



A review on phylogeny of Damask Rose (*Rosa × damascena*)

Mehrnoush Panahi<sup>1</sup> \*

<sup>1</sup> Botany research division, Research Institute of Forests and Rangelands, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tehran, Iran, Email: panahi.mehnush@gmail.com

**Article type:**

Review article

**Abstract**

Damask rose (*Rosa × damascena*) is one of the most significant species of Rosaceae family scattered in mountain regions of Iran from west lands to central and eastern hills of the country. *R. × damascena* has considerable applications in pharmaceuticals and perfumeries and has been the subject of vast research. Extensive studies on genotypes of *R. × damascena* in Iran have shown considerable diversity in this species, and this could represent Iran as a potential hub for genetic diversification and improvement of its cultivars. The species seems to be the most important direct ancestor of North West cultivars in Europe in sect. *Rosa*, genus *Rosa* which is thought to be a hybrid with three parents of wild *Rosa* species, and *R. moschata* species is its Asian female parent. Based on the evidence from fossils of the genus *Rosa*, it has been suggested that Asia is the ancestral area for *Rosa* genus, and the *Synstylae* lineage in Europe is probably the oldest group that has expanded from Asia about 30 million years ago. The phylogeny of this difficult genus shows presentation of an evolutionary framework requires more in-depth studies.

**Article history**

Received:16-03-2023

Revised: 29-04-2023

Accepted:30-04-2023

**Keywords**

Damask rose

Hybrid

Iran

Phylogeny

*Rosa*

**Cite this article as:** Mehrnoush P. (2023). A review on phylogeny of Damask Rose (*Rosa × damascena*). *Eco-phytochemical Journal of Medicinal Plants*, 11(1): 100-108.



©The author(s)

Doi: 10.30495/ejmp.2023.1982473.1724

Dor: 20.1001.1.23223235.1402.11.1.7.8

Publisher: Islamic Azad University, Gorgan branch



# اکوفیتوشیمی گیاهان دارویی

شاپا چاپی: ۲۳۲۳-۲۳۲۲  
شاپا الکترونیکی: ۴۶۹۷-۲۷۸۳



دانشگاه آزاد اسلامی  
واحد گرگان

## نگاهی به تاریخچه و فیلوژنی گونه گل محمدی (*Rosa × damascena*)

مهرنوش پناهی<sup>۱</sup> \*ID

۱ بخش تحقیقات گیاهشناسی، موسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران،

رایانامه: [panahi.mehnush@gmail.com](mailto:panahi.mehnush@gmail.com)

نوع مقاله:	چکیده
مقاله مروری	گونه گل محمدی ( <i>Rosa × damascena</i> ) از مهمترین گونه‌های تیره گل سرخیان ( <i>Rosaceae</i> ) در ایران است که در گستره کوهستانی ایران از پهنه‌های غربی کشور تا کوهپایه‌های مرکزی و شرقی تکثیر می‌یابد. این گونه به لحاظ کاربرد در صنایع دارویی و عطرسازی حائز اهمیت است. براساس مطالعات گسترده‌ای که بر روی ژنوتیپ‌های این گونه در ایران صورت گرفته تنوع قابل ملاحظه‌ای مشاهده شده است و ایران به عنوان مرکزی دارای پتانسیل در ایجاد تنوع ژنتیکی و اصلاح ارقام این گونه می‌تواند در نظر گرفته شود. به نظر می‌رسد این گونه می‌تواند مهمترین جد مستقیم وارسته های شمال غرب اروپایی بخشه <i>Rosa</i> در جنس <i>Rosa</i> بوده باشد که به صورت دورگی از سه گونه رز وحشی بوجود آمده و گونه <i>R. moschata</i> گونه والد مادری آسیایی آن است. طبق شواهد فسیل بدست آمده آسیا به عنوان ناحیه اجدادی برای جنس <i>Rosa</i> پیشنهاد می‌شود و بخش <i>Synstylae</i> از این جنس به عنوان قدیمی‌ترین گروه در حدود ۳۰ میلیون سال پیش به سمت اروپا گسترش یافته است. فیلوژنی این جنس مشکل، نشان می‌دهد که ارایه تحلیلی در چارچوب تکاملی نیازمند مطالعات بیشتر است.
<b>واژه‌های کلیدی:</b> ایران دورگ رز فیلوژنی گل محمدی	

استناد: پناهی، مهرنوش. (۱۴۰۲). نگاهی به تاریخچه و فیلوژنی گونه گل محمدی (*Rosa × damascena*). فصلنامه اکوفیتوشیمی گیاهان دارویی، ۱۱ (۱)، ۱۰۸-۱۰۰.

