potencialmente, delimitar cepas con comportamientos fenológicos diferenciados. Sin embargo, hasta donde sabemos, la aplicación de este enfoque como herramienta de gestión en monte bajo no ha sido aún explorada.

Objetivos

En este trabajo ensayamos un método sencillo para obtener indicadores para caracterizar la estructura clonal de rebollares (*Quercus pyrenaica* Willd.) según la fenología de brotación foliar. Para evaluar los cambios fenológicos entre los diferentes grupos clonales, integramos imágenes multiespectrales de alta resolución temporal y espacial con observaciones fenológicas de campo para contrastarlas con la información genética disponible en el rodal por la cual se conoce la distribución de las cepas. Nuestra hipótesis es que la variabilidad fenológica intrapoblacional es suficientemente alta para evaluar la estructura



clonal de estos rebollares. Si es cierto, esperamos además que las imágenes multiespectrales de alta resolución puedan detectar tales diferencias fenológicas y usarse como una herramienta para la delimitación clonal. Si tiene éxito, nuestro enfoque para caracterizar la estructura genética de los montes bajos, no restringido a rebollares submediterráneos, constituirá una herramienta de gestión prometedora para los montes bajos abandonados amenazados por los cambios de uso y el calentamiento climático.

Metodología

La parcela experimental de estudio se localiza en un rebollar monoespecífico de *Q. pyrenaica* en el Monte Matas de Valsaín (Segovia), cuya estructura clonal ha sido previamente establecida con marcadores moleculares en una hectárea de superficie (SALOMÓN *et al.* 2015). Para este estudio se monitorizaron para su seguimiento fenológico un total de 121 individuos localizados de forma contigua en la parte central de dicha parcela experimental.

Monitorización fenológica

Las observaciones fenológicas fueron realizadas por tres observadores independientes desconocedores de la estructura clonal del rodal, 15 veces en 2016 (“observador1”) y 11 en 2022 (“observador2” y “observador3”) en intervalos de 3-4 días a lo largo del período de brotación de primavera (mediados de abril-finales de mayo). Cada día, se asignó a cada pie una clase fenológica (fenofase) (Figura 1; “F0” yemas cerradas; “F1” engrosamiento de yemas; “F2” apertura de yemas, extremos blanquecinos; “F3” despunte; “F4” expansión foliar; “F5” hojas desarrolladas. Algunas fenofases se subdividieron en etapa temprana, intermedia y tardía, y fueron denotadas por los subíndices “a”, “b” y “c”, respectivamente.

Imágenes multiespectrales

Durante la primavera de 2022 se generó un modelo 3D de la superficie del dosel arbóreo mediante un vuelo con cámara RGB realizado a baja velocidad y a una altura de 70 m. Este modelo se complementó con mediciones de campo con GPS de precisión milimétrica que permitieron individualizar cada individuo y extraer sus datos multiespectrales rasterizados para poder compararlos con las observaciones fenológicas de campo.

Se programaron siete vuelos con drones cada cinco días para obtener imágenes multiespectrales, las cuales fueron georreferenciadas mediante GPS de precisión milimétrica. La frecuencia de vuelos se adaptó a las condiciones climáticas, seleccionándose la misma hora para todos (inicio 12:00h), preferentemente en días despejados con alta visibilidad, para que, tras las calibraciones pertinentes, las imágenes fueran comparables entre sí.

El primer vuelo se realizó a una altura baja (30 m) con la mayoría de las yemas cerradas. A medida que se desarrollaron las hojas y la superficie del dosel se volvió irregular, los vuelos se efectuaron a mayor altura (50 m) para incrementar la superposición entre ortofotos contiguas y facilitar el procesamiento de datos. Por cada vuelo, se generó un conjunto de imágenes de bandas espectrales específicas, las cuales fueron individualizadas transformándose la proyección cónica en ortogonal.

Con la información de los datos multiespectrales se calcularon cuatro VIs en un radio de 25 cm alrededor del centro de cada copa: índice de vegetación de diferencia normalizada (NDVI), índice de borde rojo de diferencia normalizada



(NDRE), índice de vegetación verde-rojo (GRVI) e índice de vegetación de relación (RVI):

$$NDVI = \frac{NIR - Red}{NIR + Red}$$

$$NDRE = \frac{NIR - RedEdge}{NIR + RedEdge}$$

$$GRVI = \frac{Red - Green}{Red + Green}$$

$$RVI = \frac{NIR}{RED}$$

Análisis de Datos

Con el fin de validar la utilidad de las observaciones fenológicas de campo para delimitar correctamente las cepas determinadas mediante marcadores moleculares neutros en la parcela se llevó a cabo un procedimiento en dos pasos.

En primer lugar, se utilizaron las observaciones fenológicas de campo para delinear agrupaciones fenológicas concordantes. Para ello, se aplicó un análisis de correspondencia múltiple (MCA; paquete FactoMineR v2.8) para agrupar los árboles según los valores fenológicos registrados por cada observador en tres análisis independientes. De cada MCA se extrajeron cinco dimensiones por árbol para definir el número óptimo de grupos fenológicos (k), aplicando un procedimiento *bootstrap* (B=2000). Se integró la información espacial (coordenadas X e Y del centro de cada copa) para generar un dendrograma por métodos divisivos mediante la función *diana* (paquete cluster v2.1.4). Esta función considera inicialmente a todos los individuos como un solo grupo y, en función de las diferencias fenológicas que surgen a lo largo de las observaciones, los pies se separan secuencialmente en los k grupos previamente definidos mediante *bootstrap*.

En segundo lugar, se comprobó que las imágenes multiespectrales pudieran aplicarse para delinear agrupaciones fenológicas. A cada pie e índice de vegetación (VI) le corresponden siete valores cuantitativos (uno por fecha de observación) con los que se realizó un análisis de componentes principales (PCA) para agrupar los árboles siguiendo un procedimiento similar al de las observaciones fenológicas de campo. Se utilizaron los autovalores (ejes ortogonales) del PCA para definir el número óptimo de grupos (k) para delimitar fenotipos mediante un procedimiento *bootstrap* (B = 2000).

