



8º CONGRESO FORESTAL ESPAÑOL

La **Ciencia forestal** y su contribución a  
los **Objetivos de Desarrollo Sostenible**



8CFE

Edita: Sociedad Española de Ciencias Forestales

**Cataluña | Catalunya - 27 junio | juny - 1 julio | juliol 2022**

**ISBN 978-84-941695-6-4**

© Sociedad Española de Ciencias Forestales

---

Organiza



## Evaluación de los patrones espacio-temporales de la podredumbre radical en una finca de dehesa en la comarca del Andévalo (Huelva)

SÁNCHEZ ESPINO, P., FERNÁNDEZ HABAS, J., FERNÁNDEZ REBOLLO, P., ABELLANAS OAR, B.

<sup>1</sup>Departamento de Ingeniería Forestal. Universidad de Córdoba.

### Resumen

*Phytophthora cinnamomi* es uno de los patógenos vegetales más devastadores conocidos. En las últimas décadas se han detectado afecciones en *Quercus* de la Cuenca Mediterránea. La dinámica de estos procesos presenta un componente contagioso, donde cada caso puede desencadenar nuevos casos (componente epidémico), y una vía de infección importada (componente endémico). Estos procesos son modulados por factores ambientales, dando lugar a fenómenos complejos de dispersión.

Para comprender estos procesos a escala de finca, se construyó un modelo epidemiológico, explicativo de la dinámica de propagación espacio-temporal de la enfermedad, utilizando el paquete de R *Surveillance* (MEYER, 2017) y datos de afección obtenidos mediante ortofotografías de un período (2001-2016) en el que se observó una clara progresión de la enfermedad. Se seleccionaron variables espaciales, temporales y espacio-temporales con posible valor explicativo del proceso.

Como factores relevantes con influencia en el componente endémico, informativo de las posibles fuentes de inóculo, se obtuvieron: la proximidad a reforestaciones y la pendiente del terreno. En el componente epidémico, que explicaría la propagación de la enfermedad por contagio local, resultaron con gran significación las precipitaciones de otoño y de invierno. El modelo permitió obtener una buena explicación del proceso infectivo, tanto en el aspecto temporal como espacial.

### Palabras clave

*Phytophthora cinnamomi*, modelización, dehesa, *Quercus*.

### 1. Introducción

*Phytophthora cinnamomi* es uno de los patógenos de plantas más devastadores que se conocen. Presenta una distribución mundial y una cantidad de huéspedes que se acerca a 5000 especies (CAHILL et al., 2008; HARDHAM et al., 2018; JUNG et al., 2013) entre las que destacan algunas de alto valor ecológico del género *Quercus spp*, *Castanea spp*, *Eucalyptus spp*, entre otras.

Es un patógeno transmitido por el suelo con fases sexuales y asexuales en su ciclo de vida (ZENTMYER, 1980) que infecta raíces finas y absorbentes, así como tallos leñosos. El crecimiento dentro del sistema radicular causa la pudrición de la raíz e interfiere con la absorción de agua y el transporte al brote, lo que resulta en defoliación, muerte regresiva de brotes y ramas, abundante emisión de brotes adventicios, necrosis del sistema radical, etc., siendo la muerte del árbol el resultado final tras una larga serie de cambios morfológicos y funcionales (BRASIER, 1992; 1996).

Durante la década de 1990 se produjo una elevada mortalidad de árboles en la dehesa de España y los Montados portugueses. Se empezó a constatar la existencia de procesos de deterioro y

muerte de *Quercus ilex* y *Q. suber* en la cuenca mediterránea, especialmente en el sur de la Península Ibérica (BRASIER, 1992). Dado que *P. cinnamomi* amenaza su sostenibilidad y su provisión de servicios ecosistémicos, es de especial relevancia el estudio y control de esta enfermedad.

Las enfermedades forestales se caracterizan por fuertes patrones espaciales ya que la propagación (CARDILLO et al., 2020; OSTFELD et al., 2005; MADDEN, 2006) puede estar influenciada por la variabilidad en las condiciones físicas y / o biológicas que favorezcan la supervivencia y la proliferación del patógeno correspondiente, así como por la actividad de los vectores de enfermedades y la presencia de reservorios. Con el estudio de una gran cantidad de datos espaciales, herramientas de análisis y metodologías, la disciplina de la epidemiología del paisaje forestal se centra cada vez más en el estudio de la dinámica espacio-temporal de las enfermedades en entornos ambientales complejos (HOLDENRIEDER et al., 2004; OSTFELD et al., 2005; MEENTEMEYER et al., 2012).

Los procesos espacio-temporales de aparición de enfermedades infecciosas se caracterizan por un comportamiento contagioso (“self-exciting”) (MEYER et al., 2012), donde cada caso de enfermedad supone también un factor de riesgo que desencadena nuevos casos. *P. cinnamomi* se considera un patógeno peligroso en el que la abundancia de reservorios potenciales aumentaría la presión del inóculo y, por lo tanto, el riesgo de infección de una planta objetivo.

Es de indudable importancia el modelado matemático de este tipo de enfermedades infecciosas que permitan proporcionar información espacial y temporal en cuanto al riesgo o la incidencia de la enfermedad, así como información importante sobre los procesos epidemiológicos y, por lo tanto, es una herramienta clave para predecir la dinámica de transmisión en una población de acogida (MADDEN, 2006; SUN, 2012). En este escenario se hace imprescindible el uso de herramientas que posibiliten y faciliten la toma de decisiones para desarrollar y gestionar de manera eficaz y eficiente los protocolos de actuación adecuados. MEYER et al. (2012) desarrollaron un modelo de regresión espacio-temporal para el análisis de procesos puntuales contagiosos para cuantificar la dinámica de transmisión de una enfermedad infecciosa humana. CARDILLO et al., 2020 ya han aplicado con éxito esta regresión espacio-temporal a escala de paisaje para analizar el declive de los *Quercus* por *Phytophthora cinnamomi*. El modelado se basa en la función de intensidad condicional (FIC), que se describe mediante una superposición de componentes aditivos y multiplicativos. Su principal característica es la descomposición del riesgo de enfermedad, en fenómenos endémicos y epidémicos. El componente endémico describe el riesgo de nuevos casos por factores externos independientes de la historia del proceso epidémico, es decir de casos importados. El componente epidémico describe el riesgo de nuevos casos derivados del contagio de otros elementos infectivos ya existentes. Este enfoque es especialmente útil en nuestro trabajo para cuantificar el alcance de la infección y para evaluar a partir de él, el papel de los factores ambientales en la propagación de la enfermedad.

## 2. Objetivos

El objetivo general de este trabajo es estudiar la dinámica de propagación espacio-temporal de *P. cinnamomi* en una finca de dehesa. Para cubrir este objetivo, se plantean los siguientes objetivos específicos:

- 1) Descripción de los patrones espaciales de presencia de árboles con síntomas de la enfermedad causada por *P. cinnamomi* a nivel de finca y su vinculación con factores relacionados con el paisaje y la gestión de la explotación.
- 2) Análisis temporal de la evolución de la enfermedad a nivel de finca y su relación con factores meteorológicos.
- 3) Análisis espacio-temporal combinando la evolución temporal de la enfermedad y su distribución espacial.

### 3. Metodología

#### 3.1 Área de estudio

El área de estudio del presente trabajo se sitúa en la parte occidental de la provincia de Huelva (Figura 1), en la comarca del Andévalo. Esta comarca se localiza entre la Sierra de Aracena, la Tierra Llana de Huelva y la frontera con Portugal. La comarca, con 52.981 hectáreas, se encuentra incluida en la lista de Lugares con Importancia Comunitaria (LIC), y declarada como Zona Especial de Conservación (ZEC). Dentro de El Andévalo, la finca concreta de estudio, “La Juanita”, cuenta con una superficie de 191.14 hectáreas, situada en el término municipal de Alosno, geográficamente ubicada en los 37° 33'21.16" de latitud y los 7° 5'12.77" de longitud oeste.



Figura 1. Localización del área de estudio.

La selección de la zona de estudio fue llevada a cabo de entre las áreas estudiadas por FERNÁNDEZ *et al.*, 2019, eligiendo una finca donde se había identificado previamente la presencia de *P. cinnamomi*.

