



mgr inż. Anna Kozłowska

Badania możliwości wykorzystania arbuskularnych grzybów mykoryzowych (gromada Glomeromycota) w ochronie roślin chronionych i wydm Mierzei Kurońskiej oraz arbuskularne grzyby mykoryzowe innych stanowisk

Research on the possibility of using arbuscular mycorrhizal fungi (AMF; Glomeromycota) in the protection of protected plants and dunes of the Curonian Spit and AMF of other sites

Rozprawa doktorska

Napisana pod kierunkiem

Prof. dr. hab. inż. Janusza Błaszковского

Katedra Kształtowania Środowiska

Szczecin, 2023

*Dziękuję
prof. dr. hab. Januszowi Błaszowskiemu
za cierpliwość i wszelkie uwagi
oraz mojemu mężowi za wsparcie.*

SPIS TREŚCI

1.	Summary	5
2.	Streszczenie	6
3.	Wstęp	8
4.	Cele pracy	10
5.	Material i metody	11
5.1.	Charakterystyka terenu badań	11
5.2.	Flora Mierzei Kurońskiej.	11
5.3.	Badania polowe	13
5.3.1.	Pobór prób	15
5.4.	Hodowla arbuskularnych grzybów mykoryzowych	16
5.5.	Izolacja zarodników i zakładanie kultur jednogatunkowych	16
5.6.	Identyfikacja morfologiczna AGM	16
5.7.	Identyfikacja molekularna AGM	17
5.7.1.	Przygotowanie matrycy DNA	17
5.7.2.	Otrzymywanie sekwencji 18S-ITS-28S nuc rDNA i <i>RPBI</i>	18
5.7.3.	Rozdział elektroforetyczny i wizualizacja produktów PCR	22
5.7.4.	Oczyszczanie produktu PCR	22
5.7.5.	Klonowanie	22
5.7.6.	Izolacja DNA plazmidowego	22
5.7.7.	PCR M13	23
5.7.8.	Sekwencjonowanie	23
5.7.9.	Analizy filogenetyczne	23
6.	Obliczenia statystyczne	24
7.	Własności fizyczne i chemiczne gleby wyd. Mierzei Kurońskiej	25
8.	Określenie pozycji filogenetycznej AGM zgromadzonych w zbiorach Katedry Kształtowania Środowiska	26
9.	Wyniki	26
9.1.	Występowanie i różnorodność gatunkowa arbuskularnych grzybów mykoryzowych wyd. Mierzei Kurońskiej	26
9.1.1.	Dane ogólne	26
9.1.2.	Próby polowe	26
9.1.3.	Kultury pułapkowe	26

9.1.4.	Bogactwo morfotypowe	26
9.1.5.	Obfitość zarodnikowania i dominacja	27
9.1.6.	Częstotliwość występowania morfotypów	28
9.1.7.	Bioróżnorodność	29
10.	Własności fizyczne i chemiczne gleb Mierzei Kurońskiej	31
11.	Uwagi o AGM znalezionych na terenie Mierzei Kurońskiej	31
12.	Nowo opisane taksony i kombinacje nomenklaturowe AGM	40
13.	Cechy morfologiczne i filogenetyczne nowo opisanych taksonów	41
14.	Dyskusja	60
15.	Możliwości wykorzystania arbuskularnych grzybów mykoryzowych w ochronie roślin chronionych i wydm Mierzei Kurońskiej	63
16.	Wnioski	64
17.	Bibliografia	64

1. SUMMARY

Arbuscular mycorrhizal fungi (AGM) are obligate symbionts of the phylum Glomeromycota that are essential for the functioning of ecosystems, as the vast majority of land plants use them to take up hard-to-reach macro- and micronutrients from the soil. The symbiosis with AGM is particularly important for maritime sandy biotopes, where plant growth is limited by low soil quality and nutrient content, high salinity, as well as high insolation and strong winds. Numerous studies confirm the importance and universality of this symbiosis in dune areas.

One of such areas, poorly known in terms of AGM biodiversity, are maritime dunes of the Curonian Spit. So far, studies conducted there have suggested a high species richness of AGM and the occurrence of undescribed species. Therefore, the objectives of the undertaken research were: (1) to determine the occurrence and diversity of AGM associated with dune plants of the Curonian Spit on the basis of quantitative analyzes and morphology of spores extracted from field samples of rhizosphere soil and root fragments, pot cultures inoculated with these samples, and molecular phylogeny of these fungi, (2) to define the morphology and phylogeny of potentially new AGM species and species whose morphological descriptions and phylogenetic position were doubtful or unknown based on the collections from the Curonian Spit and the AGM collection grown in the Plant Protection Laboratory, Department of Environmental Management, Faculty of Environmental Management and Agriculture, West Pomeranian University of Technology in Szczecin, and (3) to determine the possibility of using AGM in the protection of protected and endangered plants and dunes of the Curonian Spit.

The study was carried out in two dune areas located in the Lithuanian part of the Curonian Spit, in dunes of the strict reserve and the Parnidis dune, near the village of Nida. 132 field mixtures of rhizosphere soil and root fragments of five plant species (*Ammophila arenaria*, *Hieracium umbellatum*, *Lathyrus japonicus* ssp. *maritimus*, *Linaria loeselli*, *Viola littoralis*) were collected, from which 132 trap cultures were created. In total, 4162 spores were extracted from field samples and trap cultures, among which 25 species and 17 undescribed morphotypes were identified. The molecular phylogeny of the studied AGM was reconstructed based on sequence analyzes of the SSU-ITS-LSU nrDNA region and the *RPBI* gene.

The eudominants in the study area were *Cetraspora gilmorei*, *Acaulospora mellea*, and *Scutellospora dipurpurescens*, which constituted 32.32%, 13.41%, and 10.84% of all spores extracted from field samples, respectively. Four morphotypes represented the dominant group: *Glomus tetrastratosum* (9.13%), *G. microaggregatum* (8.82%), unrecognized *Diversispora* sp. (6.46%), and *Acaulospora paulinae* (5.52%).

The most frequently found species were *Cetraspora gilmorei* (present in 63.64% of samples), *Scutellospora dipurpurescens* (59.09%), *Glomus tetrastratosum* (46.97%), *Archaeospora trappei* (38.64%), *Rhizoglomus irregulare* (36.36%), and *C. pellucida* (22.73%).

For two research sites and the entire region, AGM diversity was determined on the basis of the following indices: H' Shannon species diversity, Simpson species richness D_1 , Simpson D_2 dominance, Berger-Parker BP dominance, and Simpson uniformity. The Jaccard Index was also calculated, which made it possible to compare the AGM species diversity of the study area with that found in other coastal dunes of the Baltic Sea coast, i.e., in the dunes of Bornholm and Słowiński National Park.