Para cada conjunto de datos (7 en total, tres observaciones de campo y cuatro VI) se evaluó el grado de asignación clonal correcta según la información genética disponible utilizando el software ArcGIS (versión 10.4.1) para la visualización de los resultados.

Se establecieron dos tipos de errores en la identificación. El error de tipo 1 (“err1”) corresponde a la asincronía intraclonal o asincronía dentro de cepa, es decir, a la identificación de más de un fenotipo dentro de un mismo grupo clonal (genotipo).



El error de tipo 2 (“err2”) corresponde a la sincronía interclonal o sincronía entre cepas, es decir, diferentes grupos clonales presentan el mismo fenotipo.

Para evaluar en mayor profundidad la utilidad de ambos métodos (basado en observaciones de campo y en imágenes espectrales), se contabilizó además el número de errores cometidos en caso de disponer únicamente de la información espacial (coordenadas X e Y de los pies) – única posibilidad sin conocimiento de la estructura de cepas.

Para cada conjunto de datos se contabilizaron los err1 y err2, los cuales fueron normalizados con respecto al total o máximo posible.

El número máximo de err1 se calculó de la siguiente manera:

$$error_{1\ max} = S - G$$

donde S y G se refieren a pie y genotipo, respectivamente. Es decir, en el caso de una asincronía intraclonal completa, cada pie (121) se comporta como un fenotipo único. Teniendo en cuenta el número real de 24 genotipos en la parcela experimental, se puede obtener un máximo de 97 err1.

El número máximo de err2 se calculó de la siguiente manera:

$$error_{2\ max} = \sum_1^{G-1} G$$

Es decir, en el caso de una sincronía interclonal completa, todos los genotipos (24) se comportarían como un único fenotipo. Un primer genotipo tendría 23 err2 con relación a los restantes. Un segundo genotipo tendría 22 err2 con relación a los restantes, pues el error relativo al primer genotipo ya estaría contabilizado, y así sucesivamente. Por tanto, en este caso, el número máximo de err2 asciende a 276 (23+22+21+...+3+2+1).

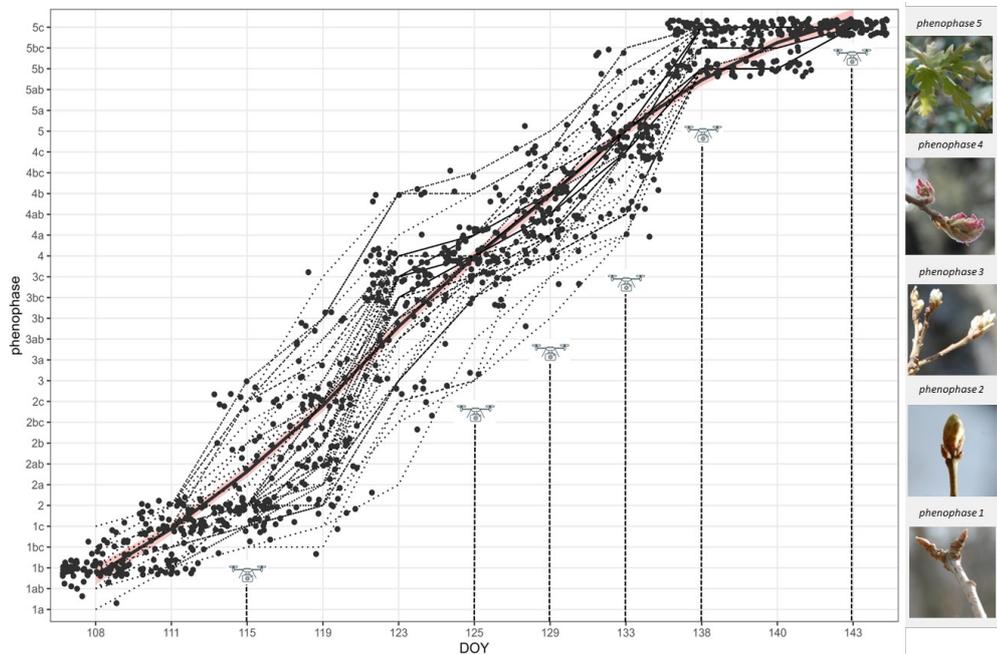
Finalmente, para evaluar la utilidad del método fenológico de campo y el de imágenes espectrales para delinear la estructura clonal de la parcela, se comparó el número de err1 y err2 entre ambos métodos y al considerar únicamente datos espaciales (coordenadas X e Y). Además, se hicieron comparaciones considerando variables de rodal como la densidad de cepas (número de clones por hectárea), la densidad intraclonal (número de ramets por clon) y la distancia máxima entre ramets de la misma cepa, como indicadores del tamaño clonal.

Resultados

Monitorización fenológica e imágenes multiespectrales

Los tres observadores independientes registraron un desarrollo fenológico foliar consistente a lo largo del tiempo. Durante los primeros días de monitoreo, las yemas estaban cerradas (“F0”) o casi cerradas (“F1”) para la mayoría de los árboles. Aproximadamente, siete días después, comenzó la fenoase “F2” que se desarrolló durante tres semanas en las que las hojas fueron emergiendo hasta hacerse diferenciables (“F3”). En este periodo se observó la mayor divergencia entre los pies monitorizados (Figura 1). Después de aproximadamente 4 semanas de expansión foliar (“F4”) se alcanzó el desarrollo completo de las hojas (“F5”), momento en el que la diferenciación entre árboles fue mínima y la distribución fenológica volvió a ser homogénea.

Figura 1. Desarrollo fenológico de la brotación foliar registrado por el observador 3 durante la primavera de 2022. Las líneas discontinuas y continuas muestran la fenología foliar de cada pie monitoreado y el promedio del rodal, respectivamente. Las imágenes de la derecha ilustran las fenofases definidas para este estudio. Las líneas verticales coinciden con las fechas de los primeros 6 vuelos.



