

Frondosa boreal

# Haya Americana

*Fagus grandifolia*

**Familia:** *Fagaceae*

**Nombre científico:** *Fagus grandifolia* Ehrh.

**Nombre comercial:** Haya americana, American beech.

**Distribución geográfica:** Zona Continental de Estados Unidos y Este de Canadá.

**Lista de especies CITES:** No incluida.

**Aplicaciones:** Mobiliario. Carpintería interior: suelos de madera. Chapa para recubrimientos decorativos. Cajas para guardar alimentos. Tornería. Cucharas, tenedores. Partes de vehículos. Brochas y pinceles.

## Descripción de la madera

**Densidad:** 640 Kg/m<sup>3</sup>.

**Color:** Duramen y albura poco diferenciados. Albura de color blancuzco y duramen de color blancuzco rojizo o marrón rojizo.

**Anillos de crecimiento:** Diferenciados. La zona de madera temprana es mucho más ancha y de color más claro que la de madera tardía.

**Vasos:** Abundantes, de pequeño diámetro, generalmente reunidos en grupos de dos o tres unidades en la madera temprana y solitarios en la madera tardía. Madera en anillo difuso.

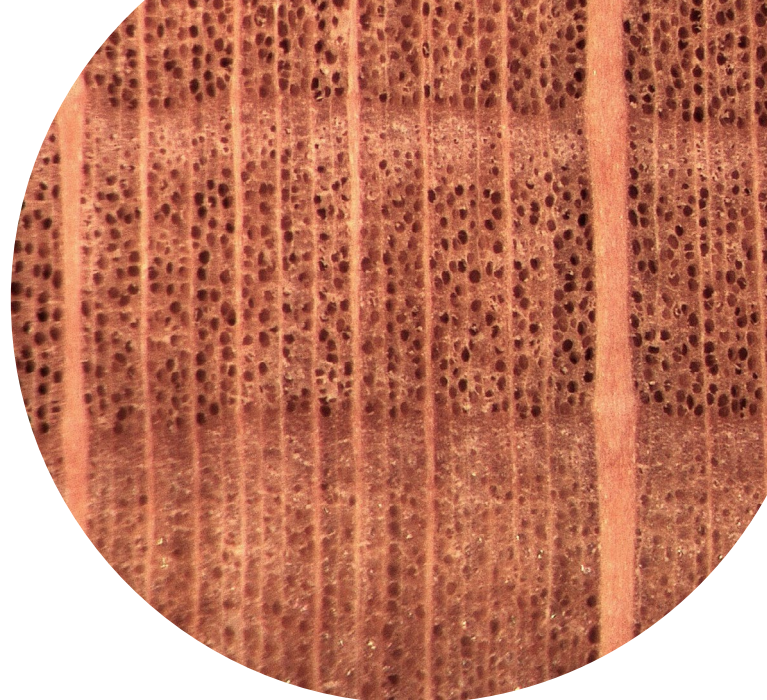
**Parénquima:** Abundante, apotraqueal, distribuido en todo el anillo. También se distribuye en bandas o pequeños agregados dispersos. No visible.

**Radios:** fácilmente observables en la sección transversal dos tipos de radios, de anchura diferente, ofreciendo en la sección radial espejuelos característicos.

## Técnicas de identificación

**Anatómica:** Posible a nivel de género *Fagus* spp.

ISBN: 978-84-18508-76-9 / NIPO: 665-22-012-2



*Fagus grandifolia* (INIA982)

**Pruebas físicas y químicas:** información no disponible.

**Genética:** A diferencia de lo que ocurre con el haya europea, y a pesar de tener un tamaño de genoma no muy grande (610 megapares de bases) no hay mucha información genética sobre esta especie. Su genoma no ha sido secuenciado, aunque en las bases de datos del NCBI GeneBank (Clark y col 2016) se puede encontrar cerca de 1 Gigabase de secuencias procedentes de secuenciación masiva de transcritomas. Tampoco hay muchos marcadores moleculares disponibles, tan sólo algunos microsatélites, procedentes en general de transferencias tecnológicas de especies cercanas como *Fagus sylvatica* o *Fagus crenata* que se han empleado en análisis de diversidad intraespecífica y parentesco (Koch y col. 2010). La reciente disponibilidad de la secuencia del genoma de cloroplasto de *F. sylvatica* (Mader y col 2020) ha permitido desarrollar cuatro marcadores CAPS que permiten verificar la pertenencia de una muestra al género *Fagus*, pero no diferenciar entre sus especies.

**Espectrométrica:** No hay constancia de la existencia de modelos que permitan la identificación por esta técnica.