Based on morphological and phylogenetic analyses, a new family (*Pervetustaceae*), six new genera (*Desertispora*, *Halonatospora*, *Innospora*, *Oehlia*, *Pervetustus*, *Sclerocarpum*), and 19 new species (*Acaulospora ignota*, *Diversispora peridiata*, *D. sabulosa*, *D. slowinskiensis*, *D. sporocarpia*, *D. varaderana*, *Dominikia difficilevidera*, *Do. duoreactiva*, *Do. emiratia*, *Do. lithuanica*, *Do. litorea*, *Entrophospora hanlinii* (= *Claroideoglomus hanlinii*), *Glomus bareae*, *G. tetrastratosum*, *Kamienskia divaricata* (= *Mikrokamienskia divaricata*), *Pervetustus*

simplex, *Rhizoglosum dunense*, *Sacculospora felinonii*, *Sclerocarpum amazonicum*) were described. In addition, five new nomenclature combinations were created (*Desertispora omaniana*, *Halonatospora pansihalos*, *Innospora majewskii*, *Oehlia diaphana*, *Rhizoglosum vesiculiferum*).

The conducted research showed that potentially the best AGM to be used in the protection of protected plants and endangered dunes of the Curonian Spit would be *Acaulospora mellea*, *Archaeospora trappei*, *Cetraspora pellucida*, *Glomus tetrastratosum*, *Rhizoglosum irregulare*, and *Scutellospora dipurpurescens* due to their dominant participation in the AGM spore communities of this area.

Key words: AGM, biodiversity, Glomeromycota, Curonian Spit, mycorrhiza, dunes.

2. STRESZCZENIE

Arbuskularne grzyby mykoryzowe (AGM) są obligatoryjnymi symbiontami z gromady Glomeromycota, które mają zasadnicze znaczenie dla funkcjonowania ekosystemów, ponieważ zdecydowana większość roślin lądowych wykorzystuje je do pobierania trudno dostępnych makro- i mikroelementów z gleby. Symbioza z AGM ma szczególnie duże znaczenie dla piaszczystych biotopów, gdzie wzrost roślin jest ograniczony niską jakością gleby i zasobnością w składniki odżywcze, dużym zasoleniem oraz nasłonecznieniem i silnymi wiatrami. Liczne badania potwierdzają znaczenie i powszechność tej symbiozy na terenach wydmych.

Jednym z takim obszarów, słabo poznanym pod względem bioróżnorodności AGM, są wydmy Mierzei Kurońskiej. Dotychczas przeprowadzone tam badania sugerowały duże bogactwo gatunkowe AGM i występowanie gatunków nieopisanych. Dlatego celami podjętych badań były: (1) określenie występowania i różnorodności AGM związanych z roślinami wydmych Mierzei Kurońskiej na podstawie analiz ilościowych i morfologii zarodników wyekstrahowanych z polowych prób gleby ryzosferowej i fragmentów korzeni, kultur wazonowych zainokulowanych tymi próbkami oraz molekularnej filogenezy tych grzybów, (2) zdefiniowanie morfologii i filogenezy potencjalnie nowych gatunków AGM oraz gatunków, których opisy morfologiczne i stanowisko filogenetyczne były wątpliwe lub nieznanne na podstawie zbiorów z Mierzei Kurońskiej oraz kolekcji AGM hodowanej w Pracowni Ochrony Roślin, Katedry Kształtowania Środowiska Wydziału Kształtowania Środowiska i Rolnictwa Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie i (3) określenie możliwości wykorzystania AGM w ochronie roślin chronionych i zagrożonych oraz wydmy Mierzei Kurońskiej.

Badanie przeprowadzono na dwóch obszarach wydmych znajdujących się na litewskiej części Mierzei Kurońskiej, na wydmach rezerwatu ścisłego i wydmie Parnidis, obok miejscowości Nida. Pobrano 132 polowe mieszaniny gleby ryzosferowej i fragmentów korzeni pięciu gatunków roślin (*Ammophila arenaria*, *Hieracium umbellatum*, *Lathyrus japonicus* ssp. *maritimus*, *Linaria loeselli*, *Viola littoralis*), z których utworzono 132 kultury pułapkowe. Łącznie wyizolowano z prób polowych i kultur pułpkowych 4162 zarodniki, wśród których zidentyfikowano 25 gatunków i 17 nieopisanych morfotypów. Filogenezę molekularną badanych AGM rekonstruowano na podstawie analiz sekwencji regionu SSU-ITS-LSU nrDNA i genu *RPBI*.

Eudominantami na badanym terenie były *Cetraspora gilmorei*, *Acaulospora mellea* i *Scutellospora dipurpurescens*, które stanowiły odpowiednio 32,32%, 13,41% i 10,84% wszystkich zarodników wyekstrahowanych z prób polowych. Cztery morfotypy reprezentowały grupę dominantów: *Glomus tetrastratosum* (9,13%), *G. microaggregatum* (8,82%), nierozpoznana *Diversispora* sp. (6,46%) i *Acaulospora paulinae* (5,52%).

Najczęściej znajduwanymi gatunkami były *Cetraspora gilmorei* (obecna w 63,64% prób), *Scutellospora dipurpurescens* (59,09%), *Glomus tetrastratosum* (46,97%), *Archaeospora trappei* (38,64 %), *Rhizoglosum irregulare* (36,36%) i *C. pellucida* (22,73%).

Dla dwóch stanowisk badawczych i dla całego rejonu określono różnorodność AGM na podstawie następujących wskaźników: różnorodność gatunkowa H' Shannona, bogactwo gatunkowe Simpsona D_1 , dominacja Simpsona D_2 , dominacja Bergera-Parkera BP i równomierność Simpsona. Obliczono również Indeks Jaccarda, który pozwolił porównać różnorodność gatunkową AGM badanego obszaru z różnorodnością gatunkową AGM stwierdzonych w innych wydmach nadmorskich wybrzeża Morza Bałtyckiego, tj. w wydmach Bornholmu i Słowińskiego Parku Narodowego.

Na podstawie przeprowadzonych analiz morfologicznych i filogenetycznych, opisano nową rodzinę (*Pervetustaceae*), sześć nowych rodzajów (*Desertispora*, *Halonatospora*, *Innospora*, *Oehlia*, *Pervetustus*, *Sclerocarpum*) i 19 nowych gatunków (*Acaulospora ignota*, *Diversispora peridiata*, *D. sabulosa*, *D. slowinskiensis*, *D. sporocarpia*, *D. varaderana*, *Dominikia difficilevidera*, *Do. duoreactiva*, *Do. emiratia*, *Do. lithuanica*, *Do. litorea*, *Entrophospora hanlinii* (= *Claroideoglomerus hanlinii*), *Glomus bareae*, *G. tetrastratosum*, *Kamienskia divaricata* (= *Mikrokamienskia divaricata*), *Pervetustus simplex*, *Rhizoglomerus dunense*, *Sacullospora felinonii*, *Sclerocarpum amazonicum*). Ponadto utworzono pięć nowych kombinacji nomenklaturowych (*Desertispora omaniana*, *Halonatospora pansihalos*, *Innospora majewskii*, *Oehlia diaphana*, *Rhizoglomerus vesiculiferum*).

Przeprowadzone badania wykazały, że potencjalnie najlepszymi AGM do wykorzystania w ochronie roślin chronionych i wydm Mierzei Kurońskiej byłyby *Acaulospora mellea*, *Archaeospora trappei*, *Cetraspora pellucida*, *Glomus tetrastratosum*, *Rhizoglomerus irregulare* i *Scutellospora dipurpureascens* z powodu ich dominującego udziału w zbiorowiskach zarodników AGM tego obszaru.