Desde el primer vuelo (día del año (DOY) 116), la mayoría de los VI mostraron valores por encima de cero, lo que indica actividad fotosintética. Se observó una alta heterogeneidad en los VI (especialmente para NIR) dependiente del inicio de la brotación de cada árbol. En vuelos posteriores, los valores VI aumentaron progresivamente, con un incremento notable entre el tercer y cuarto vuelo (DOY 129-DOY 133), coincidiendo con el cambio de “F3” a “F4”, en el que las hojas comenzaron a desarrollarse aumentando la superficie fotosintética, y por tanto la tasa de absorbancia. Los últimos vuelos (DOY 138, DOY 143) siguieron captando un aumento en los valores de VI hasta su saturación ($NDVI \approx 0,9$), cuando las hojas estuvieron completamente desarrolladas.

Agrupación de árboles en grupos clonales y errores de asignación.

Según la información genética disponible (reanalizada de SALOMÓN *et al.* 2013), para este trabajo se han monitorizado 121 árboles pertenecientes a 24 genotipos clonales (cepas). Siguiendo las observaciones fenológicas de campo, los observadores 1, 2 y 3 agruparon los árboles en 21, 16 y 22 grupos fenológicos distintos, respectivamente. Por su parte, los distintos VI (NDVI, NDRE, GRVI y RVI), agruparon los árboles en 14, 21, 22 y 19 grupos homogéneos, respectivamente. En comparación, la información molecular sirvió para identificar 24 genotipos (cepas). Utilizando únicamente la información espacial, todos los pies se agrupan en un único grupo, lo que denota la utilidad limitada de la información espacial para definir la estructura genética de esta especie rebrotadora de raíz.

Para cada observador se ha construido un dendrograma que ilustra el procedimiento de agrupamiento a partir de las observaciones fenológicas de campo. Por ejemplo, con los datos del observador 1 (Figura 2), en las primeras



fechas, se obtienen dos grupos fenológicos que diferencian entre árboles con yemas cerradas y engrosadas. A partir de esta primera división, ambos grupos se subdividen progresivamente según el desarrollo foliar de sus copas. La agrupación final corresponde al número óptimo de agrupaciones k definidas de antemano. Además, la Figura 2 ilustra los errores de asignación clonal según las observaciones fenológicas, utilizando el observador 1 como ejemplo. El err1 se produjo en el 10,3 % de los casos (10 de 97), mientras que el err2 se produjo en el 5,8 % (16 de 276).

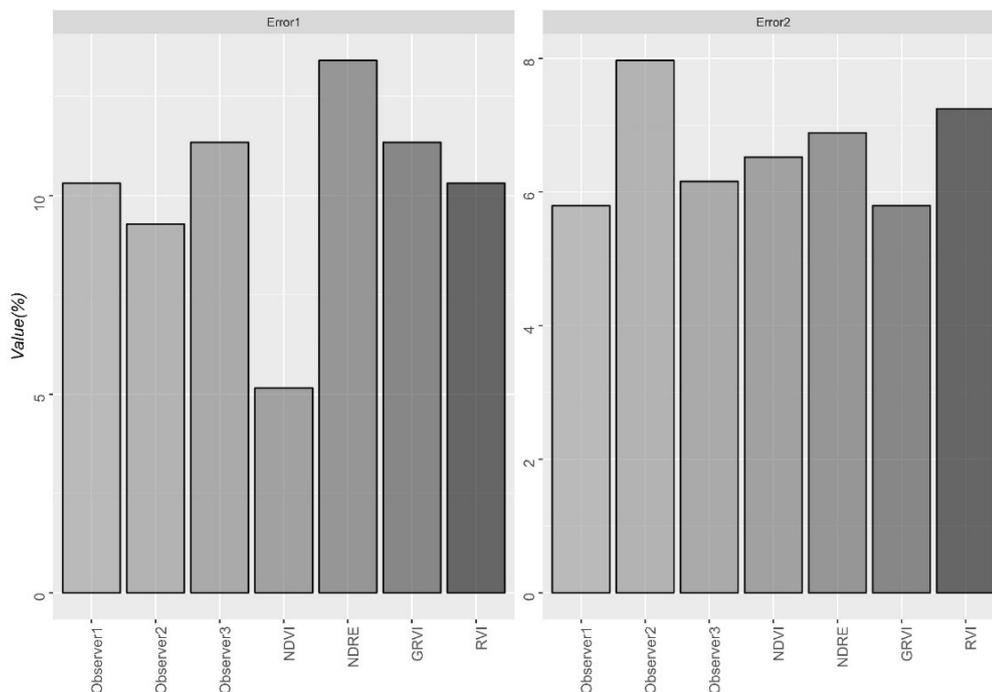
Figura 2. Agrupación de pies en función de su sincronía fenológica. A la izquierda se muestra mediante un dendrograma el proceso de agrupamiento a partir de las observaciones fenológicas de campo registradas por el "observador1". Los colores denotan los diferentes grupos fenológicos estimados. La profundidad de los ejes denota la distancia fenológica entre grupos. A la derecha se muestra el mapa del mismo agrupamiento en el que se ilustran los dos tipos de errores cometidos (asincronía intraclonal y sincronía interclonal).



Considerando todos los observadores y VIs, los porcentajes de err1 varían entre el 5,1% y 13,4%, correspondientes a los índices NDVI y NDRE, respectivamente (Figura 3); las observaciones fenológicas y los índices RVI y GRVI proporcionaron porcentajes de error intermedios (ca. 10 %). La variabilidad en los porcentajes de err2 fue menor: entre el 5,8% y el 7,9%, cometidos por el índice GRVI y el observador 2, respectivamente. Los porcentajes de error se relacionan con el número de grupos estimado (k) por cada observador y VI. Cuanto menor es k , mayor es el porcentaje de err2 (sincronía interclonal), pues varias cepas se agrupan juntas. Cuanto mayor es k , mayor es el porcentaje de err1 (asincronía intraclonal), pues los pies de una misma cepa se agrupan por separado.

Figura 3. Porcentaje de error en la asignación clonal para los tres observadores fenológicos independientes y los índices VI multispectrales.