En la finca de estudio la precipitación total anual es de 546 mm. La temperatura promedio anual es de 16.78°C. Los veranos son calurosos (con un promedio de temperatura máxima de 33°C) y los inviernos con máximos pluviométricos y un régimen térmico con inviernos suaves (temperatura media promedio mensual de 10°C y precipitación de 77mm). Los suelos de la zona son entisoles e inceptisoles poco evolucionados. La formación vegetal arbolada está compuesta casi en exclusiva por individuos de *Quercus ilex* subsp. *Ballota*, encontrándose presente regenerado de encina y

acompañados de matorral abundante con gran porcentaje de ocupación del suelo. Aparte de las formaciones adehesadas, hay varios cauces que albergan vegetación de ribera. Presenta una altitud comprendida entre los 123,3 y 193,5 metros, y la pendiente varía desde una mínima de 0,27% hasta zonas que llegan a tener una pendiente de casi un 40%. En la finca se realiza tradicionalmente un aprovechamiento ganadero de tipo extensivo compatibilizado con aprovechamiento agrícola.

### 3.2 Métodos

Para abordar los objetivos planteados en el presente trabajo, en la finca presentada, procedemos a realizar varios pasos explicados cada uno de ellos en los siguientes apartados:

- 1) Prospección de la enfermedad del arbolado en la finca de estudio a lo largo de una serie de años, mediante la inspección visual en ortofotografías y la evaluación del grado de defoliación total o parcial de los *Quercus* en las mismas.
- 2) Búsqueda y selección de factores ambientales con posible influencia en la propagación de la enfermedad, tanto espaciales como temporales, que pudiesen ser relevantes.
- 3) Con la selección de los factores ambientales identificados, construcción de un modelo epidemiológico, explicativo de la dinámica de propagación espacio-temporal de la enfermedad, utilizando el paquete estadístico *Surveillance* (MEYER et al., 2017) su metodología.

#### 3.2.1 Prospección de la enfermedad: Identificación de árboles afectados

Se realizó una revisión completa del arbolado de toda la superficie que ocupaba la finca. Para ello, se recolectó una serie temporal de ortofotografías aéreas de 7 fechas diferentes consecutivas, descargadas del Líne@ (Linea, 2020) (cuadrícula 095923) del año 2001 (1998-2001) y del PNOA (Centro Nacional de Información Geográfica, 2020) (cuadrícula 0959) de los años 2005, 2007, 2009, 2011, 2013 y 2016.

La identificación fue visual sobre la ortofotografía, marcando aquellos árboles que presentaban aspecto de defoliación completa o parcial como afectados, como se había realizado en trabajos previos (FERNÁNDEZ et al., 2019; CARDILLO et al., 2020). Sobre los árboles marcados se trazaba un buffer de 15 metros de radio, y todos los afectados incluidos dentro de este buffer fueron considerados como el mismo árbol. De esta manera se evita considerar que brotes del mismo árbol no se contaban como individuos adicionales. Fueron excluidos los árboles situados a menos de 15 metros de zonas de acumulación de agua o reservorios donde el árbol hubiera podido morir por asfixia radical. Fueron excluidos también los árboles dentro de cercas de manejo ganadero o que estaban en el límite de éstas, dado que la presencia continuada de mucho ganado puede alterar en gran medida las condiciones edáficas (Figura 2).

Para la identificación de los árboles sanos o asintomáticos en la finca al inicio del estudio, se utilizó la ortofoto del año 2001 y en ella fueron identificados los árboles sanos al igual que los afectados, visualmente. En cada fecha sucesiva, se obtuvo el mapa de los árboles sanos a partir de

los originales en 2001 eliminando los presentes en un radio de 15 m de cada árbol enfermo en dicha fecha o en fechas precedentes.

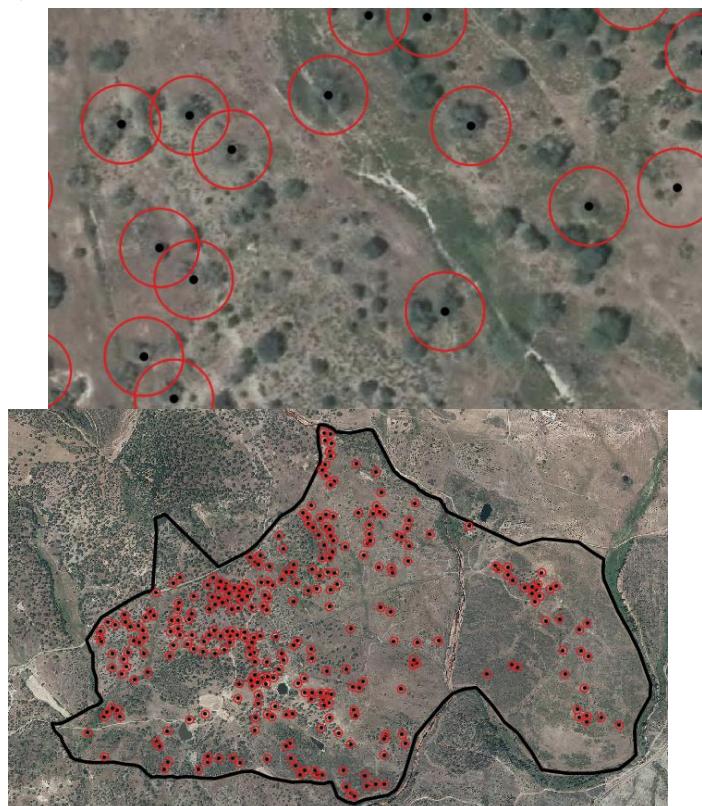


Figura 2. Identificación de encinas afectadas por *P. cinnamomi* en la finca de estudio en el año 2013. A la derecha con mayor detalle.

### 3.2.2 Selección de factores ambientales con posible influencia en la enfermedad en la zona de estudio

*P. cinnamomi* puede utilizar varios mecanismos de dispersión: propagación por el suelo, contacto de raíz a raíz, transporte a través del agua y dispersión por las actividades humanas y animales, entre otros (RISTAINO et al., 2000; CARDILLO et al., 2018). Por tanto, se seleccionó un conjunto de factores ambientales sobre la base de una hipótesis dinámica de la enfermedad para después analizar sus efectos sobre los patrones de enfermedad observados.

La selección de factores ambientales se categorizó en:

#### -Factores ambientales con posible influencia en la distribución espacial de la enfermedad

Siguiendo trabajos anteriores realizados en la misma zona de estudio (FERNÁNDEZ et al., 2018), se seleccionaron un total de 9 factores o descriptores espaciales del paisaje, que se sabe que pueden afectar a la propagación del patógeno *P. cinnamomi* (KELLY et al., 2002; WILSON et al., 2003; CARDILLO et al., 2012; de SAMPAIO et al., 2013; ABELLANAS et al., 2017; PETERSON et al., 2014), fueron los siguientes:

- Descriptores topográficos: orientación (ASPECT), pendiente (SLOPE), elevación (ELEV), acumulación de flujo (FLOW) e índice Topográfico de Humedad (TMI). Se descargó del Instituto Geográfico Nacional (IGN, España) un modelo digital de elevación (DEM) de un tamaño de píxel de cinco metros, y se utilizaron las herramientas de Spatial Analyst en ArcGIS 10.3 para extraer el valor de cada uno de ellos por píxel. El índice topográfico de humedad fue calculado según MOORE *et al.*, 1991:  $TMI = \ln(a/\tan b)$  (donde  $a$  es la acumulación de flujo y  $b$  la pendiente en grados).
- Distancia a determinados elementos del paisaje: carreteras (ROADS), cursos de agua (WATER), reservorios (RESERV) y reforestaciones recientes del programa de la PAC (REFOR). Se descargaron las capas disponibles de dichos elementos (IGN y REDIAM). Posteriormente, para obtener el valor de la distancia mínima a cada uno de estos elementos, se generó una capa de puntos de 5x5 m que cubría toda la superficie de la finca, y con la herramienta Near de ArcGis 10.3, se calculó la distancia mínima de cada punto de la malla que cubría la finca a cada uno de los elementos considerados. La información obtenida en cada punto de la malla correspondía con las distancias mínimas a cada elemento, que posteriormente se rasterizaron en píxel de 5x5m.

#### **-Factores ambientales con posible influencia en la evolución temporal de la enfermedad**

Se seleccionaron para su estudio, aspectos relevantes de la meteorología considerando los datos de la estación agrometeorológica más cercana del Servicio Integral de Asesoramiento al Regante (SIAR), que ofrece datos con una frecuencia de 30 minutos. La estación meteorológica se encuentra situada en La Puebla de Guzmán, a unos 15 kilómetros de la finca de estudio.