Słowa kluczowe: AGM, bioróżnorodność, Glomeromycota, Mierzeja Kurońska, mykoryza, wydmy.

3. WSTĘP

Mikroorganizmami glebowymi, które występują na całym świecie i współistnieją w symbiozie z ok. 70–90% naczyniowych roślin lądowych Ziemi są arbuskularne grzyby mykoryzowe (AGM) z gromady Glomeromycota (Schüßler et al. 2001; Smith, Read 2008). Symbioza roślin z tymi grzybami nazywana jest arbuskularną, ponieważ najważniejszą strukturą tworzoną w komórkach korzeni są arbuskule, tj. rozgałęzione strzępki, przypominające krzewy, które biorą udział w dwustronnej wymianie węgla, fosforu i innych fizjologicznie ważnych składników (Smith, Read 2008). *Geosiphon pyriformis* (Kütz.) Wettst., jedyny przedstawiciel Glomeromycota, który tworzy endocytosymbiozę z foto autotroficznymi prokariotami, został włączony do tej gromady tylko na podstawie molekularnego pokrewieństwa filogenetycznego (Schüßler, Kluge 2001; Schüßler et al. 2001).

Współistnienie AMF i roślin skutkuje różnymi dwustronnymi korzyściami (Smith, Read 2008). AGM zwiększają powierzchnię chłonną korzeni, a tym samym odżywianie roślin, wpływają na sukcesję zbiorowisk roślinnych i ich konkurencyjność oraz fenologię. Wyrównują poziom odżywienia współistniejących roślin, tworząc pomosty strzępkowe, którymi przenoszone są składniki pokarmowe z rośliny do rośliny i poprawiają strukturę gleby przez wiązanie ziaren piasku w agregaty przez mykoryzowe strzępki zewnątrzkorzeniowe. Ponadto AGM zwiększają tolerancję roślin na metale ciężkie, stres wodny i patogeniczne grzyby oraz niczenie (Pfleger, Linderman 1994). Z drugiej strony, AGM wykorzystują do 20% produktów fotosyntezy żywiciela do wzrostu, funkcjonowania i reprodukcji (Jakobsen, Rosendahl 1990).

Obecnie gromada Glomeromycota obejmuje trzy klasy, sześć rzędów, 16 rodzin i 50 rodzajów (Wijayawardene et al. 2020; Błaszowski et al. 2023). Przedstawiciele Glomeromycota należą do grzybów wyjątkowo trudnych do identyfikowania i klasyfikowania. Najtrudniejszą grupą są grzyby tworzące zarodniki glomoidalne, które powstają identycznie i mają budowę wewnątrzkomórkową podobną do zarodników *Glomus macrocarpum*, gatunku typowego rodzaju *Glomus*, rodziny Glomeraceae i gromady Glomeromycota (Schüßler, Walker 2010). Zarodniki *Glomus* spp. powstają blastycznie na szczycie strzępki zarodnikotwórczej i mają jedną ścianę zarodnika z jedną do kilku warstw. *Pacispora* spp. również tworzą zarodniki glomoidalne, ale zarodniki te są dwuścienne; ściana wewnętrzna powstaje *de novo* po pełnym uformowaniu się ściany zewnętrznej, tworzącej powierzchnię zarodnika i obie te ściany nie mają fizycznego kontaktu (Oehl, Sieverding 2004; Walker et al. 2004).

Trudność identyfikowania grzybów z zarodnikami glomoidalnymi wynika głównie z tego, że: (i) większość gatunków Glomeromycota tworzy takie zarodniki, (ii) zarodniki glomoidalne wytwarzają nie tylko *Glomus* spp., ale także gatunki innych rodzajów, w tym przynależące do innych rodzin Glomeromycota, (iii) morfologia zarodników glomoidalnych na ogół nie koreluje z ich rodzajową przynależnością, (iv) różnorodność morfologiczna zarodników glomoidalnych jest najmniejsza w porównaniu do zróżnicowania morfologicznego zarodników powstających inaczej niż zarodniki glomoidalne, (v) zewnętrzne składowe (warstwy) ściany zarodników glomoidalnych, które pokrywają trwałą warstwę strukturalną tej ściany, często są krótkotrwałe, silnie rozłożone lub całkowicie złuszczone u dojrzałych zarodników, przez co można je łatwo przeoczyć i z tego powodu błędnie wnioskować i (v) analizy filogenetyczne ujawniły kryptyczność u Glomeraceae, jak np. między *Epigeocarpum crypticum* i *Dominikia glomerocarpica*, które są niemal identyczne pod względem morfologii, ale wyraźnie różnią się filogenezą (Błaszowski et al. 2021). Dlatego prawidłowe identyfikowanie i klasyfikowanie gatunków z glomoidalnymi zarodnikami tylko na podstawie ich morfologii jest niemożliwe i wymaga użycia narzędzi molekularnych. To może być również trudne lub niemożliwe, ponieważ duża liczba gatunków nie ma charakterystyki molekularnej. Na przykład, chociaż Glomeraceae jest największą rodziną w Glomeromycota, tylko ok. 57% gatunków z tej rodziny, rozmieszczonych w 18 rodzajach, ma znaną filogenezę molekularną. Co więcej, takie gatunki Glomeraceae mogą również być wśród ok. 23% gatunków tworzących glomoidalne zarodniki,

które obecnie są zaklasyfikowane w innych rodzinach Glomeromycota, mimo, że ich filogeneza naturalna jest niepewna lub nieznaną.

Obecnie spośród wielu markerów, które są wykorzystywane w badaniach filogenetycznych Glomeromycota (Błaszowski et al. 2018a,b, 2019a,b; Jobim et al. 2019; Magurno et al. 2019), markery obejmujące część małej podjednostki genu rRNA (18S), wewnętrzną przekładkę transkrybowaną (ITS1-5.8S-ITS2 = ITS) i część dużej podjednostki genu rRNA (28S) (= 18S-ITS-28S), jak również największą podjednostkę genu polimerazy RNA II (*RPBI*) mają największą zdolność rozdzielczą i charakteryzują najwyższy odsetek opisanych gatunków Glomeromycota (Krüger et al. 2012; Stockinger et al. 2014; Al-Yahya’ei et al. 2017). Na przykład zawartość molekularna 18S-ITS-28S pozwoliła rozdzielić *Rhizoglossum dunense* od *R. clarum*, których morfologie są prawie identyczne, a rozbieżność sekwencji jest bardzo wysoka (13,3%; Al-Yahya’ei et al. 2017). Rozdzielczość sekwencji genu *RPBI* jest wyższa niż sekwencji 18S-ITS-28S i wykazała, że *R. irregulare* prawdopodobnie zawiera co najmniej jeden gatunek kryptyczny (Stockinger et al. 2014) oraz silnie potwierdziła odrębność *R. dunense* względem *R. clarum*, z odchyleniem wynoszącym 8,1% (Al-Yahya’ei et al. 2017). Co więcej, powszechnie uznaje się, że powiązanie sekwencji rybosomalnych z sekwencjami kodującymi białka, do których należą sekwencje *RPBI*, znacznie zwiększa wiarygodność filogenezy (Miadlikowska et al. 2014).