Doi: 10.30495/ejmp.2023.1982473.1724  
Dor: 20.1001.1.23223235.1402.11.1.7.8

ناشر: دانشگاه آزاد اسلامی، واحد گرگان  
© نویسنده‌گان.



## مقدمه

ویسمن (Wisseman, 2003) جنس رز (*Rosa*) را از نظر تاکسونومیکی، به چهار زیرجنس (*Hulthemia*, *Rosa*, *Hesperhodos*, *Platyrhodon*) تقسیم نمود و زیرجنس اصلی *Rosa* با بیشترین تعداد گونه را به ۱۰ بخشه تقسیم نمود (Takeuchi et al., 2000). جنس رز یا نسترن (*Rosa*) در ایران ۱۴ گونه دارد که بعضی در کوهپایه‌های بلند و بخشی دیگر ویژه دشتهای و ناهمواری‌های استپی است (Khatamsaz, 1992). برخی به صورت زیتی کاشته می‌شوند و عده‌ای نیز به عنوان پایه پیوندهای گوناگون گل‌سرخ توسط انسان مورد استفاده قرار می‌گیرند. طبق فلور ایران گونه‌های جنس *Rosa* در دو زیرجنس *Hulthemia* (Dumort.) Focke و *Pimpinellifoliae*, *Cinnamoneae*, (Khatamsaz, 1992). گونه گل محمدی (*Rosa × damascena*) (Mill. از مهمترین گونه‌های تیره گل سرخیان در ایران است که در گستره کوهستانی ایران به ویژه پهنه‌های غربی کشور، دامنه‌های جنوبی البرز، دامنه‌های زاگرس، کوهپایه‌های مرکزی و بخش بزرگی از استان‌های خراسان، فارس، اصفهان، چهارمحال و بختیاری، سمنان، گلستان، یزد، کرمان و همچنین پهنه‌های میانی ایران از شرایط خوبی برای کاشت و تکثیر برخوردار است (Sabeti, 2002). این گونه به لحاظ کاربرد در صنایع دارویی و عطرسازی حائز اهمیت است (Nikbakht and Kafi, 2010). محصولات گل محمدی به صورت گلاب (آب گل)، اسانس خالص و روغن می‌باشد که مصارف متعدد خوراکی، آرایشی (عطرسازی) و درمانی در طب سنتی داشته و همواره ترکیبات جدید (شناسایی حدود ۴۰۰ ترکیب در اسانس گونه گل محمدی بر حسب اکوتیپ‌ها و واریته‌های آن) با خواص جدید در آن شناسایی می‌شود (Ritz et al., 2005, Toluei et al., 2015).

جنس رز (*Rosa* L.) با بیش از ۲۰۰ گونه به استثنای یک گونه گرمسیری آفریقایی، عمدتاً در زیستگاه‌های معتدل و نیمه گرمسیری نیمکره شمالی پراکنده شده است که اکثر آنها از نظر اقتصادی مورد توجه می‌باشند. شناسایی گونه‌های آن به خاطر شباهت‌های ریخت‌شناسی زیاد و فرایند گسترده تشکیل دورگ و واریته‌هایی که در طی بیش از ۲۰۰۰ سال تشکیل شده‌اند، غالباً با مشکل مواجه می‌شود. همچنین آرایه بندی این جنس با دادن نام‌های جدید به واریته‌ها و ارقام مختلف، پیچیده‌تر هم شده است. طبق گزارشها، بالغ بر ۲۰ گونه از جنس رز برای پرورش واریته‌های جدید رز مورد استفاده قرار گرفته است (Guoliang, 2003, Martin et al., 2001). این دورگ‌گیری درون‌گونه‌ای و بین‌گونه‌ای و انتخاب‌های مصنوعی نه تنها ارقام فراوانی تولید کرده بلکه منجر به ترکیب ژنتیکی پیچیده در رزها شده است، لذا این افزایش تعداد واریته‌ها و کاهش اختلافات ریخت‌شناسی و ژنتیکی، مدیریت و تمایز واریته‌های رز بر پایه اختلافات فنوتیپی را مشکل می‌نماید. ویسمن (Wisseman, 2003) معتقد است سیستم زادآوری باز و پیچیده این جنس، به همراه ناباروری بسیاری از گونه‌ها، شبکه تکاملی آنرا پیچیده‌تر نموده است، به خصوص که تنوع انفجاری طبق فسیل‌های بدست آمده در هولوسن از دوره کواترنری مشاهده می‌شود و به لحاظ شباهت نزدیک حالات صفتی و به دلیل نبود زمان کافی برای تکوین مسیرهای تکاملی، این تنوع و ناباروری در گونه‌ها ظهور پیدا کرده است. همچنین تمایز و جدایی جغرافیایی و اکولوژیکی در این جنس با فرایند تشکیل هیبرید منجر به جدایی ژنتیکی چندانی نشده است (Koopman et al., 2008, Zhu et al., 2015).