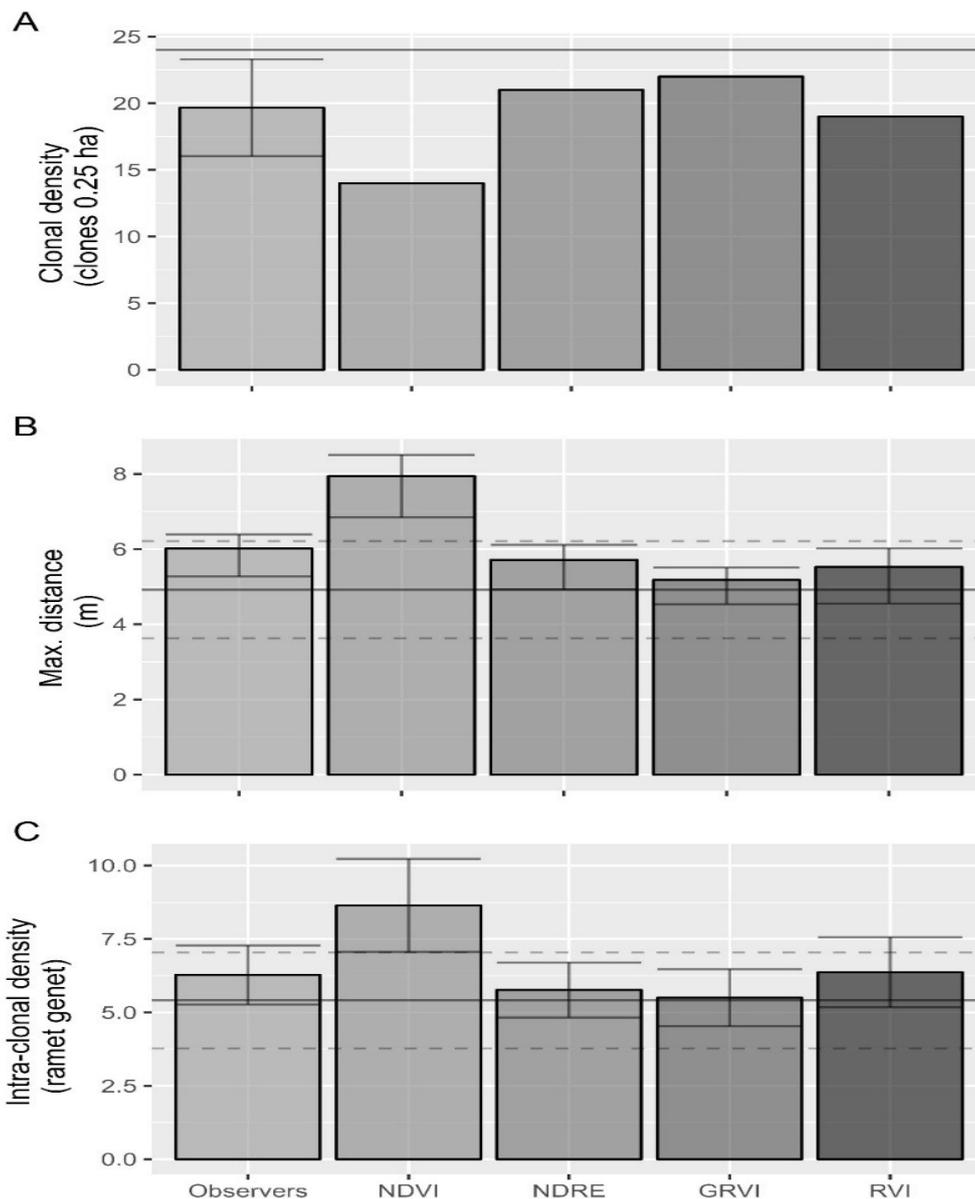
Los porcentajes de error son relativos al número máximo posible de errores que se pueden alcanzar en este conjunto de datos. El error1 corresponde a la asincronía intraclonal (un genotipo se separa en más de un fenotipo) y el error2 corresponde a la sincronía interclonal (diferentes genotipos se agrupan en un fenotipo único).



De forma consistente, el número de grupos estimados mediante *bootstrap* (entre 14 y 22) fue menor que el número de cepas existentes en la parcela de estudio (24). Mientras que el grupo de observadores y los índices GRVI, NDRE y RVI arrojaron valores razonablemente cercanos (≥ 19), el índice NDVI subestimó sustancialmente el número de grupos genéticos (14) (Figura 3). En cuanto al tamaño clonal, las distancias máximas promedio entre pies de una misma cepa estimadas por la mayoría de los VI se encuentran dentro del intervalo de confianza estimado con datos genéticos ($4,9 \pm 1,29$ m). No ocurre así con el NDVI y las observaciones fenológicas de campo. Asimismo, el número de pies por cepa estimado por la mayoría de los VIs (excepto NDVI) y las observaciones fenológicas se encuentran dentro del intervalo de confianza estimado con datos genéticos ($5,4 \pm 1,63$) (Figura 4).

Figura 4. Parámetros de estructura clonal del rodal calculados mediante las

observaciones fenológicas y los VIs calculados a partir de imágenes multispectrales (número de cepas dentro de la parcela experimental (a) como indicador de la diversidad genotípica del rodal; distancia máxima promedio entre pies dentro de la misma cepa, como indicador del tamaño (b) junto al número promedio de pies por cepa (c)). Las líneas horizontales continuas y discontinuas indican respectivamente valores promedio e intervalos de confianza del 95% de cada variable.



Discusión

La fenología foliar de primavera como indicador de la estructura clonal

Las variaciones fenológicas entre los individuos de una población (que determinan el tiempo de brotación y senescencia foliar, i.e., el periodo vegetativo de cada individuo, así como sus tiempos de floración y fructificación) pueden condicionar diferencias intrapoblacionales en la adaptación, la reproducción o el crecimiento, afectando a la competencia por los recursos, las interacciones ecológicas con otras especies y el funcionamiento de las formaciones forestales. Conocer la diversidad



fenológica intrapoblacional podría promover un manejo sostenible de los bosques que maximice la variabilidad fenotípica y genética de sus componentes facilitando la adaptación futura a los cambios ambientales.