Obecnie gromada Glomeromycota obejmuje około 360 gatunków (Jobim et al. 2019; Błaszowski et al. 2023). Jednak wyniki analiz filogenetycznych sekwencji DNA pochodzących z korzeni roślin i gleb różnych regionów świata wskazują, że dotychczas rozpoznano mniej niż 5% istniejących gatunków (Krüger et al. 2009). Jedną z głównych przyczyn tego stanu jest to, że wiele gatunków AGM zarodnikuje sezonowo, rzadko lub nie zarodnikuje w polu (Błaszowski et al. 2002a, b; Stutz, Morton 1996). Stąd wnioski wynikające z badań składu ilościowego i gatunkowego zarodników wyekstrahowanych z polowych prób gleby ryzosferowej są na ogół niepewne, ponieważ dotyczą tylko gatunków grzybów zarodnikujących w czasie pobierania prób. Skuteczną metodą pozwalającą na ujawnienie wielu gatunków AGM zarodnikujących sezonowo lub rzadko w polu i wymuszającą zarodnikowanie grzybów ukrywających się w korzeniach roślin żywicielskich jest hodowla mieszanin gleb ryzosferowych i fragmentów korzeni tych roślin w kulturach pułapkowych utrzymywanych w szklarni (Brundrett et al. 1999; Błaszowski et al. 2002a, b). Jednak wiele prób wyhodowania niektórych AGM, zarówno w kulturach pułapkowych, jak i jednogatunkowych, kończyło się niepowodzeniem (obserwacje własne).

Stanowiskami występowania wyjątkowo obfitych i różnorodnych populacji AGM są wydmy nadmorskie, głównie z powodu niskiej zawartości substancji odżywczych i materii organicznej (Koske 1987; Nicolson, Johnston 1979). Ponad jedna trzecia opisanych gatunków AGM była związana z korzeniami roślin wydmowych, w tym roślin wydm nadmorskich (Błaszowski 2012; Sridhar, Beena 2001). Spośród 35 gatunków opisanych przez J. Błaszowskiego, 26 pochodziło z wydm nadmorskich (Błaszowski 2012). Większość gatunków była związana z korzeniami *Ammophila arenaria*, która, spośród gatunków kolonizujących wydmy nadmorskie, wydaje się być najbardziej przyjaznym gospodarzem AGM; roślina ta zwykle utrzymywała najbardziej obfite i różnorodne zbiorowiska tych grzybów (Błaszowski 1994, 2012; Błaszowski, Czerniawska 2011; Błaszowski et al. 2002a, b). Wydmy nadmorskie są również ważne dla ochrony *in situ* zagrożonych organizmów, w tym AGM (Turrini et al. 2008).

W Europie jednym z najcenniejszych przyrodniczo obszarów jest Mierzeja Kurońska. Obejmuje ok. 180 km², ma 97 km długości, z czego 50 km należy do Republiki Litewskiej, pozostała część jest rosyjska (<http://www.nerija.lt/en>). W celu ochrony jej zasobów w roku 1991 utworzono Park Narodowy Mierzei Kurońskiej, a w roku 2000 krajobraz kulturowy Mierzei Kurońskiej został wpisany na Listę Światowego Dziedzictwa UNESCO. Ponadto Mierzeja Kurońska jest częścią „Natura 2000”, sieci obszarów chronionych w Europie, łączącej

jej najcenniejsze siedliska przyrodnicze. Należy również do HELCOM, którego celem jest ochrona środowiska morskiego Morza Bałtyckiego przez współpracę międzyrządową.

Wyjątkowymi elementami krajobrazu Mierzei Kurońskiej są wydmy morskie i flora, które są kształtowane przez silne wiatry, dryfujący piasek, słoną wodę i nagłe oraz częste zmiany pogody. Piaszczyste wydmy zajmują ok. 25% całkowitej powierzchni parku (<http://www.nerija.lt/en>). Flora Mierzei Kurońskiej obejmuje 725 gatunków, w tym 632 gatunki roślin naczyniowych, z których 31 znajduje się na Czerwonej Liście Litwy. Wśród nich są m.in. *Eryngium maritimum*, *Geranium lucidum* i *Vicia latyroides*. Gatunkiem roślin dominującym na wydmach piaszczystych jest *Ammophila arenaria*, następnie m.in. *Corynephorus canescens*, *Leymus arenarius*, *Eryngium maritimum*, *Festuca rubra* ssp. *arenaria*, *Hieracium umbellatum*, *Lathyrus maritimus*, *Linaria loeselii* i *Viola littoralis*. Poza wspomnianą wcześniej *A. arenaria*, wszystkie inne gatunki roślin były zwykle gospodarzami obfitych i zróżnicowanych populacji zarodników AGM (Błaszowski 1994, 2012; Błaszowski, Czerniawska 2011; Błaszowski et al. 2002a, b; 2023).

Wiedza o występowaniu grzybów na Mierzei Kurońskiej jest niewielka. Aučina et al. (2011) zidentyfikowali 12 taksonów grzybów po analizie molekularnej 12 ektomykoryzowych morfotypów *Pinus mugo*. W literaturze niewiele jest danych dotyczących AGM tego obszaru. Tylko Menkis et al. (2014) analizowali grzyby, w tym AGM, związane z korzeniami *Rosa rugosa* na podstawie otrzymanych sekwencji ITS. Badania te zasugerowały obecność gatunków nowych.

W roku 1994 Błaszowski (dane niepublikowane) wziął udział w Konferencji EUCC-WWF nt. „Ochrona i zarządzanie wybrzeżem w rejonie Bałtyku” (Kłajpeda, Litwa) i pobrał próby gleby ryzosfery spod *Ammophila arenaria* rosnącej na wydmach położonych w pobliżu Nidy, na Mierzei Kurońskiej. Wszystkie próby zawierały liczne zarodniki AGM. Mimo, że liczba pobranych prób gleby była zbyt mała, aby wiarygodnie wnioskować, wyekstrahowane zarodniki AGM zasugerowały, że rośliny wydmy Mierzei Kurońskiej, zwłaszcza *A. arenaria*, utrzymują obfite i różnorodne zbiorowiska tych grzybów, w tym wiele nieznanych i dotychczas rzadko notowanych gatunków AGM na świecie oraz gatunki, których opisy diagnostyczne są wątpliwe i należy je zweryfikować.