برگهای متناوب شانه‌ای فرد، و گل‌های صورتی‌رنگ نیمه پرپر و معطر با خارهای ریز زیاد فشرده، پهن و قلابی شکل می‌باشد. برگهای سبز براق آن دارای ۵-۷ برگچه تخم‌مرغی نیزه‌ای و با دندان‌کند و کمانی است. گل‌آذین آن دیهیم و دارای گل‌های مجتمع یا منفرد، کاسبرگ و گلبرگ ۵ تایی ولی تعداد پرچم و برچه‌ها زیاد که معمولاً کمتر بارور می‌شوند. دارای میوه واژ تخم‌مرغی کشیده با انتهای قطور است که پس از رسیدن به رنگ سرخ در می‌آید (Khatamsaz, 1992). این گونه به صورت تتراپلوئید (n=7) گزارش شده است (Wu et al., 2000). به لحاظ تعداد زیاد صفات مورفولوژیک و عدم تمایز در بسیاری از صفات، تخمین تنوع ژنتیکی در گونه گل محمدی بر پایه این صفات ریختی بسیار مشکل و وقت‌گیر است. از این رو روش‌های سریعتر همچون استفاده از مارکرهای ژنتیکی با کمک تکنیک‌های RAPD و AFLP برای تعیین تنوع ژنتیکی جمعیت‌های این گونه تاکنون مورد استفاده قرار گرفته است (Pal, 2013, Agaoglu et al., 2000, Baydar et al., 2004). این مطالعات نشان می‌دهد که وجود ژنوتیپ‌های چندگانه درون گونه *R. × damascena* در جمعیت‌های ایران می‌تواند نشان‌دهنده مرکز احتمالی تنوع برای این گونه در ایران باشد. پژوهش‌های صورت گرفته بر روی تنوع و بررسی تنوع ژرم پلاسم گل محمدی در ایران نشان می‌دهد که تنوع ژنتیکی میان توده‌های درون هر استان بیش از تنوع بین استان‌های مختلف کشور می‌باشد لذا ایران می‌تواند مرکز تنوع ژنتیکی گل محمدی، و دارای توان بالقوه برای اصلاح ارقام آن باشد (Davazdah-Emami, et al., 2020, Babaei et al., 2008, Kiani et al., 2008, Pirseyedi et al., 2005, Tabaei-Aghdaei et al., 2007, Toluei et al., 2019).

در مطالعه ژنتیکی توسط نشانگرهای مولکولی (ریزمه‌واره‌ها) بر روی جمعیت‌های مناطق مختلف

(2019, Yousefi and Jaimand, 2018) درصد ترکیبات اصلی از فاکتورهای مهم در تعیین کیفیت اسانس رز (گل محمدی) است که گزارش‌های زیادی در این زمینه وجود دارد (Ritz et al., 2005, Nikbakht and Kafi, 2010, Shahbazi et al., 2022). کشت صنعتی و مدرن واریته‌های گل محمدی نشان از یک استخر ژنی محدود و انحصاری دارد که تنوع اسانس در واریته‌های این گونه و از نظر ژنتیکی مشخص را به نمایش می‌گذارد (Rusanov et al., 2005, Yousefi and Jaimand, 2018).

**جایگاه و منشأ گل محمدی:** بنا بر نظر ماندنوا (Mandenova, 1970) پیدایش گونه گل محمدی (*R. × damascena*) در دوران نوسنگی از جنوب آناتولی صورت گرفته است و گونه‌های *R. gallica* L. و *R. phoenicia* Boiss. که هر دو به طور وحشی در آناتولی رشد می‌کرده‌اند، به عنوان مولد در تشکیل این هیبرید دخالت داشته‌اند. گرچه ایران هم به عنوان مرکزی برای حضور اولیه گونه مطرح می‌شود (Chevallier, 1996) ولی این گونه به طور وحشی در قفقاز، سوریه و مراکش و اندلس نیز رویش داشته است (Staikov and Kalajiev, 1980). این گونه کاشته شده، سپس توسط یک تاجر بلغاری به اروپا معرفی شد و در طول تاریخ در اثر جدایی جغرافیایی از افراد با منشأ اولیه، واریته‌های اروپایی را پدید آورد. اکنون در جنوب فرانسه، جنوب ایتالیا، مراکش، لیبی، ترکیه، اوکراین، کریمه، قفقاز، سوریه، هند، چین، و کره‌شمالی پراکنش دارد (Buttner, 2001). این گونه تنها در برخی مناطق همچون ترکیه، بلغارستان، ایران و هند به منظور تهیه روغن و گلاب کاشته می‌شود (Rusanov et al., 2005).