- Variables meteorológicas: temperatura media y precipitación. Estos factores, están ligados al año de prospección de la enfermedad. Dado que el intervalo mínimo de tiempo entre prospecciones consecutivas son dos años, entendemos que la infección que detectamos acumula datos de afectación de dos años previos, por lo tanto, para cada uno de los años de estudio, se procedió a calcular, por temporadas estacionales (primavera, verano, otoño e invierno) de dos años previos: medias de temperatura (TM\_PRIM, TM\_VER, TM\_OTON, TM\_INV), y sumatorios de precipitación (PP\_PRIM, PP\_VER, PP\_OTON, PP\_INV).

#### **-Factores con posible influencia en la propagación espacio-temporal de la enfermedad**

- Densidad de árboles sanos por unidad de superficie (SANOS): presuponemos que la densidad de árboles vivos debería estar relacionada con la transmisión de la enfermedad. A mayor cantidad de árboles, mayor posibilidad de infección y de transmisión de la enfermedad.

#### **3.2.3 Análisis estadístico: el modelo Surveillance (MEYER, 2017)**

Los modelos epidémicos describen la propagación de una enfermedad contagiosa en una población, y el paquete *Surveillance* de R (MEYER *et al.*, 2017), utilizado en el presente trabajo, fue realizado con el objetivo de proporcionar una serie de algoritmos, que permitiese a los usuarios realizar pruebas y comparar los resultados con los métodos de contagio estándares.

El paquete *Surveillance* ofrece marcos de modelado para tres diferentes tipos de datos espacio-temporales que se distinguen por la resolución espacial y temporal (Modelo Twinstim, modelo TwinSIR y modelo Hhh4). Las tres clases de modelos de *Surveillance*, están inspirados en el proceso de ramificación de Poisson con enfoque migratorio propuesto por HELD *et al.*, (2005). Su principal característica es la descomposición del riesgo de enfermedad, en características endémicas y epidémicas. El componente endémico describe el riesgo de nuevos casos por factores externos independientes de la historia del proceso epidémico, es decir de casos importados. El componente epidémico describe el riesgo de nuevos casos derivados del contagio de otros elementos infectivos ya existentes.

Para nuestro trabajo, debido a un mejor ajuste de los datos espacio-temporales disponibles, utilizamos el modelo Twinstim. MEYER *et al.* (2012) formularon este modelo llamado *twinstim* con los componentes espacio-temporales de intensidad, y la superposición de un componente endémico y un componente epidémico:

$$\lambda(s, t) = v_{[s][t]} + \sum_{j \in I(s,t)} n_j \int (\|s - s_j\|) g(t - t_j)$$

" $\lambda$ " ( $s, t$ ) representa la tasa o riesgo instantáneo de casos en el espacio ( $s$ ) y en el tiempo ( $t$ ). Parte de los casos infectados se deben al primer componente endémico, que refleja casos esporádicos causados por importación. Estos nuevos casos se modelan mediante un predictor log-lineal ( $v_{[s][t]}$ ) incorporando características espaciales y/o temporales. Aquí, el índice espacio-temporal  $[s][t]$  se refiere a la unidad espacial  $s$  durante el período temporal  $t$ . El segundo componente que se agrega, el componente epidémico, añade la "presión de infección" del conjunto de casos previos, que están constituidos por el siguiente conjunto de sucesos:

$$I(s, t) = \{j: t_j < t \wedge t - t_j \leq r_j \wedge \|s - s_j\| \leq \delta_j\}$$

Donde  $r_j$  es el periodo considerado de duración de la infectividad de los individuos afectados, y  $\delta_j$  es el radio máximo de interacción espacial (distancia máxima de contagio de un individuo),  $j$ . El modelo supone que cada caso ( $j$ ), desencadena más casos adicionales, que se denominan descendencia, casos secundarios o réplicas. La fuerza de infección se puede hacer proporcional a un predictor log-lineal  $n_j$  asociado a cada punto, pudiendo así recoger en el modelo características individuales ("marcas") de los árboles que pudieran influir en su capacidad infectiva, como su tamaño, especie u otras. No obstante, en este trabajo no se ha considerado ninguna variable individual.

El decaimiento de la fuerza de infección con el incremento de la distancia espacial y temporal entre los casos se modela mediante funciones paramétricas de interacción  $f$  y  $g$ .

El primer paso para ajustar el modelo Twinstim (MEYER *et al.*, 2017) fue obtener la estructura adecuada de los datos en forma de "epidataCS". Los 3 "ingredientes" principales para componer dicha estructura de datos son: un patrón de puntos espacio-temporales (sucesos o casos

de árboles infectados ubicados en el espacio y en el tiempo: events), la región o ventana de observación (W) y una tabla tridimensional (stgrid) espacio-temporal que contenga las covariables de la zona de estudio (variables en el espacio y en el tiempo). La función `as.epidataCS` verifica la consistencia de los tres ingredientes en la construcción de la estructura de datos.

La estructura de datos comentada contenía los siguientes atributos: coordenadas espaciales de cada celda, X e Y; tiempo (duración del periodo considerado, en años), *TIME*; identificación de la celda espacial, *TILE*; *Eps.s*:  $\delta$ ; *Eps.t*,  $r$ ; *START* y *STOP*: años de inicio y fin del período temporal considerado; área de la celda, *AREA*, (en nuestro caso todas las celdas tienen el mismo área de 25 m x 25 m) y los valores de las covariables espaciales, temporales y espacio-temporales del apartado correspondientes a la celda y el período temporal considerado.

Una vez preparados los datos, se ajustó el modelo *twinstim*, cuyos principales argumentos son las fórmulas de los predictores lineales endémicos y epidémicos, y las funciones de interacción espacial y temporal *siaf* (f) y *tiaf* (g), respectivamente. Para las funciones de interacción, las diferentes alternativas que se pueden aplicar están predefinidas y listas para usar, las podemos ver en la siguiente Tabla 1.

Tabla 1. Funciones de interacción espaciales y temporales predefinidas en el paquete *Surveillance* de R.

ESPECIAL (SIAF.*)	TEMPORAL(TIAF.*)
constant	constant
gaussian	exponential
powerlaw	step
powerlawl	
step	
student	

De acuerdo con MEYER et al. 2017, para ajustar *twinstim*, se realizaron distintas pruebas, incorporando en primer lugar el modelo solo endémico. Dado que *Surveillance* permitía incorporar factores relevantes que puedan tener influencia en cada componente, pensamos que era razonable, y suponíamos que tendrían mayor influencia en el aspecto endémico aquellos factores que tienen que ver con fenómenos que hacen llegar la infección desde fuera de la finca, (distancias a carreteras, a cursos de agua, a reforestaciones, y a charcas ganaderas). De igual forma se pensó que factores topográficos (pendiente, y elevación) podrían ser relevantes para el componente endémico por estar indirectamente relacionados con la intensidad del manejo de la explotación. Por otra parte, se pensó incorporar un factor temporal I(START) (Que indica el tiempo en años transcurrido desde el inicio del período estudiado hasta el año de prospección de la enfermedad en la finca). Se realizaron distintas pruebas, incorporando en primer lugar en el modelo solo endémico, todos los factores citados anteriormente para ver cuál de ellos mostraba más significación para

terminar ajustando el componente con los factores más significativos que aportaban un ajuste más satisfactorio.

Una vez seleccionado el componente endémico, se procedió a la adición de los demás descriptores como covariables del componente epidémico para mejorar el ajuste del modelo con ambos componentes.

A vista de la significación de las variables para la selección de las covariables en cada modelo y utilizando el criterio de AKAIKE (1974) para elegir el mejor de éstos, se eligió el modelo que tenía un mejor ajuste.

## 4. Resultados

### 4.1 Identificación de árboles afectados

De un total de 4146 árboles sanos establecidos en la finca el primer año de estudio, 1127 árboles fueron identificados como afectados por *P. cinnamomi* en el periodo total de estudio: 216 en el año 2001, 69 en el año 2005, 71 en el 2007, 130 en el 2009, 155 en el 2011, 307 en el 2013 y 179 en el último año de estudio 2016. En la siguiente Figura 3, se representa la ubicación de los árboles afectados acumulados a lo largo del período temporal estudiado.