W przyszłości wiedza o AGM Mierzei Kurońskiej może zostać wykorzystana w praktyce, np. w ochronie roślin chronionych lub zagrożonych przez inokulację stanowisk, w których te rośliny rosną. Wstępna inokulacja/mikoryzacja sadzonek roślin jest również szeroko stosowaną metodą tam, gdzie przesadzanie jest częścią normalnej działalności mającej na celu ochronę obszarów, np. wydmy przed erozją, i roślin chronionych oraz zagrożonych przed wyginięciem (Bothe et al. 2010; Smith, Read 2008). Potencjalną zaletą mikoryzacji sadzonek jest to, że gatunki grzybów są obecne w korzeniach zainokulowanych roślin przed wprowadzeniem tych roślin do stanowisk ich naturalnego występowania. W konsekwencji gatunki te będą miały przewagę konkurencyjną nad rodzimymi AGM. Składnikami inokulum powinny być gatunki AGM obficie zarodnikujące i szeroko rozpowszechnione na Mierzei Kurońskiej, a więc najlepiej dostosowane do gleb, roślinności i klimatu tego obszaru.

4. CELE PRACY

Biorąc pod uwagę zagadnienia omówione wyżej celami niniejszej pracy były:

1. Określenie występowania i różnorodności AGM związanych z roślinami wydmowymi Mierzei Kurońskiej na podstawie analiz ilościowych i morfologii zarodników wyekstrahowanych z polowych prób gleby ryzosferowej oraz kultur wazonowych i molekularnej filogenezy ich DNA.
2. Określenie morfologii i filogenezy potencjalnie nowych gatunków AGM oraz gatunków, których opisy morfologiczne i stanowisko filogenetyczne są wątpliwe lub nieznanne na podstawie zbiorów z Mierzei Kurońskiej oraz kolekcji AGM hodowanej w Pracowni

Ochrony Roślin, Katedry Kształtowania Środowiska, Wydziału Kształtowania Środowiska i Rolnictwa Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie.

3. Ocena możliwości wykorzystania AGM w ochronie roślin chronionych i zagrożonych oraz wydm Mierzei Kurońskiej.

5. MATERIAŁ I METODY

Badania przeprowadzono w latach 2013–2018. Obejmowały one identyfikację i charakteryzację morfologiczną i filogenetyczną AGM znalezionych w wydmach Mierzei Kurońskiej, na obszarze około 5 km², oraz statystyczne analizy bioróżnorodności ujawnionych zbiorowisk zarodników tych grzybów.

5.1. Charakterystyka terenu badań

Mierzeja Kurońska jest wąskim (0,4–4 km), długim (98 km) cyplem, z charakterystycznym pasmem ruchomych wydm białych i ustabilizowanych wydm szarych, który oddziela Morze Bałtyckie od Zatoki Kurońskiej. Zawiera on najwyższe w Europie wędrujące wydmy, kształtowane przez morze, wiatry i ludzką działalność, np. deforestację i wypasanie. Miejsce to jest na liście Światowego Dziedzictwa UNESCO <http://whc.unesco.org/en/list/994>. Aktywne wydmy tworzą pasma o wysokości do 60 metrów nad poziomem morza i zwykle ich zachodni stok łagodnie opada w stronę Morza Bałtyckiego, w przeciwieństwie do stromego stoku wschodniego, od strony Zatoki Kurońskiej. Za wydmami ciągnie się pasmo pól deflacyjnych o zróżnicowanej szerokości. Pasma to pokrywa sucha łąka, charakteryzującą się dużą zasobnością gatunkową, i las sosnowy.

Mierzeja Kurońska jest obszarem o klimacie pośrednim między morskim i kontynentalnym, charakteryzującym się zmienną pogodą, łagodnymi zimami i umiarkowanie ciepłym latem.

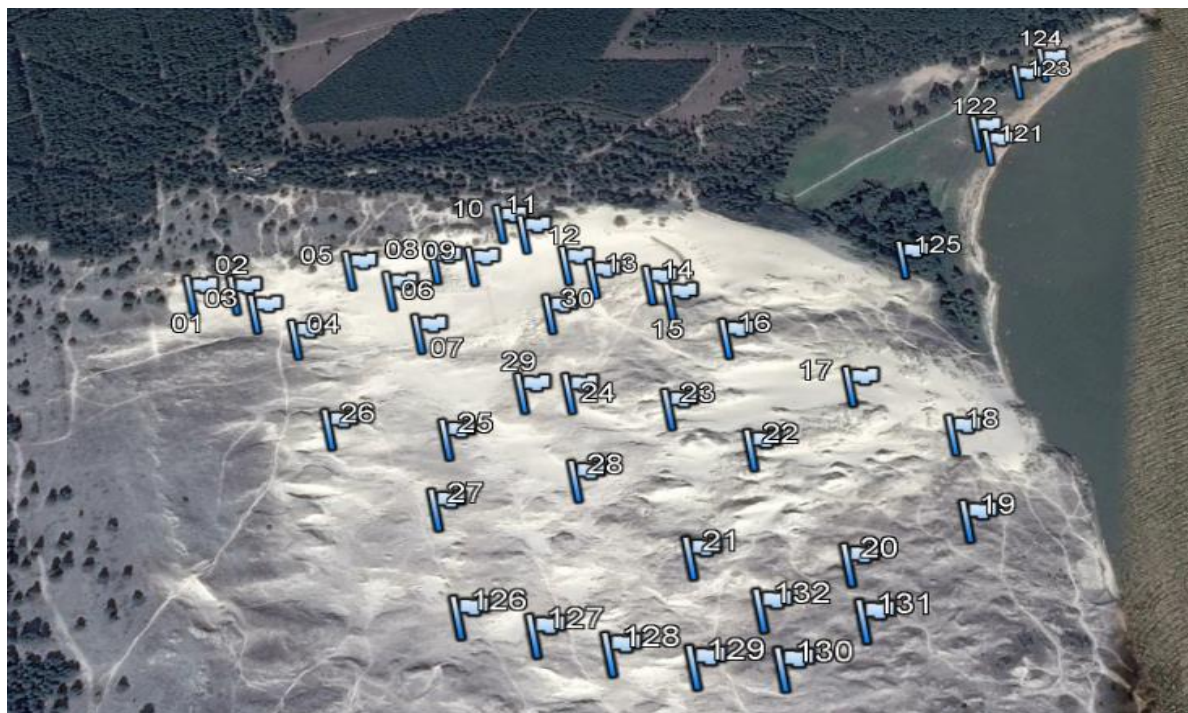
Średnia roczna temperatura wynosi 7°C, z temperaturą maksymalną w czerwcu +31°C i minimalną w styczniu -26°C. Średnia roczna suma opadów wynosi 660 mm, z maksimum w okresie od października do stycznia. Ogólna liczba słonecznych dni w ciągu roku jest wyższa niż na kontynencie. Przeważają wiatry zachodnie i południowo-zachodnie, przy czym mogą one mieć prędkość przekraczającą 15 m/s. Grzbiety zalesionych wydm, które szybko się nagrzewają w okresie letnim, wpływają na podwyższoną temperaturę powietrza w tym miejscu i mniejszą wilgotność względną.

Te specyficzne warunki klimatyczne, wraz z występującymi rodzajami gleb (torfowe i piaski mokre oraz suche) wpływają na niepowtarzalność i zróżnicowanie roślinności tego obszaru. Na mierzei rośnie 31 rzadkich, chronionych roślin wymienionych w Czerwonej Księdze Gatunków Zagrożonych Litwy. Większość gatunków jest zagrożona w skali regionalnej i państwowej, a kilka w skali światowej (UNESCO World Heritage Nomination. Curonian spit. 1999).