گل محمدی از رزهای قدیمی محسوب می‌شود. این گیاه به صورت درختچه‌ای خزان‌کننده یا نیمه سبز با ساقه‌ای افراشته دارای خار یا بدون آن با

گل محمدی هیبرید سه والد *R. gallica*، *R. moschata* و *R. fedtschenkoana* Regel. می باشد و منشا احتمالی آن آسیای مرکزی شناخته شده است (Iwata et al., 2000). طبق بررسی های صورت گرفته گونه *R. fedtschenkoana* متعلق به بخش *Cinnamomeae* می باشد و گونه های *R. gallica* و *R. moschata* (از غرب آسیا) در بخش *Synstylae* قرار می گیرند (Wissemann and Ritz, 2005). طبق داده های مولکولی ویسمن (Wissemann, 2003)، موقعیت گونه *R. gallica* نامشخص است و رابطه نزدیک آن به شاخه *Caninae* بر پایه داده های کلروپلاستی و صفات ریخت شناسی (کاسبرگ های لوبدار و حضور غده های غیرمعطر) تایید می شود، همچنین وجود یک خویشاوند نزدیک منقرض شده یا نامشخص با این شاخه مطرح شده است. با این حال موقعیت تاکسونومیک گونه گل محمدی (*R. × damascena*) در بخشه (*Gallicanae* (DC.) Ser از زیرجنس *Rosa* مشخص گردیده است (Liu et al., 2015).

نتایج آنالیز فنتیکی کوپ من و همکاران (Koopman et al., 2008)، بر روی گونه های جنس *Rosa* نشان داد که گونه های هیبرید از گونه های وحشی *Rosa* مجزا شده اند و در حقیقت نشان از تمایز خزانه ژنی گونه های هیبرید از گونه های وحشی طی زمان تکامل آنها دارد. از جمله گونه های *R. damascena* (نمونه ای از اصفهان) و *R. gallica* با هیبریدهای دیگر این جنس از بخشه *Rosa* هم گروه شده اند که عمدتاً منشا ژنتیکی اروپایی دارند. بنابراین او پیشنهاد داد که *R. × damascena* مهم ترین جد مستقیم واریته های شمال غرب اروپایی گروه *Rosa* است در صورتیکه گونه *R. gallica* یک گونه اجدادی کمی دورتر محسوب می شود. در مطالعات فیلوژنتیک صورت گرفته توسط لیو و همکاران (Liu et al.,

جهان از بلغارستان، هند، ایران و واریته های قدیمی اروپایی، پروفایل ژنتیکی مشخصی مشاهده شد که حاکی از یک مرکز پیدایش اولیه مشترک بوده و این گونه از آنجا به سایر نقاط دنیا برده شده است (Rusanov et al., 2005). بابایی و همکاران (Babaei et al., 2008) منشاء اولیه گل محمدی را ایران و کوهپایه های مناطق مرکزی کشور عنوان نمودند ولی مستندات علمی برای آن مطرح نشده است. طبق نتایج کوپ من (Koopman, 2008) گونه *R. persica* Michx. ex J. F. Gmel. (ورک از زیرجنس *Hulthemia*) از گونه های انشقاقی اولیه در جنس *Rosa* است که در قاعده درخت تباری این جنس قرار می گیرد و این امر می تواند تاییدی بر خواستگاه اولیه این جنس در کوهپایه های ایران باشد که البته نیازمند مطالعه دقیق تر است. هرچند آنالیزهای فیلوژنتیک احمد (Ahmed, 2019) بر روی واریته های کاشته شده گونه گل محمدی و سایر هیبریدهای جنس *Rosa* در عربستان سعودی، مشخص نمود که منشا واریته های جنس *Rosa* در منطقه طائف ناهمگون است.