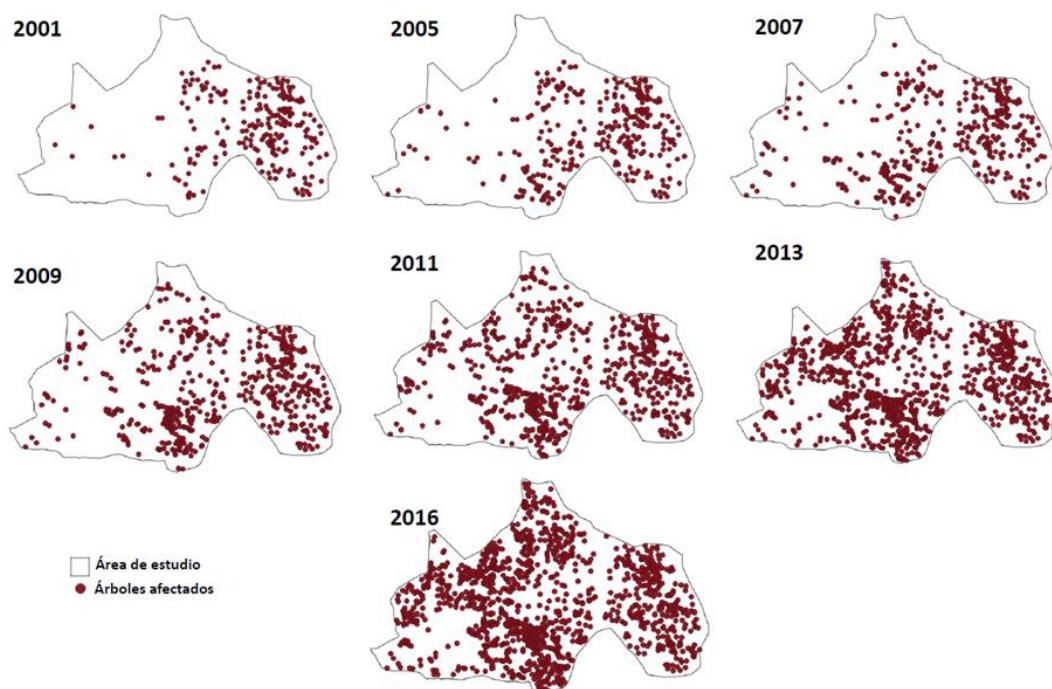


Figura 3. Encinas afectadas acumuladas en los años prospectados, identificadas en las ortofotos en la finca de estudio.

El diagrama de series temporales (Figura 4) muestra el número de casos de árboles infectados detectados en cada año de prospección (en barras), así como el número acumulado a lo largo del tiempo (línea).

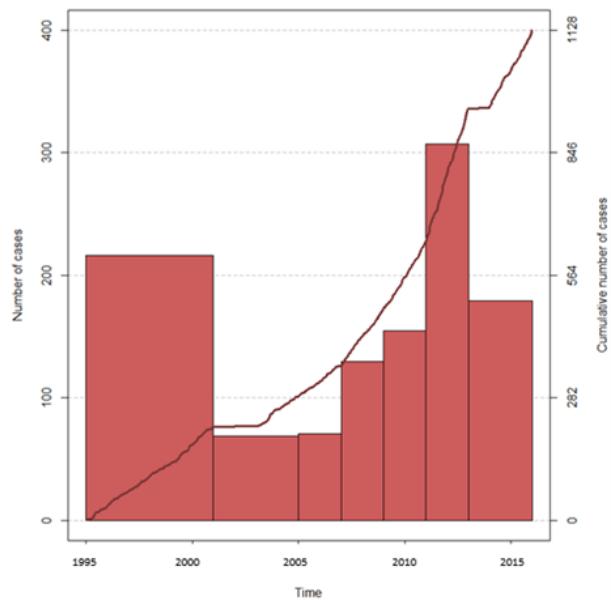


Figura 4. Número de árboles infectados en dimensión temporal

## 4.2 Estadística de las covariables

En la siguiente Tabla 2, se muestran los valores estadísticos de las variables estudiadas con posible influencia en la propagación espacial, temporal o espacio-temporal de la enfermedad en la zona de estudio. Los valores mostrados son por celda de estudio de 25x25 metros, excepto las variables meteorológicas, que son las mismas en toda la superficie, para cada año de prospección de la enfermedad.

Tabla 2. Estadísticos de los factores ambientales que han podido afectar a la propagación de *P. cinnamomi*.

	START	STOP	TILE	SLOPE	TMI	WATER	ELEV	RESERV	REFOR	ASPECT (%)	FLOW
Min.	0.00	6.00	0.00	0.27	0.08	0.02	123.3	0.00	0.00	Indiferente=8.1	100.00
1st Qu.	6.00	10.00	709	4.58	0.14	38.95	135.7	189.4	89.37	Umbría=17,5	1.00
Median	12.00	14.00	1419	7.33	0.16	74.06	139.3	349.1	244.21	Solana=45,5	3.00
Mean	10.86	13.86	1419	8.22	0.17	85.36	139.9	346.5	296.05	Llano=28,8	8.32
3rd Qu.	16.00	18.00	2129	10.89	0.20	118.38	143.5	483.8	479.77		8.00
Max.	18.00	21.00	2838	39.77	0.64	457.66	193.5	808.1	965.45		50.00
	ROADS	SANOS	TM_VER	PP_VER	TM_OTON	PP_OTON	TM_INV	PP_INV	TM_PRIM	PP_PRIM	
Min.	0.03	0.00	22.04	6.40	14.95	190.4	8.86	149.00	14.21	205.6	
1st Qu.	53.04	4.00	24.14	10.40	15.79	210.7	8.97	224.2	14.42	274.0	
Median	105.50	7.00	24.59	26.50	17.97	455.6	9.95	232.2	15.17	364.6	
Mean	112.45	8.244	24.37	36.89	17.31	370.7	9.99	358.7	15.19	346.7	
3rd Qu.	164.67	12.00	25.22	41.00	18.28	476.4	10.69	498.6	15.91	371.8	
Max.	312.18	34.00	25.27	114.80	18.42	532.8	11.57	917.4	16.02	557.6	

Variable START y STOP (años), TILE (nº celda), SLOPE (grados), TMI (adimensional), WATER (m), ELEV (m), RESERV (m), REFOREST (m), ASPECT (frecuencia de cada clase), FLOW (nº celdas), ROADS (m), SANOS (nº árboles), TM(ºC) Y PP (mm).

#### 4.3 Modelado e inferencia

Se realizaron distintas pruebas, ajustando, en primer lugar, un modelo solo endémico, como recomienda el autor (MEYER *et al.* 2017), con todas las covariables citadas anteriormente para ver cuáles de ellas mostraban más significación. Se fueron realizando ajustes con los distintos factores, y probando diferentes combinaciones. Los factores que no mostraban significación se eliminaron. Se terminó ajustando el componente con las covariables significativas eligiendo el mejor modelo de acuerdo al valor de AIC. Los coeficientes y valores de significación de las distintas covariables incorporadas al componente endémico finalmente seleccionado se muestran en la siguiente Tabla 3:

Tabla 3. Coeficientes del componente endémico

	ESTIMATE	STD. ERROR	Z VALUE	PR(> Z )
H.(INTERCEPT)	-1.090e+01	9.033e-02	-120.714	< 2e-16 ***
H.I(START)	6.840e-02	4.785e-03	14.296	< 2e-16 ***
H.WATER	1.966e-03	5.182e-04	3.794	0.000148 ***
H.REFOR	-5.495e-04	1.477e-04	-3.720	0.000199 ***
H.SLOPE	-2.685e-02	7.537e-03	-3.562	0.000367 ***

Signif. codes: 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

AIC: 25461

Log-likelihood: -12726

Una vez seleccionado el componente endémico, se procedió a ajustar el modelo completo añadiendo la componente epidémica y la adición de los demás descriptores como covariables del componente epidémico. En la siguiente Tabla 4, se pueden ver los factores incorporados en cada modelo, así como el AIC resultante de cada uno de ellos.

Tabla 4. Factores incluidos en los modelos de componente endémico y epidémico

MODELO	FACTORES COMPONENTE EPIDÉMICO	AIC
1.	SANOS+SLOPE + FLOW + ELEV	24887
2.	PP_VER+PP_OTOÑ+PP_PRIM+PP_INV+ TM_VER + TM_OTOÑ + TM_PRIM + TM_INV	24809
3.	SANOS +SLOPE + PP_OTOÑ + TM_INV + PP_INV + TM_OTOÑ	24810
4.	SANOS +SLOPE + PP_OTOÑ + + PP_INV +TM_INV	24808

Finalmente se seleccionó el modelo 4 (AIC:24808). Una vez seleccionado el modelo con las covariables significativas de los dos componentes, con el fin de intentar mejorarlo, se realizó una

comparación utilizando las diferentes funciones de interacción espacial que teníamos disponibles. El modelo STUDENT, aunque con no mucha diferencia, fue el que mejor resultó, por tanto, éste es el que se utilizó para construir el modelo final. En la siguiente Tabla 5 se pueden observar los coeficientes del modelo y la significación de cada una de las covariables con la función de interacción espacial STUDENT.