Część południowa mierzei należy do Federacji Rosyjskiej, w ramach Obwodu Królewieckiego. W części północnej, należącej do Republiki Litewskiej, wyznaczono dwa obszary wydmowe, z których pobrano próby gleby wraz z korzeniami roślin wydm piaszczystych. Oba miejsca leżą na terenie Parku Narodowego Kursiu Nerija. Pole pierwsze, położone na południe od drugiego pola, o długości około 1 km i szerokości 750 m (55°17'37.08"N, 20°59'37.08"E - 55°17'15.40"N, 20°59'25.94"E), przynależy do obszaru nazwanego Parnidis kopa (Parnidis dune), niedaleko miejscowości Nida wraz z częścią wybrzeża od strony Zalewu Kurońskiego. Pole to może być odwiedzane przez turystów pod warunkiem poruszania się po wyznaczonych ścieżkach. Pole drugie, o długości około 5,4 km i szerokości 1,2 km (55°28'46.61"N, 21°06'24.97"E - 55°26'00.82"N, 21°04'48.27"E), znajdują się na północ od miejscowości Pervalka, na terenie rezerwatu ścisłego Naglis, chronionego przed ingerencją człowieka. Pieszce wędrowki są tam zakazane.

5.2. Flora Mierzei Kurońskiej. Roślinność obu tych terenów zawiera gatunki roślin odpornych na suszę i zasypywanie piaskiem, które potrafią się zaadaptować do wzniesień

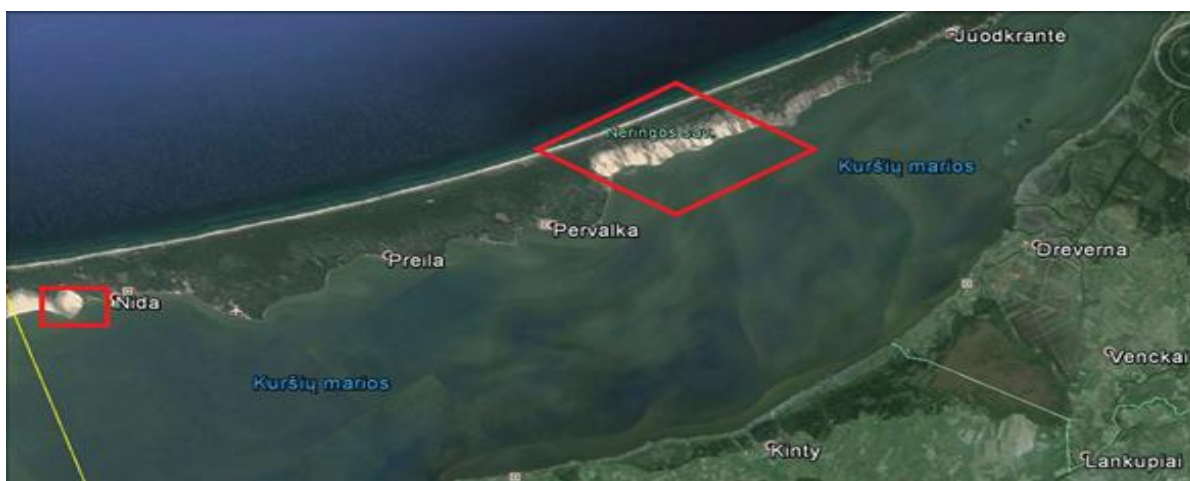
odsłoniętych na działanie wiatru i słońca. Wydmy w części Mierzei należącej do Litwy dzielą się na białe, które stanowią 60% obszaru, i szare, które stanowią 40% terenu. Na wydmach białych dominują rośliny naczyniowe, które rosną zwykle w skupiskach na zboczach wzniesienia. Charakterystyczny jest tu brak wykształconej gleby i rzadkie pokrycie roślinnością. Na wydmach szarych pokrycie jest większe, przez co podłoże jest stabilniejsze i, oprócz roślin naczyniowych, powszechnie występują mszaki i porosty. Pod względem fitosocjologicznym roślinność tych wydm jest zaliczana do klasy *Koelerio-Corynephoretum*. Jest ona wyjątkowo wrażliwa na uszkodzenia powodowane przez ludzi, zwierzęta i pojazdy (Kalinauskaite, Laaka-Lindberg 2013).



Ryc. 1. Miejsca poboru prób (oznaczone niebieską chorągiewką wraz z numerami prób) na polu pierwszym.



Ryc. 2. Miejsca poboru prób na polu drugim.



Ryc. 3. Usytuowanie pola pierwszego i drugiego względem siebie.



Fot. 1. Pasma wydm białych i szarych Mierzei Kurońskiej (Fot. Anna Kozłowska, 2013).

5.3. Badania polowe

Pod koniec września 2013 roku zebrano 132 prób korzeni, każda o masie 3–5 gramów, i gleby ryzosferowej o objętości około 300 ml. Z pola pierwszego pochodziło 42 próby, a z drugiego 90; położenie punktów poboru określono za pomocą GPS i oznaczono na zdjęciach satelitarnych przedstawionych wyżej za pomocą narzędzia Google Earth. Sześćdziesiąt sześć prób (50%) zebrano spod *Ammophila arenaria*, 25 (19%) spod *Viola littoralis*, 23 (17%) spod *Hieracium umbellatum*, 13 (9%) spod *Linaria loeselli* i 5 (4%) spod *Lathyrus japonicus* ssp. *maritimus*. Wszystkie wybrane gatunki roślin są halofitami charakterystycznymi dla wydm południowego wybrzeża Morza Bałtyckiego. *Ammophila arenaria* i *H. umbellatum* wybrano do badań, ponieważ występują one często na badanym terenie i powszechnie tworzą związki symbiotyczne z AGM. Pozostałe rośliny wybrano, ponieważ są gatunkami charakterystycznymi na badanym terenie i/lub są zagrożone lub bliskie zagrożenia. Rośliny zidentyfikowano na podstawie klucza dostępnego na stronie (<https://atlas-roslin.pl>).

Piaskownica zwyczajna (*Ammophila arenaria*) jest wykorzystywana do stabilizowania wydm, co najmniej od lat pięćdziesiątych XX wieku (Kidson, Carr 1960). Związane jest to z jej wysoką ekspansywnością i znakomitą dostosowaniem do warunków, jakie panują w nadmorskich ekosystemach Europy, Azji i Afryki. Jej trwanie w tych niekorzystnych warunkach wynika z tworzenia podziemnych rozłogów z rozbudowanym systemem korzeniowym i ze skłonnością do tworzenia mykoryz arbuskularnych.



Fot. 2. Piskownica zwyczajna (Fot. A. Kozłowska, jesień 2013).

Jednak zbyt intensywna introdukcja piskownicy wiąże się z utratą bioróżnorodności (Pickart 2021). Na badanym terenie gatunek tworzył skupiska losowo rozmieszczone głównie na wydmach białych, rzadziej na wydmach szarych i był najczęściej występującym tam gatunkiem.