در بعضی از منابع، گونه گل محمدی دورگ حاصل از دو گونه *R. gallica × R. moschata* و تلاقی آن با رز ایرانی (*R. phoenicia*) عنوان شده است (Ryoichi, 2006). در فلور فارسی ایران گونه *R. moschata* J. Hermann تحت نام نسترن شیراز معرفی شده که در نقاط مختلف ایران به خصوص فارس کاشته می شود و جهت تهیه عرق گل سرخ از آن استفاده می شود. در این کتاب، گل محمدی به صورت هیبرید گل سرخ *R. × damascena* مشخص شده ولی ذکری از منشا آن نشده است (Khatamsaz, 1992). در پژوهشی که با کمک نشانگرهای ملکولی ناحیه بین ژنی رونویسی شده داخلی هسته (Internal Transcribed Spacer rDNA) بر روی جنس *Rosa* صورت گرفته، پیشنهاد شده است که

گونه *R. gallica* و سایر گونه‌ها منشأ گرفته‌اند (Takeuchi et al., 2000). به‌طور کلی در جنس رز، دورگه‌ها با پلوپلوئیدی همراه می‌شوند و این امر به تثبیت هیبریدها بین گونه‌های دور خویشاوند این جنس کمک کرده و هیبریدهای طبیعی را شکل داده است (Raymond and Gouzy, 2018). اخیراً تلاش برای ایجاد گونه رز با ژنوتیپ هموزیگوت از گونه والدی هتروزیگوت دیپلوئید، صورت گرفته است تا بتوان مکانیسم‌های حاکم بر صفات رزها و به ارث رسیدن آنها را مشخص نمود و واریته‌های جدید رز با خواص معطری و تزئینی بیشتر دارای ارزش اقتصادی تولید نمود (Raisi Nafchi et al., 2012).

طبق آخرین تحقیقات انجام شده بر روی ژنوم کلروپلاست گونه‌ای از جنس رز، توالی‌های غیرکدکننده در نواحی IR (Inverted Repeat) کلروپلاست این گروه، نسبت به سایر نواحی در ژنوم کلروپلاستی تیره‌های Asteraceae و Lamiaceae بیشتر حفاظت شده‌اند. بنابراین تنوع ژنتیکی در جنس رز، بیشتر از نواحی LSC (Large single copy) و SSC (Small single copy) کلروپلاست نسبت به نواحی IR کلروپلاست منشأ گرفته است (Li et al., 2020, Yokoya et al., 2000, Bruneu et al., 2007). این نتایج نشان می‌دهد که کاهش و یا افزایش در اندازه طول ناحیه IR کلروپلاست در میان گونه‌های تیره گل‌سرخ بیشتر مشاهده می‌شود که منجر به ایجاد ژنهای کاذب (pseudogene) در گونه‌های این تیره می‌شود (به‌طور مثال جای‌گیری ژن‌های *rps19* و *ycf1* در ناحیه IR و یا بین نواحی IR و LSC کلروپلاست صورت می‌گیرد). لذا این نواحی با تنوع بالا در ژنوم کلروپلاست رزها، می‌تواند به عنوان مارکرهای قوی (همانند cpSSR مارکرها) در شناسایی واریته‌ها مورد استفاده قرار گیرد. آنالیز اخیر ژنوم کلروپلاستی و تنوع ژنی در جنس *Rosa* نشان

گونه گل محمدی را درون شاخه *Synstylae-Chinenses* همراه با اعضای این دو بخش قرار دادند و نزدیکترین گونه به آن گونه‌ی چینی *R. weisiensis* T. T. Yu & T. C. Ku از بخش *Synstylae* عنوان شد که همراه با گونه‌های *R. odorata* (Andrews) Sweet و *R. helenae* در یک زیرشاخه قرار می‌گرفتند. این نتایج نشان داد که بخش *Gallicanae* بیشتر نزدیک به اعضای بخش *Synstylae* است همانگونه که قبلاً این بخش با نیایی متعلق به شرق معرفی شده بود (Koopman et al., 2008). نتایج زو و همکاران (Zhu et al., 2015) نیز تایید نمود که اعضای *Synstylae* به اعضای بخش *Caninae* و *Gallicanae* نزدیک‌ترند و پدیده هیبریدسازی و درونگرایی ژنتیکی، افزایش هیبریدهای درون گونه‌ای و بین گونه‌ای را در جنس رز منجر شده است.

چنین به نظر می‌رسد که گونه *R. × damascena* هیبریدی از سه گونه والدی معرفی شده توسط ایواتا (Iwata et al., 2000) می‌باشد و گونه *R. moschata* از بخش *Synstylae*، والد مادری آن محسوب می‌شود (Iwata et al., 2000, Liu et al., 2015, Millan et al., 1996) و در حقیقت یک هیبرید با منشأ آسیایی می‌باشد. این نتایج با مطالعات تاکوچی (Takeuchi et al., 2000) تایید گردید بطوری که گونه‌های *R. odorata* var. *gigantea* و *R. moschata* در یک گروه قرار گرفتند و رابطه خویشاوندی نزدیکی نشان دادند. گونه‌های این بخش (*Gallicanae*) برای چندین قرن، دارای موقعیت برجسته‌ای از نظر باغبانی در اروپا بوده‌اند و با اعضای بخش *Indicae* الحاق و هیبرید تشکیل داده‌اند که امروزه گونه‌های بخش *Indicae* در بخش *Synstylae* ادغام شده‌اند (Wissemann and Ritz, 2005). اکثر گونه‌هایی که در بخش *Gallicanae* قرار دارند احتمالاً به صورت موتاسیون و هیبریدهای طبیعی از