Tabla 5. Coeficientes del modelo endémico y epidémico con la función de interacción espacial STUDENT.

COEFICIENTES DEL COMPONENTE ENDÉMICO:				
	ESTIMATE	STD. ERROR	Z VALUE	PR(> Z )
H.(INTERCEPT)	-1.059e+01	2.404e-01	-44.070	< 2e-16 ***
H.I(START)	-7.499e-02	2.097e-02	-3.576	0.000349 ***
H.WATER	3.710e-03	1.529e-03	2.427	0.015237 *
H.REFOR	-2.281e-03	4.468e-04	-5.106	3.29e-07 ***
H.SLOPE	-6.402e-02	2.637e-02	-2.428	0.015180 *
COEFICIENTES DEL COMPONENTE EPIDÉMICO:				
	ESTIMATE	STD. ERROR	Z VALUE	PR(> Z )
E.(INTERCEPT)	6.590	4.015	1.641	0.10073
E.SANOS	-0.045	0.026	-1.713	0.08669.
E. SLOPE	0.026	0.025	1.065	0.28709
E.PP_OTOÑ	0.002	0.001	3.022	0.00251 **
E.TM_INV	-0.515	0.086	-5.931	3.01e-09 ***
E.PP_INV	0.002	0.001	6.400	1.55e-10 ***
E.SIAF.1	3.934	0.279	NA	NA
E.SIAF.2	0.585	0.219	NA	NA

Signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

AIC: 24790

Log-likelihood: -12382

La Tabla 6, muestra la influencia de las covariables incluidas en el modelo para los efectos endémicos y epidémicos sobre las tasas de incidencia (RR, “Rate Ratio” o razón de tasas de incidencia), que indican el peso y signo de la variación de la intensidad condicional con la variación

de la covariable. Valores inferiores a uno indican disminución de la intensidad de infección al aumentar el valor de la covariable y viceversa. La diferencia respecto al valor uno (independencia) indica la tasa de variación. Sobre las variables utilizadas, se puede ver cómo funciona cada una de las variables con respecto al proceso infectivo, tanto del componente endémico como del componente epidémico.

Tabla 6. Relación de razones de tasas de incidencia (RR), intervalos de confianza de Wald (95% CI) asociados al componente endémico (H) y epidémico (E).

COVARIABLES	RR	95%CI	P VALUE
H.START	0.928	0.89-0.97	0.0003
H.WATER	1.004	1.00-1.01	0.015
H.REFOR	0.998	1.00-1.00	0.0001
H.SLOPE	0.938	0.89-0.99	0.015
E.SANOS	0.956	0.91-1.01	0.087
E.SLOPE	1.027	0.98-1.08	0.29
E.PP_OTOÑO	1.003	1.00-1.00	0.0025
E.TM_INVIERNO	0.597	0.50-0.71	0.0001
E.PP_INVIERNO	1.002	1.00-1.00	0.0001

La Figura 5 muestra esencialmente cómo se altera la intensidad de la enfermedad con el tiempo, y cómo varía la proporción de la parte endémica con respecto al total. Se aprecia como el peso del componente endémico exhibe una tendencia a disminuir rápidamente con respecto al total con el paso de los años.

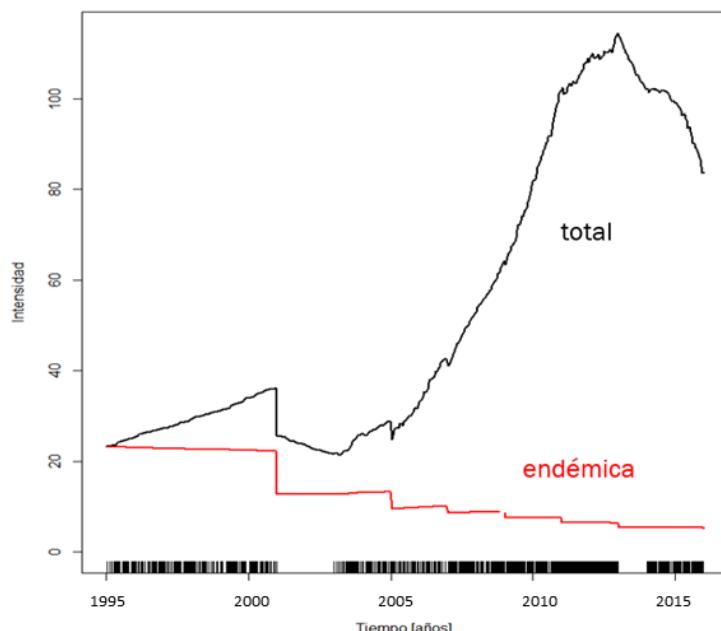


Figura 5. Variación de la intensidad con el tiempo. En rojo, la proporción de la parte endémica con respecto al total.

### Diagnóstico del modelo

#### a) Diagnóstico Espacial

Las siguientes Figuras 6 y 7, ilustran la distribución espacial de la proporción endémica y epidémica respectivamente en la finca de estudio, así como los árboles afectados acumulados a lo largo del tiempo. La expansión de la enfermedad no es uniforme. la intensidad del componente endémico muestra qué parte de la intensidad podría explicarse por importaciones de focos. La proporción epidémica (Figura 7), como es esperable, predomina en el interior de la finca y en las zonas donde se ha observado la aparición de nuevos casos en los sucesivos años de estudio ya que éste muestra que gran parte de la intensidad podría explicarse por contagio local.

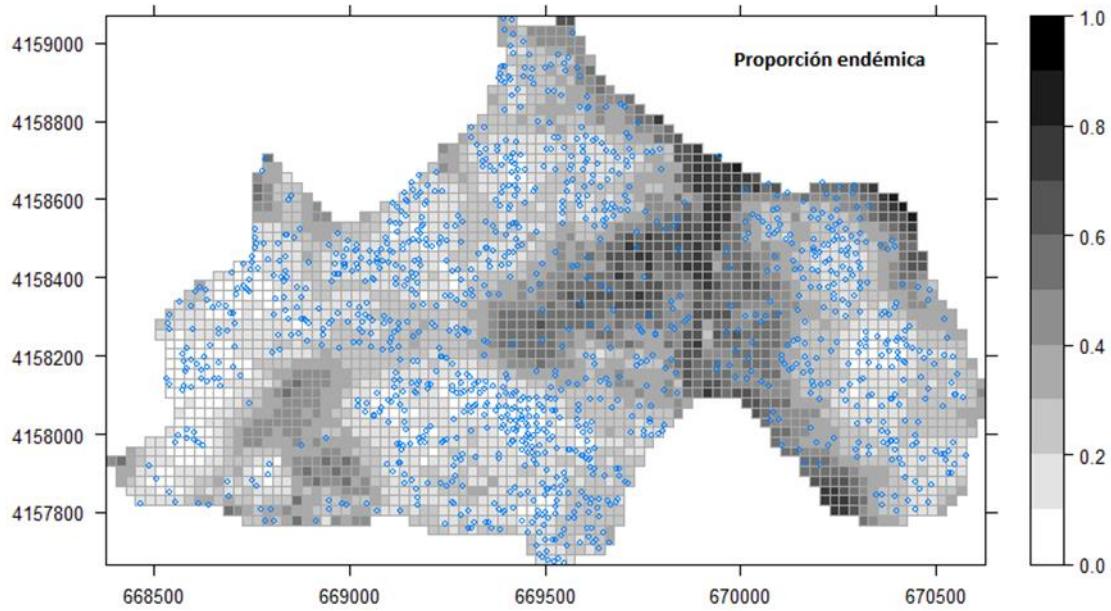


Figura 6. Proporción endémica de la intensidad ajustada acumulada. Los puntos azules son los árboles afectados observados.