Groszek nadmorski (*Lathyrus japonicus* ssp. *maritimus*) występował jedynie na wąskim fragmencie wybrzeża, tuż przy podnóżu wydmy Parnidis, w obrębie pola pierwszego. Znalaziono pięć okazów tego podgatunku, który jest wpisany do polskiej czerwonej listy, jako bliski zagrożenia (NT) (Kaźmierczakowa et al. 2016).

Lnica wonna (*Linaria odora*) jest endemitem, rośliną rzadką, chronioną i charakterystyczną dla wybrzeża Bałtyku. Gatunek ten preferuje siedliska nasłonecznione i piaszczyste podłoże, a więc takie, którymi są wydmy białe Mierzei Kurońskiej. Lnica jest wpisana na polską czerwoną listę roślin i grzybów oraz jest objęta ścisłą ochroną gatunkową. Głównym zagrożeniem dla tego gatunku jest zanikanie siedlisk przez stabilizowanie wydmy, z powodu zarówno naturalnych procesów sukcesji, jak i np. nasadzenia roślin, w tym drzew iglastych. Innym ważnym zagrożeniem jest turystyka prowadząca do rozdeptywania wydmy (Braun 2012).



Fot. 3. Lnica wonna (Fot. Anna Kozłowska, jesień 2013).

Viola littoralis to gatunek fiołka, który nie ma polskiej nazwy zwyczajowej. Występuje wyłącznie w rejonie nadbałtyckim, na piaszczystych wybrzeżach i wydmach Litwy, Łotwy oraz Estonii. Jest gatunkiem chronionym i rzadkim (<https://www.latvijasdaba.lv/augi/viola-littoralis-spreng/>). Rośnie w obrębie wydm szarych, pojedynczo lub w skupiskach. Na badanym terenie występują bardzo rzadko (Kalinauskaite, Laaka-Lindberg 2013)



Fot. 4. *Viola littoralis* (Fot. Anna Kozłowska, jesień 2013).

Jastrzębiec baldaszkowy (*Hieracium umbellatum*) występuje nie tylko na wydmach, ale pospolicie rośnie na całym terenie Europy. W czasie poboru prób na wydmach Mierzei Kurońskiej była, obok piaskownicy zwyczajnej, najczęściej występującą rośliną, spotykaną głównie na wydmach szarych.



Fot. 5. Jastrzębiec baldaszkowy (Fot. Anna Kozłowska, jesień 2013).

5.3.1. Pobór prób

Jak ilustruje Ryc. 1. i 2., pobór prób był losowy, choć uzależniony od występowania wymienionych wyżej roślin. Każda próba składa się z około 300 ml gleby pobranej ze strefy aktywnie rosnących korzeni, z głębokości około 30 cm, w zależności od umiejscowienia korzeni danej rośliny. Próby zostały zebrane za pomocą niewielkiej łopatkę ogrodniczej, pod

koniec września 2013 roku. Każdą próbę oznaczono i przewieziono w woreczku strunowym do laboratorium. W laboratorium zebrany materiał wysuszono w temperaturze pokojowej.

5.4. Hodowla arbuskularnych grzybów mykoryzowych

Zakładanie kultur pułpkowych i jednogatunkowych odbywało się zgodnie z procedurą zaproponowaną przez Mortona et al. (1993), z niewielkimi modyfikacjami. W laboratorium z każdej polowej próby odmierzone 100 g mieszaniny gleby i korzeni, która posłużyła do założenia kultur pułpkowych. W polipropylenowych wazonach o wysokości 9 cm ułożono warstwami kolejno 400 ml żwiru kwarcowego (grubość ziaren 1–3 mm), odmierzoną próbę gleby, ponownie cienką warstwę żwiru i cienką warstwę piasku (grubość ziaren 0,1–0,3 mm), która została obsiana nasionami babki lancetowatej (*Plantago lanceolata* L.) i spryskana wodą destylowaną za pomocą atomizera. Nasiona, żwir i piasek zostały wcześniej wysterylizowane. Tak przygotowane kultury przykryto folią, a po skiełkowaniu nasion zostały one przeniesione do szklarni, gdzie naświetlano je lampami sodowymi SON-T AGRO (Philips Lighting Poland S.A.), umieszczonymi na wysokości jednego metra nad wazonami, przez osiem do szesnastu godzin dziennie. Rośliny podlewano dwa do trzech razy tygodniowo niewielką ilością wody wodociągowej i utrzymywano w temperaturze 15–30° C, nie stosując nawożenia.

5.5. Izolacja zarodników i zakładanie kultur jednogatunkowych

Po około sześciu miesiącach hodowli rozpoczęto przeglądanie kultur pułpkowych i z wyizolowanych, morfologicznie identycznych zarodników, zakładano kultury jednogatunkowe, oddzielnie dla każdego morfotypu AGM. Izolacja zarodników odbywała się zgodnie z metodami zaproponowanymi przez Gerdemanna i Nicolsona (1963) oraz Błaszковского et al. (2015b) przez:

1. Umieszczenie 100 gram wcześniej wysuszonej gleby w zlewce, zalanie jej litrem wody wodociągowej i umieszczenie na przynajmniej 12 godzin w lodówce w temperaturze 4°C.
2. Intensywnie mieszanie zawiesiny wodnej gleby szklaną bagietką przez około 30 sekund, po czym pozostawienie zawiesiny bez mieszania przez około 30 sekund w celu odizolowania ciężkich cząstek organicznych i nieorganicznych.
3. Przelanie mieszaniny bez osadu przez sita o oczkach o średnicy 0,5 mm (górne sito) i 0,45 mm (dolne sito), ułożone jedno na drugim.
4. Zmycie osadu z obu sit do szalki Petriego (śr. 100 mm) za pomocą tryskawki.
5. Przenoszenie pojedynczych zarodników i sporokarpów za pomocą igły preparacyjnej lub pipety do kropli kwasu mlekowego (w celu ich identyfikacji morfologicznej) lub pojemnika z wodą (w celu założenia kultur jednogatunkowych i do badań molekularnych).
6. Umieszczenie próby gleby w około 48% wodnym roztworze sacharozy i kolekcjonowanie wynurzających się zarodników i sporokarpów z powierzchni zawiesiny za pomocą igły preparacyjnej (Błaszkowski et al. 2015b).

Kultury jednogatunkowe zakładano wykorzystując 50–100 zarodników wyekstrahowanych z kultur pułpkowych, które wcześniej przechowywano w wodzie wodociągowej, w temperaturze 4°C przez 24 godziny. Następnie zarodniki przenoszono za pomocą pipety do dołka o głębokości około 1,5 cm, utworzonego w autoklawowanym piasku gruboziarnistym (substrat wzrostowy) umieszczonym w styropianowych wazonach o wysokości 10 cm. Dołek przysypano niewielką ilością substratu, po czym jego powierzchnię obsiano nasionami *Plantago lanceolata*. Tak utworzone kultury umieszczano w woreczkach strunowych, które miały za zadanie zapobiegać kontaminacji kultur zarodnikami innych AGM.