En este trabajo se pone de manifiesto la utilidad de las diferencias fenológicas entre individuos (genotipos) para su identificación y caracterización de la estructura clonal de un rodal (número de cepas y tamaño en extensión y número de pies). Aunque existen diferencias entre observadores y VIs, tanto las observaciones fenológicas de campo como las basadas en imágenes espectrales han demostrado una alta correspondencia entre fenotipos y genotipos en este estudio. Las variaciones en la fenología foliar han demostrado una alta correspondencia entre fenotipos y genotipos en clones de *Populus tremuloides* (FLESHER *et al.* 2016). Por otro lado, los VI obtenidos mediante vuelos multiespectrales han demostrado ser útiles en la monitorización de la fenología de las hojas a grandes escalas espaciales en bosques templados y boreales (BERRA & GAULTON, 2021; DRONOVA & TADDEO, 2022). En los últimos años, el desarrollo de imágenes satelitales ha mejorado la resolución espaciotemporal de la denominada fenometría; por ejemplo, Sentinel2 puede proporcionar datos con un tamaño de píxel de 10 a 60 m cada cinco días (VRIELING *et al.* 2018). Sin embargo, dicha resolución aún es insuficiente para rastrear los cambios fenológicos a nivel individual (BLONDER *et al.* 2023). En este trabajo, la alta resolución espacial de las imágenes multiespectrales adquiridas mediante UAV permitió detectar los cambios fenológicos a escala de árbol e identificar individualmente las cepas de rebollo atendiendo a las similitudes fenológicas de sus pies con una precisión considerable: los errores debidos a la asincronía intraclonal (err1) se limitaron al 13% de los casos, y los relacionados con la sincronía interclonal (err2) al 8%. Además, los porcentajes para ambos tipos de error fueron similares a los obtenidos mediante las observaciones de campo, lo que demuestra la aplicabilidad de los VI captados mediante UAV para delinear las estructuras clonales en montes bajos.

La elección del VI influye en la fenometría derivada de imágenes multiespectrales. En este trabajo se han analizado cuatro VIs derivados de imágenes multiespectrales: NDVI, NDRE, GRVI y RVI. El menor err1 se observó para el NDVI (5,1%), para el resto de VI los valores variaron entre el 10,3% y el 13,4%. Los porcentajes de err2 fueron muy similares entre VIs, variando entre el 5,8 % y el 7,2 %. De acuerdo con estos bajos porcentajes de error, los parámetros estimados a nivel de rodal que caracterizan la estructura clonal fueron razonablemente cercanos a los valores reales determinados a priori mediante análisis genéticos. De hecho, los intervalos de confianza de los indicadores de tamaño clonal obtenidos con NDRE, GRVI y RVI se superpusieron a los valores reales. El GRVI produjo las mejores predicciones de las variables del rodal (88 clones ha⁻¹, 5,7 m y 5,5 clones de tallo-1), notablemente cercanas a las reales (96 clones ha⁻¹, 4,9 m y 5,4 clones de tallo-1). Los peores resultados se obtuvieron con el NDVI, lo cual contrasta con el amplio uso del índice de vegetación mejorado (EVI) y el NDVI en estudios fenológicos. El NDVI resultó ser el índice menos adecuado para predecir la estructura clonal a nivel de rodal, subestimando el número de clones y sobreestimando el tamaño clonal, tanto en superficie como en número de pies, un sesgo asociado con la sincronía interclonal. Esta observación contraintuitiva se explica por la asincronía intraclonal y los errores interclonales que se compensan entre sí al ampliar las observaciones al nivel del rodal para estimar las variables de la estructura clonal. En este caso, su menor porcentaje de err1 probablemente debido a la saturación del NDVI después de la formación de la cubierta vegetal, no



pudo equilibrar los errores asociados con la sincronía interclonal. Por lo tanto, vale la pena señalar que los porcentajes de error más bajos no implican necesariamente una delimitación clonal más precisa en casos de desequilibrio entre ambos tipos de errores.

En especies de hoja caduca, el EVI suele tener un mejor rendimiento (LIU *et al.* 2015), mientras que el NDVI a menudo no detecta la defoliación otoñal (NAGAI *et al.* 2010). Sin embargo, ambos tienen un potencial limitado en coníferas de hoja perenne, para las cuales los índices alternativos más sensibles a la disponibilidad de agua y menos afectados por las propiedades del suelo funcionan mejor (WU *et al.* 2014). Incluso se han aplicado índices diseñados específicamente para limitar el ruido derivado de la nieve, una fuente importante de incertidumbre en algunos bosques (JIN & EKLUNDH, 2014; WANG *et al.* 2018).

Los índices de vegetación comúnmente utilizados para evaluar la fenología (por ejemplo, NDVI y EVI) reflejan principalmente cambios en características estructurales como la biomasa del dosel. Sin embargo, los VI fisiológicos, como el índice de reflectancia fotoquímica (PRI) o el índice clorofila/carotenoides (CCI), son más adecuados para capturar cambios en la funcionalidad de las hojas (YIN *et al.* 2020), debido a su estrecha relación con la eficiencia en el uso de la luz y la actividad fotosintética (ZHANG *et al.* 2017; WONG *et al.*, 2020), incluso bajo estrés por sequía (D'ODORICO *et al.* 2021). Los VI fisiológicos capturan los cambios estacionales y subdiarios en la acumulación de pigmentos, sus reflectancias y la extinción fotoprotectora no fotoquímica asociada al ciclo de las xantofilas (WONG *et al.* 2020). Sin embargo, estos VI requieren imágenes hiperespectrales para capturar bandas estrechas específicas de pigmentos (por ejemplo, ~ 531 nm y 570 nm), que no están disponibles en la mayoría de los sensores multiespectrales existentes, lo que limita su uso. Recientemente, se ha observado que la banda ancha de reflectancia verde MODIS (utilizada en GRVI) y la banda estrecha sensible a xantofilas (utilizada en CCI) están estrechamente correlacionadas, lo que da como resultado un rendimiento similar de GRVI y CCI para rastrear la fenología fotosintética (YIN *et al.* 2022). Por lo tanto, es posible que el mejor desempeño del GRVI en este estudio esté asociado con una sensibilidad relativamente alta a la dinámica de los pigmentos en comparación con otros VI (estructurales) comúnmente aplicados, como se observó de manera similar en un bosque de coníferas perennes (NAGAI *et al.* 2012).