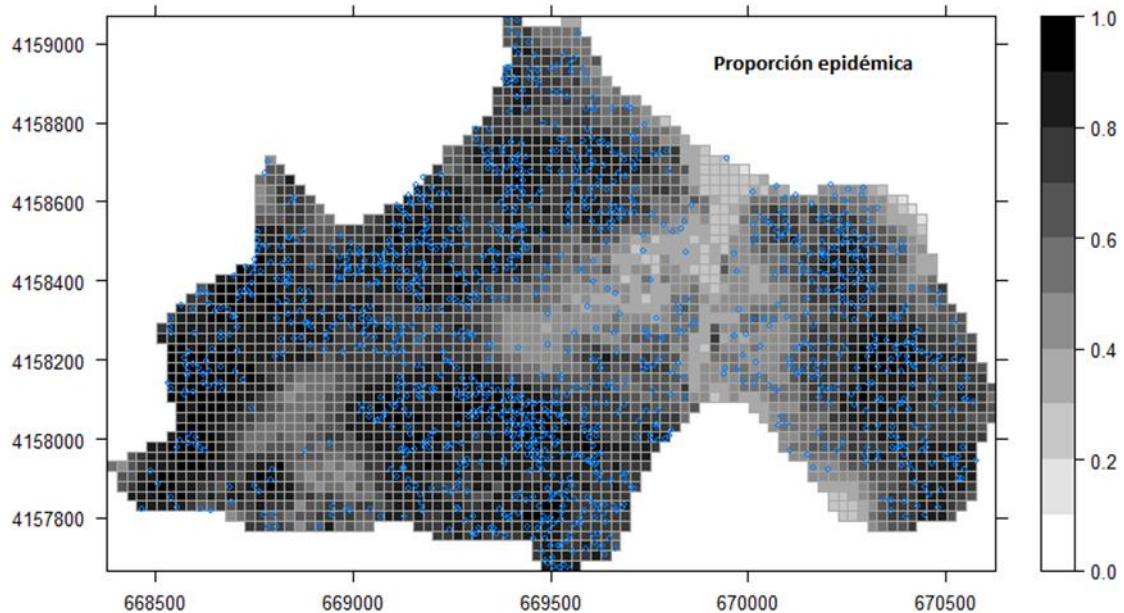


Figura 7. Proporción epidémica de la intensidad ajustada acumulada. Los puntos azules son los árboles afectados observados.

#### b) Diagnóstico temporal

En la siguiente Figura 8, se pueden ver las gráficas de la bondad de ajuste temporal, obtenidas mediante la función “checkResidualProcess”. Éste muestra la función acumulativa empírica de los

residuos transformados (OGATA, 1988), así como la función de distribución acumulada (CDF) de la distribución esperada.

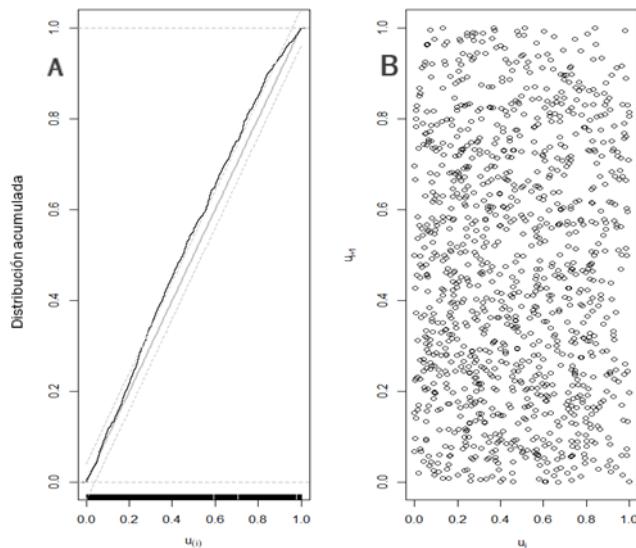


Figura 8. Bondad del ajuste temporal del modelo. A) Función de distribución acumulativa empírica de los residuos transformados. B) Diagrama de dispersión.

## 5. Discusión

La prospección de la enfermedad mediante la identificación visual de árboles afectados por medio de ortofotos, permitió la diferenciación e identificación adecuada tanto de árboles enfermos como sanos. Otros autores han realizado prospecciones de árboles enfermos a través de teledetección la identificación de árboles (KELLY et al., 2002; LIU et al., 2007; YINGHAI et al. 2012), sin embargo, en nuestra finca de estudio, al ser relativamente pequeña (200 ha aproximadamente) y estar los árboles aislados, la precisión debía ser alta, sin mucho margen de error por lo que nos resultó más cómodo y preciso realizarlo de manera visual que por medio de teledetección.

La Figura 4 muestra como la epidemia estaba en desarrollo desde 2001 con el aumento de los árboles afectados acumulados hasta 2016. Algunos autores indican que es probable que la presencia de *P. cinnamomi* esté asociada a variables o factores espaciales (KELLY et al., 2002; WILSON et al., 2003; CARDILLO et al., 2012; de SAMPAIO et al., 2013; ABELLANAS et al. 2017; PETERSON et al., 2014), al igual que otros hablan de las fluctuaciones meteorológicas en las que períodos cálidos durante temporadas de lluvias da como resultado suelos cálidos y húmedos que favorecen la infección por *Phytophthora* ( BRASIER, 1996 ; CARDILLO et al., 2020, DESPREZ-LOUSTAU et al., 2006, FERNÁNDEZ et al 2019).

Las covariables relevantes del **componente endémico** proporcionan información sobre cuál puede ser la fuente de inóculo para el mecanismo de propagación de la enfermedad. En este caso las covariables que mostraron ser significativas en el componente endémico fueron:

-REFOR (distancia a repoblaciones): es muy probable que las reforestaciones fueran uno de los principales vectores de *P. cinnamomi* en la zona de estudio, al estar situados los primeros

árboles enfermos identificados, en las inmediaciones o en zonas próximas a las repoblaciones (Figura 9). La infección de viveros con *Phytophthora* sp ha sido estudiada en algunas investigaciones (BRASIER *et al.*, 2003; MORALEJO *et al.*, 2009; PÉREZ *et al.*, 2013; SÁNCHEZ *et al.*, 2004, JUNG *et al.*, 2016). Este periodo de reforestaciones coincide con el crecimiento exponencial de *P. cinnamomi* en esta zona (ABELLANAS *et al.*, 2017). Esta relación, coincide con resultados de otros autores en la misma zona de estudio (FERNÁNDEZ *et al.*, 2018).

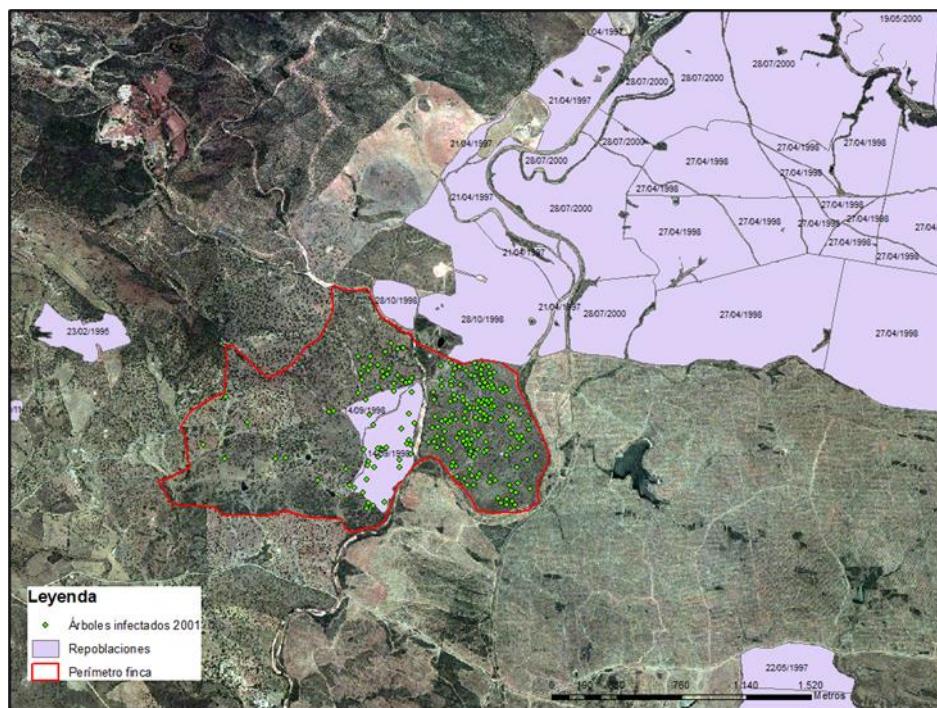


Figura 9. Repoblaciones y árboles infectados en el año 2001.