پلیوسن بین آسیا و غرب آمریکای شمالی ادامه داشته و احتمالاً در طول ائوسن (Eocene) در این نواحی تکامل یافته است. این پدیده با پیدایش قدیمی‌ترین فسیل این جنس از آیداهو و چین و همچنین وجود فسیل آن در آلاسکا از پالئو-ائوسن حمایت می‌شود (Fougère-Danezan et al., 2015). در آن زمان اقلیم آن مناطق به صورت معتدله تا معتدله گرم بوده که با اقلیم امروزی رویش گونه‌های رز هماهنگی دارد.

### نتیجه‌گیری نهایی

رده بندی‌های مقطعی ارایه شده برای این جنس تاکنون، نشان می‌دهد که هنوز وضعیت فیلوژنتیکی تعدادی از گونه‌ها نامشخص و چندنیایی است که نیازمند مطالعات و تحلیلی در چارچوب تکاملی در آینده می‌باشد. همچنین مطالعات دقیق بر روی نیای گونه‌های این جنس در ایران ضروری به نظر می‌رسد. طبق آنچه که توسط ایواتا و همکاران (Iwata et al., 2000) پیشنهاد شده است گونه گل محمدی حاصل هیبرید سه والد *R. moschata*, *R. gallica* و *R. fedtschenkoana* بوده که منشأ احتمالی آن آسیای مرکزی شناخته شده است. به لحاظ فرایند خود تکاملی و تکامل مشبک و پیچیده در جنس رز، تعیین قرابت گونه‌های هیبرید بسیار مشکل به نظر می‌رسد، به خصوص که بسیاری از هیبریدهای این جنس در طول زمان به صورت گونه‌های مستقل متمایز شده‌اند. امید است با بکارگیری تکنیک‌های مولکولی پیشرفته امروزی بر پایه ژنوم کلروپلاستی (Zhang et al., 2022) بتوان قرابت گونه‌ها و به خصوص منشأ گونه‌های هیبرید را در آینده مشخص نمود.

داد که برخلاف برخی گونه‌های آن که تنوع نوکلئوتیدی و فاصله ژنتیکی بالایی نشان می‌دهند، گونه‌هایی همچون *R. canina* و *R. gallica* کمترین فاصله ژنتیکی و پایین‌ترین تنوع نوکلئوتیدی در بین آنها وجود دارد و در حقیقت می‌توان گفت که زیرجنس‌ها و یا بخش‌های جنس *Rosa* یک دودمان خود تکامل یافته دارند (Zhang et al., 2022).

**پیدایش جنس رز (*Rosa*):** به منظور تعیین نواحی گونه‌های اجدادی جنس *Rosa*، فسیل‌های اجدادی آن از چین و آمریکا بررسی گردید و آسیا به عنوان ناحیه اجدادی پیشنهاد شد و کلاد *Synstylae* و خویشاوندانش به عنوان قدیمی‌ترین گروه مشخص گردید (Fougère-Danezan et al., 2015). اعضای کلاد *Synstylae* و خویشاوندانش عمدتاً در اروپا و آسیا حضور دارند و منبع اجدادی برای اروپا تک نیایی است در حالی که برای گونه‌های آسیایی چندنیایی می‌باشد. اطلاعات بر پایه فسیل‌های بدست آمده نشان داد که علی‌رغم حضور اولیه گونه‌های جنس *Rosa* در آمریکا، اکثر گونه‌های کنونی در آمریکا در نتیجه مهاجرت مجدد گونه‌های آسیایی از طریق پل برینگ بوجود آمده‌اند و این مهاجرت به آمریکا حداقل دو بار در این جنس دنیای قدیم، به وقوع پیوسته است (Bruneau et al., 2007). پراکندگی گونه‌های رز از دودمان *Synstylae* در اروپا، احتمالاً نتیجه مهاجرت از آسیا به اروپا در حدود ۳۰ میلیون سال قبل (Mya) بوده است، سپس بخشی از اجدادشان به شرق آمریکای شمالی در حدود ۱۷,۴ میلیون سال پیش رسیدند که والد گونه‌های آن ناحیه می‌باشند. تبادل گونه‌ای در این جنس بین آسیا و اروپا از ۱۳ میلیون سال قبل وجود داشته و حتی تا اوایل

### References

- Agaoglu, Y., Ergul, A. and Baydar, N. (2000). Molecular analysis of genetic diversity of oil rose (*Rosa damascena* Mill.) grown in Isparta (Turkey) region. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 14(2): 16-18.