Implicaciones para la gestión

La gestión selvícola debe ser diferente en función del tipo de regeneración – sexual o vegetativa – del que procede la masa. Esto se ilustra por las diferencias en crecimiento y sensibilidad a estreses abióticos en robledales originados por semilla o rebrote (SALOMÓN *et al.* 2013; STOJANOVIĆ *et al.* 2017; ZADWORNÝ *et al.* 2019). Los patrones de competencia y regeneración también difieren entre rodales propagados vegetativa o sexualmente. La competencia entre pies procedentes de rebrote que comparten el mismo sistema radical dentro de las cepas puede diferir con respecto a los pies regenerados sexualmente. Por lo tanto, el cierre del dosel, la densidad de pies o el diámetro óptimo para la regeneración y el crecimiento, los principales parámetros considerados en las prácticas selvícolas, pueden diferir entre rodales según su origen reproductivo. Sin embargo, la dificultad para identificar y caracterizar cepas es una limitación importante para la aplicación de una selvicultura orientada a cepas en montes bajos.

El uso de marcadores microsatélites nucleares es un método ampliamente



utilizado para identificar clones. Sin embargo, es arduo y costoso, y exige tiempo para el muestreo de árboles, la selección de marcadores moleculares polimórficos apropiados y los análisis de ADN, lo que hace inviable caracterizar la estructura clonal de grandes rodales. En este trabajo, se han delineado con éxito los grupos clonales y se ha determinado su extensión y el número de pies por cepa utilizando datos fenológicos procedentes de observaciones de campo e imágenes multiespectrales captadas mediante el uso de UAVs. La correcta identificación de cepas basada en diferencias en la fenología foliar de primavera tiene amplias implicaciones para el manejo de rodales donde los clones no forman agregaciones espaciales que se pueden discernir fácilmente a simple vista. La identificación clonal puede ayudar a evaluar la diversidad genética, la distribución espacial de los genotipos y la historia de los aprovechamientos selvícolas en especies rebrotadoras de raíz (SALOMÓN *et al.* 2017), por la relación entre la edad del genotipo y el tamaño de las cepas (e.g. en *Q. ilex* y *Q. pyrenaica* (RETANA *et al.* 1992; SALOMÓN *et al.* 2016). Los beneficios pueden extenderse a la promoción de la investigación selvícola de montes bajos, abordando, por ejemplo, el rendimiento de los pies en función de las características de las cepas (SALOMÓN *et al.* 2015). Además de la correcta estimación del número de pies, es necesario identificar correctamente cada pie como parte de una cepa u otra o como un genotipo único para aplicar tratamientos selvícolas que tengan en cuenta la estructura clonal. Esto es así cuando se pretende convertir los montes bajos en montes altos o simplemente reducir la densidad de pies sin reducir la diversidad genotípica (por ejemplo, evitando la tala de genotipos únicos; VALBUENA-CARABAÑA *et al.* 2008) o sin exacerbar el desequilibrio entre la parte subterránea y aérea de la cepa (por ejemplo, evitando la tala de la mayoría de los pies de la misma cepa) (SALOMÓN *et al.* 2015). Hasta donde sabemos, las claras en rebollares de *Q. pyrenaica* realizados hasta la fecha no han considerado la identidad clonal de los pies aclarados como factor en el estudio de los resalvos (CAÑELLAS *et al.* 2004; ADAME *et al.* 2008; MORENO-FERNÁNDEZ *et al.* 2021; CARVALHO 2023).

En comparación con las observaciones fenológicas de campo tradicionales, las imágenes multiespectrales adquiridas con drones pueden identificar y caracterizar cepas con diferencias en la fenología foliar de primavera en áreas relativamente grandes. La fiabilidad de este método es mayor cuando se realizan varios vuelos para monitorear la fenología de primavera. Sin embargo, un solo vuelo puede ser suficiente para una correcta identificación de cepas si tiene lugar en el momento de máxima discriminación fenológica, con errores de identificación dentro del promedio del periodo de observación completo, e incluso inferiores a los obtenidos con NDRE y RVI. Con el objetivo de comprobarlo, y a modo de ejemplo, se analizaron los datos de GRVI captados en cada uno de los 7 vuelos de forma independiente. Inicialmente se contemplaron los vuelos cuyos resultados se distribuyeron con mayor dispersión al plantearse la hipótesis de que los datos se agruparían con mayor precisión (vuelos 5 DOY 138 y 6 (DOY 143); Figura 2). Sin embargo, debido a que los datos eran tan heterogéneos, se agruparon en demasiados grupos (>33) y las predicciones de las variables del rodal estuvieron significativamente fuera de las reales. Durante los vuelos 1, 2 y 3, el tejido fotosintético se estaba formando (fenofases F1, F2, F3 y F4) y, por lo tanto, los valores del índice eran demasiado homogéneos para agrupar con precisión los pies en sus grupos clonales. El vuelo 4 (DOY 133) corresponde a la fecha de vuelo óptima, cuando la lámina foliar está muy desarrollada, pero aún es diferenciable en términos de tasas de absorción/reflectancia de luz. Los resultados de este vuelo



produjeron las mejores predicciones de las variables del rodal (72 clones ha⁻¹, 6,55 m y 6,72 pies por cepa), lo suficientemente cercanas a las reales (96 clones ha⁻¹, 4,9 m y 5,4 tallos por clon) para permitir una buena caracterización de la estructura clonal a nivel del rodal. El coste de caracterizar la estructura clonal con un solo vuelo podría entonces reducirse.

Conclusiones

Con este caso de estudio, proponemos una herramienta novedosa de gestión que puede resultar de gran utilidad para la conversión de montes bajos, especialmente en especies rebrotadoras de raíz.

La variabilidad en la fenología foliar de primavera entre genotipos ha demostrado ser suficiente para delinear las agrupaciones clonales, tanto mediante observaciones de campo como mediante el uso de VIs derivados de imágenes multiespectrales.

Cada uno de los métodos presenta inconvenientes relacionados con el esfuerzo, los costes y la escala temporal y espacial de su aplicabilidad. Sin embargo, los resultados son prometedores y pueden aplicarse para la mejora de la metodología en futuros trabajos. Por ejemplo, de cara al futuro, se podrían utilizar varios VI de forma simultánea reduciendo el número de vuelos y agrupando los datos a nivel de píxel en lugar de utilizar los valores promedio de las copas individuales. Para ello, la vegetación del sotobosque podría filtrarse por las alturas previamente calculadas restando la capa del Modelo Digital de Superficie (DMS) del Modelo Digital del Terreno (DTM).