-SLOPE (pendiente): estudios han mostrado que se produce más acumulación de oomicetos en zonas de escasa pendiente, con buena capacidad de retención de agua en el suelo, o que hayan sufrido encharcamiento donde las infecciones se ven favorecidas. El flujo de agua en pendientes pronunciadas, puede desplazar pendiente abajo llevando las esporas de *P. cinnamomi* (DUQUE et al., 2018). Como indica el valor de RR para esta variable (RR 0.938, Tabla 14) a menor pendiente, la incidencia es mayor, lo que está en consonancia con la idea de que las zonas de menor pendiente tienden a acumular más propágulo siendo zonas sumidero. Al estar asociada a la parte endémica, es posible que el patógeno haya entrado con agua de escorrentía arrastrado pendiente abajo desde fincas limítrofes situadas al norte en las que se han realizado repoblaciones. Estos resultados son acordes con otros trabajos en los que también encontraron relación negativa entre la pendiente y la aparición de nuevos focos de *P. cinnamomi* (FERNÁNDEZ et al. 2018; DUQUE et al., 2018).

-WATER (distancia a cursos de agua): se ha comportado de forma contraria a lo esperado. Esto podría deberse a que la infección parece tener inicio en la parte Este de la finca, donde la influencia de otras covariables con mayor significación en el modelo, como pueden ser las

reforestaciones, han podido dominar el proceso de generación de focos. Una vez introducida la infección en la finca, el componente epidémico adquiriría un mayor peso y la propagación continuaría por contagio local. La presencia de cursos de agua en la parte occidental de la finca, donde el peso mayor ha sido de la componente epidémica, podría justificar este resultado.

En cuanto a covariables significativas en el **componente epidémico** del modelo, que explicarían la expansión de la enfermedad por contagio local, se encuentran:

-PP\_INV y PP\_OTOÑ (Precipitaciones de invierno y otoño): aparentemente las infecciones se han visto favorecidas por las precipitaciones de otoño e invierno, si bien las razones de tasas de incidencia (RR) de ambas covariables son muy próximas a 1, lo que indicaría un bajo peso de estas covariables en la transmisión de la enfermedad. El movimiento del agua en el suelo y, por tanto, los propágulos de la enfermedad, sería mayor en otoños e inviernos lluviosos, favoreciéndose por esta vía la diseminación de la enfermedad. Otros autores mencionan que factores abióticos como la alternancia de periodos secos y lluviosos juegan un papel importante en la diseminación de la enfermedad y en la severidad de los síntomas (SÁNCHEZ *et al.*, 2002, 2003a; 2010; CARRASCO *et al.*, 2009; SERRANO *et al.*, 2012a; CAETANO *et al.*, 2009; CORCOBADO *et al.*, 2014).

-TM\_invierno (Temperatura media de invierno): no se encontró justificación para la covariable. Cabe destacar que para el estudio del efecto de las variables meteorológicas sería necesario ampliar la escala temporal de estudio. Periodos cortos de estudio pueden dar lugar a relaciones que no respondan a una interacción causa-efecto. Trabajos futuros que ahonden en el efecto de las variables meteorológicas ampliando el rango temporal, o ampliando el número de casos a estudiar en zonas con distinta meteorología podrían ayudar a clarificar el efecto de esas variables en la propagación de la enfermedad a nivel de finca y de cuenca.

De los dos componentes (endémico y epidémico), la proporción epidémica tiene una mayor presencia en el área de estudio. Esto explica que tiene prevalencia la propagación de la enfermedad por contagio local a corto alcance, pero que la proporción endémica, la fuente inicial de inóculo desempeña un papel clave en el mecanismo de infección inicial en esta finca en concreto. El modelo, en lo que se refiere a la dinámica *temporal* del mismo, sería mejorable y futuras líneas de investigación podrían centrarse en mejorar el modelo desde el punto de vista temporal.

Estos resultados son importantes de cara al control de la enfermedad a nivel de finca, ya que aportan información para la toma de decisiones y así desarrollar y gestionar de manera eficaz y eficiente los protocolos de actuación. A nivel de finca, es necesario en un primer momento evitar la entrada de casos importados, atendiendo a las covariables que han demostrado tener influencia (REFOR y SLOPE). La importancia de la gestión, tanto de la propia finca, como de los terrenos colindantes, a través del manejo de material forestal de reproducción debidamente controlado sanitariamente, se presenta como principal factor a considerar en la prevención de esta enfermedad en la zona. En caso de que el patógeno ya se encuentre en la finca, sería recomendable aislar los focos activos para evitar el contagio local a corta distancia ya que es el precursor de la propagación al resto de la finca.

## 5. Conclusiones

El análisis espacial ha mostrado que la podredumbre radical de la encina causada por *P. cinnamomi* para la finca de estudio, está relacionada negativamente con la distancia a las repoblaciones y con la pendiente del terreno de la finca en el componente endémico. Las repoblaciones del programa de Reforestación de Tierras Agrarias 1992, probablemente fueron uno de los principales vectores de propagación inicial de *P. cinnamomi*.

El análisis temporal ha permitido identificar la existencia de relación positiva en la finca entre las precipitaciones de otoño y de invierno y la evolución de la intensidad de la enfermedad de *P. cinnamomi* en la finca como parte del proceso epidémico, si bien la escasa variación de las tasas de incidencia (RR) ligadas a dichas covariables no permiten ser muy contundentes en esta afirmación, habiéndose obtenido en este estudio una modelización temporal de la enfermedad menos robusta que la modelización espacial.

La proporción endémica de la infección, fuente inicial de inóculo, desempeña un papel clave en el mecanismo de infección inicial, perdiendo rápidamente importancia a lo largo del tiempo, en favor de la componente epidémica, que tiene mayor relevancia en nuestra finca a lo largo del tiempo, siendo responsable del daño grave producido en la finca por contagio local de los árboles afectados.

El conocimiento de la propagación espacial de *P. cinnamomi*, ayuda a definir y aplicar medidas de control eficientes. Para evitar la entrada de la enfermedad en la finca, es especialmente importante controlar las posibles repoblaciones asegurando la utilización de material libre del patógeno o recurriendo a siembras. En caso de que la enfermedad ya se encuentre establecida en la finca, sería recomendable aislar los focos activos para evitar el contagio local a corta distancia ya que es el precursor de la propagación al resto de la finca.

Posibles vías para futuras investigaciones podrían explorar la modelización temporal del proceso, aumentando el periodo de estudio y mejorar el modelo desde el punto de vista temporal ya que los resultados espaciales son realmente buenos para obtener tendencias sólidas.

## 6. Agradecimientos

Este estudio fue realizado en el marco del proyecto MINECO-INIA, RTA2014-00063-C04-03, financiado por el Ministerio Español de Economía y Competitividad. Los autores agradecen a Sebastian Meyer el desarrollo y explicación del paquete de R *Surveillance* (MEYER, 2017).

## 7. Bibliografía

ABELLANAS, B.; FERNÁNDEZ, P.; HIDALGO M.T.; LEAL J.R.; CARBONERO M.D.; GONZALEZ, M. 2017. Análisis espacial de la evolución del decaimiento de Quercus: relación con las estructuras lineales del paisaje. *Actas 7º Congreso Forestal Español: 1-14.* Plasencia, Spain.

AKAIKE, A.; 1974. A new look at the statistical model identification. *IEEE Transactions on Automatic Control*, vol. 19: 716-723.

BRASIER, C.; JUNG, T; 2003. Progress in understanding Phytophthora diseases of trees in Europe. En: *Phytophthora in forests and natural ecosystems*. Proc. 2nd Int. IUFRO Working Party 7.02.09 Meeting, Albany, Western Australia, 2001. Ed. McComb, J. A.; Hardy, G., Tommerup, I. Murdoch University Print, pp. 4-18.

BRASIER, C.M.; 1992. Oak tree mortality in Iberia. *Nature*, 360-539.

BRASIER, C.M.; 1996. *Phytophthora cinnamomi* and oak decline in southern Europe. Environmental constraints including climate change. *Ann. Forest Sci.*, 53: 347-358.

CAETANO, P.; ÁVILA, A.; SÁNCHEZ, M.E.; TRAPERO, A.; COELHO, A.; 2009. Phytophthora cinnamomi populations on *Quercus* forests from Spain and Portugal. En: *Phytophthoras in Forests and Natural Ecosystems*. USDA-Forest Service. General Technical Report PSW-GTR-221, pp. 261- 269.

CAHILL, D.; ROOKES, J.; WILSON, B.; GIBSON, L.; MCDOUGALL, K.L.; 2008. *Phytophthora cinnamomi* y la biodiversidad de Australia: impactos, predicciones y progreso hacia el control. *Aust J. Bot.* 56: 279 - 310 .

CARDILLO, E.; ABAD, E.; MEYER, S.; 2020. Spatio-temporal analysis at landscape scale of the Iberian oak decline epidemic caused by *Phytophthora cinnamomi*. *BioRxiv*. The preprint server for biology.