- Ahmed, S.M. (2019). Phylogenetic analysis of *Rosa damascena* L. from Taif using DNA barcoding approach. *Pakistan Journal of Botany*, 51(1): 157-164.
- Babaei, A., Tabaei-Aghdaei, S.R., Naghavi, M.R., Khoshkholi, M., Omidbeigi, R. and Asareh, M.H. (2008). Features of Damasc rose and its inheritance in Iran. *Kerman Medicine*, 1(14): 75-80.
- Baydar, N., Baydar, H. and Debener, T. (2004). Analysis of genetic relationships among *Rosa damascena* plants grown in Turkey by using AFLP and microsatellite markers. *Journal of Biotechnology*, 111: 263-267.
- Bruneau, A., Starr, J.R. and Joly, S. (2007). Phylogenetic relationships in the genus *Rosa*: New evidence from chloroplast DNA sequences and an appraisal of current knowledge. *Systematic Botany*, 32(2): 366-378.
- Buttner, R. (2001). *Rosa*. In: Mansfield's encyclopedia of agricultural and horticultural crops, pp. 439-445. ed. Hanelt, P., Institute of Plant Genetics and Crop Plant Researches.
- Chevallier, A. (1996). The encyclopedia of medicinal plants. Dorling Kindersely. London. UK.
- Davazdah-Emami, S., Akhavan-Rofigar, A. and Ehtemam, M.H. (2020). Assessment of morphological and micro-morphological features using SEM in several native communities of Damasc rose of Iran. *Journal of Plant Research*. (In press)
- Fougère-Danezan, M., Joly, S., Bruneau, A., Gao, X.F. and Zhang, L.B. (2015). Phylogeny and biogeography of wild roses with specific attention to polyploids. *Annals of Botany*, 115: 275-291.
- Guoliang, W. (2003). History of roses in cultivation. Ancient Chinese Roses. *Encyclopedia of Rose Science*, 387-395. <https://doi.org/10.1016/B0-12-227620-5/00045-8>.
- Khatamsaz, M. (1992). Rosaceae, In: Flora of Iran, V. 6. Pp. 35-70. Research institute of forests and rangelands. Tehran.
- Kiani, M., Zamani, Z., Khalighi, A., Fatahi, R. and Byrne, D.H. (2008). Wide genetic diversity of *Rosa damascena* Mill. germplasm in Iran as revealed by RAPD analysis. *Scientia Horticulturae*, 115: 386-392.
- Koopman, W.J.M., Wissemann, V., De Cuck, K., et al. (2008). AFLP markers as a tool to reconstruct complex relationships: A case study in *Rosa* (Rosaceae). *American Journal of Botany*, 95(3): 353-366.
- Iwata, H., Kato, T. and Ohno, S. (2000). Triparental origin of Damask roses. *Gene*, 259 (1-2): 53-59.
- Li, C., Zheng, Y. and Huang, P. (2020). Molecular markers from the chloroplast genome of rose provide a complementary tool for variety discrimination and profiling. *Scientific Reports*, 10, 12188. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-68092-1>
- Liu, C., Wang, G., Wang, H., Xia, T., Zhang, S., Wang, Q. and Fang, Y. (2015). Phylogenetic relationships in the genus *Rosa* revisited based on *rpl16*, *trnL-F*, and *atpB-rbcL* sequences. *HortScience*, 50(11): 1618-1624.
- Mandenova, I.A. (1970). A revision of *Rosa* in Turkey. *Notes R. P. G. Edinburgh*. 30: 327-340.
- Martin, M., Piola, F., Chessel, D., Jay, M. and Heizmann, P. (2001). The domestication process of the modern rose: genetic structure and allelic composition of the rose complex. *Theoretical and Applied Genetics*, 102, 398-404.
- Millan, T., Osuna, F., Cobos, S., Torres, A.M. and Cubero, J.I. (1996). Using RAPDs to study phylogenetic relationships in *Rosa*. *Theoretical and Applied Genetics*, 92: 273 - 277.
- Nikbakht, A. and Kafi, M. (2010). Damask rose in Iran. *Jahad university unit of Isfahan, Isfahan*, Pp: 161.
- Pal, P.K. (2013). Evaluation, Genetic Diversity, recent development of distillation method, challenges and opportunities of *Rosa damascena*: A review. *Journal of Essential oil Bearing Plants*, 16 (1): 1-10.
- Pirseyedi, S.M., Mardi, M., Davazdahemami, S., Kermani, M.J. and Mohammadi, S.A. (2005). Analysis of the genetic diversity 12 Iranian Damasc rose (*Rosa damascena* Mill.) genotypes using amplified fragment length polymorphism markers. *Iranian Journal of Biotechnology*, 3(4): 225-230.