Bibliografía

- ALLEN CD, MACALADY AK, CHENCHOUNI H, BACHELET D, MCDOWELL N, VENNETIER M, KITZBERGER T, RIGLING A, BRESHEARS DD, HOGG EH T *et al.* 2010. A global overview of drought and heat-induced tree mortality reveals emerging climate change risks for forests. *Forest Ecology and Manage.* 259: 660–684.
- BAJOCCO S, RAPARELLI E, TEOFILI T, BASCIETTO M, RICOTTA C. 2019. Text mining in remotely sensed phenology studies: A review on research development, main topics, and emerging issues. *Remote Sensing* 11.
- BERRA EF, GAULTON R. 2021. Remote sensing of temperate and boreal forest phenology: A review of progress, challenges and opportunities in the intercomparison of in-situ and satellite phenological metrics. *Forest Ecology and Management* 480: 118663.
- BLONDER BW, BRODRICK PG, CHADWICK KD, CARROLL E, CRUZ-DE HOYOS RM, EXPÓSITO-ALONSO M, HATELEY S, MOON M, RAY CA, TRAN H, *et al.* 2023. Climate lags and genetics determine phenology in quaking aspen (*Populus tremuloides*). *New Phytologist* 238: 2313–2328.
- BOND WJ, MIDGLEY JJ. 2001. Ecology of sprouting in woody plants: the persistence niche. *Trends in Ecology & Evolution* 16: 45–51.
- BRAVO JA, ROIG S, SERRADA R. 2008. Selvicultura en montes bajos y medios de *Quercus ilex* L., *Q. pyrenaica* Willd. y *Q. faginea* Lam. In: Serrada R, Montero G, Reque JA (eds) Compendio de Selvicultura Aplicada en España. Instituto Nacional de Investigaciones Agrarias & FUCOVASA, Madrid, pp 657–744
- CANADELL J, Y RODA F. 1991. Root biomass of *Quercus ilex* in a montane Mediterranean forest. *Canadian Journal of Forest Research* 21: 1771–1778.
- CAÑELLAS I, DEL RÍO M, ROIG S, MONTERO G (2004) Growth response to thinning in *Quercus pyrenaica* Willd. coppice stands in Spanish central mountain. *Ann For Sci* 61:243–250



- CORCUERA L, CAMARERO JJ, SISÓ S, GIL-PELEGRÍN E. 2006. Radial-growth and wood-anatomical changes in overaged *Quercus pyrenaica* coppice stands: functional responses in a new Mediterranean landscape. *Trees* 20: 91–98.
- DELPPIERRE N, SOUDANI K, BERVEILLER D, DUFRÈNE E, HMIMINA G, VINCENT G. 2020. “Green pointillism”: detecting the within-population variability of budburst in temperate deciduous trees with phenological cameras. *International Journal of Biometeorology* 64: 663–670.
- D’ODORICO P, SCHÖNBECK L, VITALI V, MEUSBURGER K, SCHAUB M, GINZLER C, ZWEIFEL R, VELASCO VME, GISLER J, GESSLER A, ET AL. 2021. Drone-based physiological index reveals long-term acclimation and drought stress responses in trees. *Plant Cell and Environment* 44: 3552–3570.
- DRONOVA I, TADDEO S. 2022. Remote sensing of phenology: Towards the comprehensive indicators of plant community dynamics from species to regional scales. *Journal of Ecology* 110: 1460–1484.
- FAO (2018). FAO and Plan Bleu. *State of Mediterranean Forests 2018*. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome and Plan Bleu, Marseille.
- FAWCETT, D., BENNIE, J. AND ANDERSON, K. 2021. Monitoring spring phenology of individual tree crowns using drone-acquired NDVI data. *Remote Sens Ecol Conserv*, 7: 227-244.
- FLESHER KN, JURGENSEN MF, GAILING O. 2016. Comparison of phenotypic and genetic clone delineation in quaking aspen, *Populus tremuloides*. *Trees - Structure and Function* 30: 1657–1667.
- HARTMANN H, MOURA CF, ANDEREGG WRL, RUEHR NK, SALMON Y, ALLEN CD, ARNDT SK, BRESHEARS DD, DAVI H, GALBRAITH D, ET AL. 2018. Research frontiers for improving our understanding of drought-induced tree and forest mortality. *New Phytologist* 218: 15–28.
- IPCC, 2021: *Climate Change 2021: The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change*[Masson-Delmotte, V., P. Zhai, A. Pirani, S.L. Connors, C. Péan, S. Berger, N. Caud, Y. Chen, L. Goldfarb, M.I. Gomis, M. Huang, K. Leitzell, E. Lonnoy, J.B.R. Matthews, T.K. Maycock, T. Waterfield, O. Yelekçi, R. Yu, and B. Zhou (eds.)]. Cambridge University Press, Cambridge, United Kingdom and New York, NY, USA,
- JIN H, EKLUNDH L. 2014. A physically based vegetation index for improved monitoring of plant phenology. *Remote Sensing of Environment* 152: 512–525.
- JUMP AS, MARCHANT R, PEÑUELAS J (2008) Environmental change and the option value of genetic diversity. *Trends Plant Sci* 14:51–58
- KLOSTERMAN S. & RICHARDSON A.D. 2017. Observing Spring and Fall Phenology in a Deciduous Forest with Aerial Drone Imagery. *Sensors* (Basel). 8;17(12):2852
- LIU L, LIANG L, SCHWARTZ MD, DONNELLY A, WANG Z, SCHAAF CB, LIU L. 2015. Evaluating the potential of MODIS satellite data to track temporal dynamics of autumn phenology in a temperate mixed forest. *Remote Sensing of Environment* 160: 156–165.
- NAGAI S, NASAHARA KN, MURAOKA H, AKIYAMA T, TSUCHIDA S. 2010. Field experiments to test the use of the normalized-difference vegetation index for phenology detection. *Agricultural and Forest Meteorology* 150: 152–160.
- PAUTASSO M (2009) Geographical genetics and the conservation of forest trees. *Perspect Plant Ecol* 11: 157-189
- RACKHAM O. 2003. *Ancient woodland: its history, vegetation and uses in England*. Colvend, UK: Castlepoint Press.
- RETANA, J., RIBA, M., CASTELL, C. ESPELTA JM. 1992 Regeneration by sprouting of holm-oak (*Quercus ilex*) stands exploited by selection thinning. *Vegetatio* 99, 355–