CARDILLO, E.; ACEDO, A.; PEREZ, C.; 2012. Spatial patterns of Holm oak decline in Extremadura, Spain. In: 6th IUFRO Working Party 7.02.09 “*Phytophthora in Forests and Natural Ecosystems*”. 9-12 September, (Cordoba, Spain).

CARRASCO, A.; FERNÁNDEZ, A.; TRAPERO, A.; LÓPEZ G.; SÁNCHEZ, I.; RUIZ, J.M.; JIMÉNEZ J.J.; DOMÍNGUEZ, L.; ROMERO, M.A.; CARBONERO, M.D.; SÁNCHEZ, M.E.; CAETANO, P.; GIL, P.; FERNÁNDEZ, P.; NAVARRO, R.M.; SÁNCHEZ, R.; RAPOSO, R.; RODRÍGUEZ, S.; 2009. Procesos de Decaimiento Forestal (La Seca). Situación del conocimiento. Consejería de Medio Ambiente. Junta de Andalucía, Sevilla. 112 pp.

CORCOBADO, T., CUBERA, E.; JUÁREZ E.; MORENO G., SOLLA, A.; 2014. Drought events determine performance of *Quercus ilex* seedlings and increase their susceptibility to *Phytophthora cinnamomi*. *Agr Forest Meteorol.* 192-193:1-8

DE SAMPAIO, C.; DA CLARA, M.; DE ALMEIDA, N.; 2013. Decline of Mediterranean oak trees and its association with *Phytophthora cinnamomi*: a review. *Eur. J. Forest Res.* 132: 411-432.

DESPREZ-LOUSTAU, M.; MARCAIS, B.; NAGELEISEN, L.; 2006. Interactive effects of drought and pathogens in forest trees. *Ann Forest Sci*, 63: 597-612.

DUQUE, J.; NAVARRO, R.M.; VAN, H.; GROEN, T.; 2018. Forecasting oak decline caused by *Phytophthora cinnamomi* in Andalusia: Identification of priority areas for intervention. *Forest Ecol Manag*, 417: 122–136.

FERNÁNDEZ, J.; 2018. Dinámicas espacio-temporales de la propagación de *Phytophthora cinnamomi* en dehesas del suroeste de la península Ibérica. Trabajo fin de Máster. Universidad de Córdoba- Cranfield University.

FERNÁNDEZ, J.; FERNÁNDEZ, P.; RIVAS, M.; GARCÍA, A.M.; ABELLANAS, B.; 2019. Spatio-temporal analysis of oak decline process in open woodlands: A case study in SW Spain. *J Environ Manage* 248: 109308.

HARDHAM, A.; BLACKMAN, L.; 2018. *Phytophthora cinnamomi*. *Mol Plant Pathol*, 19(2): 260–285.

HELD, L.; HÖHLE, M.; HOFMANN, M.; 2005. A Statistical Framework for the Analysis of Multivariate Infectious Disease Surveillance Counts. *Stat Model*, 5(3): 187–199.

HOLDENRIEDER, O.; PAUTASSO, M.; WEISBERG, PJ.; 2004. Enfermedades de los árboles y procesos del paisaje: el desafío de la patología del paisaje. *Tendencias en Ecología y Evolución*, 19 (8): 446 - 452 .

JUNG, T.; COLQUHOUN, I.; HARDY, G.; 2013. New insights into the survival strategy of the invasive soilborne pathogen *Phytophthora cinnamomi* in different natural ecosystems in Western Australia. *Forest Pathol*. 43 , 266 - 288 .

JUNG, T.; ORLIKOWSKI, L.; HENRICOT, B.; ABAD, P.; AGUÍN, O.; PÉREZ, A.; 2016. Widespread *Phytophthora* infestations in European nurseries put forest, semi-natural and horticultural ecosystems at high risk of *Phytophthora* diseases. *Forest Pathol*, 46(2): 134–163.

KELLY, M.; MEENTEMEYER, R.K.; 2002. Landscape dynamics of the spread of sudden oak death. *Photogramm. Eng. Remote Sens.* 68, 1001–1009.

MADDEN, L.; 2006. Botanical epidemiology: some key advances and its continuing role in disease management. *Eur J Plant Pathol*, 115(1): 3–23.

MEENTEMEYER, R.; HAAS, S.; VÁCLAVÍK, T.; 2012. Epidemiología del paisaje de enfermedades infecciosas emergentes en ecosistemas naturales y alterados por el ser humano. *Fitopatología* , 50: 379 – 402.

MEYER, S.; ELIAS, J.; HÖHLE, M.; 2012. A space-time conditional intensity model for invasive meningococcal disease occurrence. *Biometrics*, 68(2), 607–616

MEYER, S.; HELD L.; HÖHLE, M.; 2017. Spatio-temporal analysis of epidemic phenomena using the R package surveillance. *J Stat Softw*, 77 (11):1 - 55.

MORALEJO, E.; PÉREZ, A.; ÁLVAREZ, L.; BELBAHRI, L.; LEFORT, F.; DESCALS, E.; 2009. Multiple alien Phytophthora taxa discovered on diseased ornamental plants in Spain. *Plant Pathol*, 58(1): 100–110.

OGATA, Y.; 1988. Statistical models for earthquake occurrences and residual analysis for point processes. *J American Stat Assoc*, 83.

OSTFELD, R.; GLASS, G.E.; KEEsing, F.; 2005. Spatial epidemiology: an emerging (or reemerging) discipline. *Trends Ecol Evol*, 20(6): 328–336.

PÉREZ, A.; LÓPEZ, C.; LEÓN, M.; GARCÍA, J.; ABAD, P.; JUNG, T.; 2013. Previously unrecorded low temperature Phytophthora species associated with Quercus decline in a Mediterranean forest in eastern Spain. *Forest Pathol*, 43(4): 331–339.

PETERSON, E.; HANSEN, E.; HULBERT, J.; 2014. Source or sink? The role of soil and water borne inoculum in the dispersal of *Phytophthora ramorum* in Oregon tanoak forests. *Forest Ecol. Manag.* 322: 48–57.

RISTAINO, J.; GUMPERTZ, M.; 2000. New frontiers in the study of dispersal and spatial analysis of epidemics caused by species in the genus *Phytophthora*. *Annu Rev Phytopathol*, 38:541-576

SÁNCHEZ, M.; CAETANO, P.; ROMERO, M.; NAVARRO, R.; TRAPERO, A.; 2006. *Phytophthora* root rot as the main factor of oak decline in southern Spain. In: Progress in Research on *Phytophthora* Diseases of Forest Trees. pp. 149-154. Brasier, C.; Jung, T.; Oswald, W. (Eds). Forest Research, Farnham, UK.

SÁNCHEZ, M.; SÁNCHEZ, J.; NAVARRO, R.; FERNÁNDEZ, P.; TRAPERO, A.; 2003. Incidencia de la podredumbre radical causada por *Phytophthora cinnamomi* en masas de *Quercus* en Andalucía. *Boletín de Sanidad Vegetal, Plagas*, 29, 87–108.

SÁNCHEZ, M.E.; CAETANO, P.; FERRAZ, J.; TRAPERO, A.; 2002. *Phytophthora* disease of *Quercus ilex* in south-western Spain. *Forest Pathol*, 32, 5-8.

SÁNCHEZ, M.E.; FERNÁNDEZ, P.; TRAPERO, A.; 2010. Podredumbre radical de la encina y el alcornoque. En: Enfermedades de las plantas causadas por hongos y oomicetos. Naturaleza y control integrado. Jiménez Díaz R. y Montesinos Seguí E. (Eds.). Ed. Phytoma España-SEF. Valencia. pp. 135-148.

SERRANO, M.; DE VITA, P.; FERNÁNDEZ, P.; COELHO, A.; BELBAH, L.; SÁNCHEZ, M.; 2012. *Phytophthora cinnamomi* and *Pythium spiculum* as main agents of *Quercus* decline in southern Spain and Portugal. *IOBC/wprs Bulletin*, 76: 97-100.

SUN, G.; 2012. Pattern formation of an epidemic model with diffusion. *Nonlinear Dyn*.69(3):1097-1104.

WILSON, B.; LEWIS, A.; ABERTON, J.; 2003. Spatial model for predicting the presence of cinnamon fungus (*Phytophthora cinnamomi*) in sclerophyll vegetation communities in Southeastern Australia. *Austral Ecol.* 28, 108–115.

ZENTMYER, G.; 1980. *Phytophthora cinnamomi* and the diseases it causes. Amer *Phytopathological Society* , 10. 96pp.