- Raisi Nafchi, M.R., Talebi, M. and Zeinali, H. (2012). Molecular analysis in *Rosa damascena* based on geographic origin. The 3th National Symposium of Agricultural Biotechnology of Iran. Mashhad. Iran. <https://civilica.com/doc/204444>
- Raymond O., Gouzy, J., et al. (2018). The *Rose* genome provides new insights into the domestication of modern roses. *Nature Genetics*, 50(6): 772-777. doi:10.1038/s41588-018-0110-3
- Ritz, C.M., Schmuths, H. and Wissemann, V. (2005). Evolution by reticulation: European dogroses originated by multiple hybridization across the genus *Rosa*. *Journal of Heredity*, 96(1): 4-14.
- Rusanov, K., Kovacheva, N., Vosman, B., Zhang, L., Rajapakse, S., Atanassov, A. and Atanassov, I. (2005). Microsatellite analysis of *Rosa damascena* Mill. accessions reveal genetic similarity between genotypes used for rose oil production and old Damask rose varieties. *Theoretical and Applied Genetics*, 111, 804-809.
- Ryoichi, K. (2006). New component of *Rose* oil and its property. *Koryo*, 229: 103-111.
- Sabeti, H. (2002). *Forests, trees, and Shrubs of Iran*. Yazd University, Yazd. Pp: 640-641.
- Shahbazi, Kh., Shahbazi, K., Yousefi, B. and Safari, H. (2022). Evaluation of chemical compounds of essential oil in Damask rose (*Rosa damascena* Mill.) accessions. *Journal of Medicinal Plants and By-products*, 1: 45-55.
- Staikov, V. and Kalajiev, I. (1980). Study of oil roses (*Rosa damascena* Mill.) originated from India, Morocco, Iran and Bulgaria (in Bulgarian). *Plant Science*, XVII (4): 58-68.
- Tabaei-Aghdaei, S.R., Babaei, A., Khosh-Khui, M., Jaimand, K., Rezaee, M.B., Assareh, M.H. and Naghavi, M.R. (2007). Morphological and oil content variations amongst Damask rose (*Rosa damascena* Mill.) landraces from different regions of Iran. *Scientia Horticulturae*, 113: 44-48.
- Takeuchi, S., Nomura, K., Uchiyama, H. and Yoneda, K. (2000). Phylogenetic relationship in the genus *Rosa* based on the restriction enzyme analysis of the chloroplast DNA. *Journal of the Japanese Society for Horticultural Science*, 69(5): 598-604.
- Toluei, Z., Hosseini Tafreshi, S.A. and Arefi Torkabadi, M. (2019). Comparative chemical composition analysis of essential oils in different populations of Damask rose from Iran. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 21(2): 423-437.
- Wissemann, V. (2003). Conventional taxonomy of wild roses. In: *Encyclopedia of rose science* Roberts, pp. 111-117. eds. A., Debener, T. and Gudin, S. Elsevier, London, UK.
- Wissemann, V. and Ritz, C.M. (2005). The genus *Rosa* (Rosoideae, Rosaceae) revisited: molecular analysis of nrITS-1 and *atpB-rbcL* intergenic spacer (IGS) versus conventional taxonomy. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 147: 275-290.
- Wu, S., Ueda, Y., He, H., Nishihara, S. and Matsumoto, S. (2000). Phylogenetic analysis of Japanese *Rosa* species using *matK* sequences. *Breeding Science*, 50: 275-281.
- Yokoya, K., Roberts, A.V., Mottley, J., Lewis, R. and Brandham, P.E. (2000). Nuclear DNA amounts in roses. *Annals of Botany*, 85: 557- 561.
- Yousefi, B. and Jaimand, K. (2018). Chemical variation in the essential oil of Iranian *Rosa damascena* landraces under semi-arid and cool conditions. *International Journal of Horticultural Science and Technology*, 5(1): 81-92.
- Zhang, C., Li, S.Q., Xie, H.H., Liu, J.Q. and Gao, X.F. (2022). Comparative plastid genome analyses of *Rosa*: insights into the phylogeny and gene divergence. *Tree Genetics & Genomes*, 18, 20.
- Zhu, Z.M., Gao, X.F. and Fougère-Danezan, M. (2015). Phylogeny of *Rosa* sections *Chinenses* and *Synstylae* (Rosaceae) based on chloroplast and nuclear markers. *Molecular phylogenetics and Evolution*, 87: 50-64.