364

- REED DH, FRANKHAM R. 2003. Correlation between fitness and genetic diversity. *Conserv Biol* 17:230–237
- SALOMÓN R, VALBUENA-CARABAÑA M, GIL L, GONZÁLEZ-DONCEL I (2013) Clonal structure influences stem growth in *Quercus pyrenaica* Willd. coppices: bigger is less vigorous. *For Ecol Manag* 296:108–118
- SALOMÓN R, VALBUENA-CARABAÑA M, RODRÍGUEZ-CALCERRADA J, AUBREY D, MCGUIRE M, TESKEY R, GIL L, GONZÁLEZ-DONCEL I. 2015. Xylem and soil CO₂ fluxes in a *Quercus pyrenaica* Willd. coppice: root respiration increases with clonal size. *Annals of Forest Science* 72: 1065–1078.
- SALOMÓN R, RODRÍGUEZ-CALCERRADA J, ZAFRA E, MORALES-MOLINO C, RODRÍGUEZ-GARCÍA A, GONZÁLEZ-DONCEL I, OLEKSYN J, ZYTKOWIAK R, LÓPEZ R, MIRANDA JC, ET AL. 2016. Unearthing the roots of degradation of *Quercus pyrenaica* coppices: A root-to-shoot imbalance caused by historical management? *Forest Ecology and Management* 363: 200–211.
- R SALOMÓN, J RODRÍGUEZ-CALCERRADA, I GONZÁLEZ-DONCEL, L GIL, VALBUENA-CARABAÑA M. 2017. On the general failure of coppice conversion into high forest in *Quercus pyrenaica* stands: a genetic and physiological approach. *Folia Geobotanica* 52 (1).
- SERRADA, R. BRAVO, A. (2012). Mejora de la vitalidad de las masas. En: Vericat, P; Piqué, M.; Serrada, R. Gestión adaptativa al cambio global en masas de *Quercus* mediterráneos. Págs: 49-65. Centre Tecnològic Forestal de Catalunya. Solsona (Lleida).
- VALBUENA-CARABAÑA M, GIL L. 2017. Centenary coppicing maintains high levels of genetic diversity in a root resprouting oak (*Quercus pyrenaica* Willd.) *Tree Genetics & Genomes* 13: (1):28
- VALBUENA-CARABAÑA M, GIL L. 2013. Genetic resilience in a historically profited root sprouting oak (*Quercus pyrenaica* Willd.) at its southern boundary. *Tree Genetics & Genomes* 9: 1129–1142.
- VALBUENA-CARABAÑA M, GONZÁLEZ-MARTÍNEZ SC, GIL L. 2008. Coppice forests and genetic diversity: A case study in *Quercus pyrenaica* Willd. from Central Spain. *Forest Ecology and Management* 254: 225–232.
- VANBEVEREN SPP, BLOEMEN J, BALZAROLO M, BROECKX LS, SARZI-FALCHI I, VERLINDEN MS, CEULEMANS R. 2016. A comparative study of four approaches to assess phenology of *Populus* in a short-rotation coppice culture. *IForest* 9: 682–689.
- VERICAT, P; PIQUÉ, M.; SERRADA, R. 2012 Gestión adaptativa al cambio global en masas de *Quercus* mediterráneos. Págs: 49-65. Centre Tecnològic Forestal de Catalunya. Solsona (Lleida).
- VRIELING A, MERONI M, DARVISHZADEH R, SKIDMORE AK, WANG T, ZURITAMILLA R, OOSTERBEEK K, O'CONNOR B, PAGANINI M. 2018. Vegetation phenology from Sentinel-2 and field cameras for a Dutch barrier island. *Remote Sensing of Environment* 215: 517–529.
- VOLTAS, J. 2023. Tres siglos de Genética Forestal: situación actual, retos e incertidumbres. *Cuadernos De La Sociedad Española De Ciencias Forestales*, 49(2), 101-116.
- WANG S, LU X, CHENG X, LI X, PEICHL M, MAMMARELLA I. 2018. Limitations and challenges of MODIS-derived phenological metrics across different landscapes in pan-Arctic regions. *Remote Sensing* 10: 1–21.
- WONG CYS, D'ODORICO P, ARAIN MA, ENSMINGER I. 2020. Tracking the phenology of photosynthesis using carotenoid-sensitive and near-infrared reflectance vegetation indices in a temperate evergreen and mixed deciduous forest. *New*



Phytologist 226: 1682–1695.

WU C, GONSAMO A, GOUGH CM, CHEN JM, XU S. 2014. Modeling growing season phenology in North American forests using seasonal mean vegetation indices from MODIS. *Remote Sensing of Environment* 147: 79–88.

YIN G, VERGER A, DESCALS A, FILELLA I, PEÑUELAS J. 2022. A Broadband Green-Red Vegetation Index for Monitoring Gross Primary Production Phenology. *Journal of Remote Sensing* 2022.

YIN G, VERGER A, FILELLA I, DESCALS A, PEÑUELAS J. 2020. Divergent Estimates of Forest Photosynthetic Phenology Using Structural and Physiological Vegetation Indices. *Geophysical Research Letters* 47: e2020GL089167.

ZADWORNÝ M, JAGODZIŃSKI AM, ŁAKOMY P, UFNALSKI K, OLEKSYN J. 2014. The silent shareholder in deterioration of oak growth: common planting practices affect the long-term response of oaks to periodic drought. *Forest Ecology and Management* 318: 133–141.

ZHANG C, FILELLA I, LIU D, OGAYA R, LLUSIÀ J, ASENSIO D, PEÑUELAS J. 2017. Photochemical Reflectance Index (PRI) for detecting responses of diurnal and seasonal photosynthetic activity to experimental drought and warming in a Mediterranean shrubland. *Remote Sensing* 9: 1189.