5.6. Identyfikacja morfologiczna AGM

W identyfikacji uwzględniono zarówno zarodniki wyekstrahowane z prób polowych, jak i kultur pułpkowych. Rozpoznawanie i charakteryzowanie morfologiczne AGM

przeprowadzono na podstawie 50–100 zarodników, które umieszczano w mieszaninie wody, kwasu mlekowego i PVLG (Omar et al. 1979) oraz mieszaninie PVLG i odczynnika Melzera w proporcji jeden do jednego (Tab. 1, 2).

Tabela 1. Skład odczynnika PVLG.

Składnik	Ilość w mililitrach lub gramach
Woda destylowana	100 ml
Kwas mlekowy	100 ml
Glicerol	10 ml
Polialkohol winylowy PVA, PVAL lub PVOH	16,6 g

Tabela 2. Skład odczynnika Melzera.

Składnik	Ilość w mililitrach lub gramach
Wodzian chloralu	100 g
Woda destylowana	100 ml
Jod	1,5 g
Jodek potasu	5,0 g

Zarodniki przykrywano szkiełkiem nakrywkowym i kruszono przez naciskanie szkiełka igłą preparacyjną w celu rozwarstwienia ściany zarodnika i scharakteryzowania ich własności fenotypowych oraz histochemicznych. Tak przygotowane preparaty inkubowano w cieplarni w temperaturze 65°C przez 24 h (Symanczik et al. 2014) w celu ich spłaszczenia, ułatwiającego fotografowanie. Do obserwacji preparatów użyto mikroskopu świetlnego OLYMPUS BX50 z kontrastem interferencyjnym Nomarskiego. Zarodniki fotografowano kamerą Sony 3CCD sprzężoną z mikroskopem. Kolor zarodników określano pod mikroskopem stereoskopowym, gdy zarodniki były zanurzone w wodzie, używając atlasu kolorów (Kornerup, Wanscher 1983). Własności fenotypowe i histochemiczne warstw ściany zarodników i innych struktur określano według definicji zawartych w pracy Błaszczkowskiego (2012). Nazewnictwo grzybów przedstawiono zgodnie z nazewnictwem używanym przez Index Fungorum <http://www.indexfungorum.org/AuthorsOfFungalNames.html> (dostęp 30.10.2022). Okazy wszystkich wyizolowanych gatunków są przechowywane w Katedrze Kształtowania Środowiska Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie.

5.7. Identyfikacja molekularna AGM

W badaniach molekularnych AGM użyto zarodników o jednolitej morfologii, które pochodziły z jednogatunkowych kultur. Badania te obejmowały przygotowanie matrycy DNA, reakcję PCR (ang. Polymerase chain reaction), oczyszczanie uzyskanego produktu PCR, klonowanie, sprawdzenie skuteczności klonowania za pomocą PCR M13 i sekwencjonowanie.

5.7.1. Przygotowanie matrycy DNA. Matrycę przygotowano z genomowego DNA wyekstrahowanego na ogół z 5–10 zarodników przez ich skruszenie na sterylnym szkiełku mikroskopowym. Następnie do skruszonych zarodników dodano 10 mikrolitrów buforu TE. Tak przygotowaną mieszaninę przenoszono do probówek 0,2 ml i prowadzono dalsze etapy analiz lub przechowywano w -20°C, gdy analizy wykonywano później lub celu zachowania materiału badawczego (takie przechowywanie pozwala prowadzić dalsze badania nawet po trzech latach). W przypadkach, gdy nie można było uzyskać produktu PCR, zawieszinę ze skruszonych zarodników oczyszczano zestawem Dneasy Plant Mini Kit (Qiagen). Obecność i

stężenie uzyskanego DNA genomowego określano za pomocą spektrofotometru Nanodrop Lite (Thermo Fischer Scientific). Gdy podejrzewano, że przyczyną trudności z uzyskaniem produktu PCR były związki fenolowe wytwarzane przez korzenie roślin, stosowano dodatkowo Anty-inhibitor Kit (A&A Biotechnology).

5.7.2. Otrzymywanie sekwencji 18S-ITS-28S nuc rDNA i *RPB1*

Sekwencje *SSU-ITS-LSU*. W celu otrzymania sekwencji z segmentu jądrowego rDNA, obejmującego część genu SSU, region ITS (ITS1, 5.8S i ITS2, całość) i część genu LSU, zastosowano technikę zagnieżdżonego PCR (ang. nested PCR), w której produkt pierwszej reakcji PCR stanowi matrycę dla drugiego PCR, zgodnie z protokołem (Krüger et al. 2009). Jedynym odstępstwem od protokołu było użycie BSA (ang. bovine serum albumine), które zwiększa wydajność reakcji przy matrycach o niskiej czystości. Reakcje przeprowadzono w termocyklerze TPersonal 48-Biometra (Biometra GmbH) lub Galaxy XP Cycler (Bioer Technology). Zastosowane odczynniki i warunki reakcji dla pierwszego i drugiego PCR przedstawiono w tabeli 3.

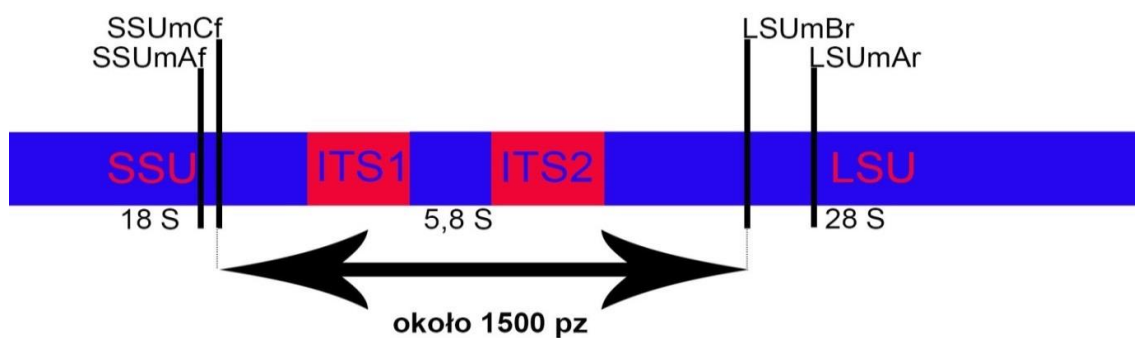
Tabela 3. Odczynniki i warunki zastosowane w reakcji PCR.

Odczynnik	Ilość odczynnika dla jednego powtórzenia [μl]	Warunki reakcji	Kolejność reakcji PCR
Phusion High-Fidelity DNA polymerase mastermiks	10	5-minutowa wstępna denaturacja w 99°C, 40 cykli (10 s denaturacji w 99°C, 30 s przyłączania starterów w 60°C, 60 s elongacji starterów w 72°C) na końcu 10 minut elongacja w 72°C	Pierwsza reakcja nested PCR
Woda wolna od nukleaz	6		
Miks starterów SSUmAf (stężenie 0,5 μl)	1		
Miks starterów LSUmAr (stężenie 0,5 μl)	1		
BSA (ang. Bovine serum albumine)	0,1		
Matryca z genomowego DNA zawieszona w buforze TE	2		
Phusion High-Fidelity DNA polymerase mastermiks	10	5-minutowa wstępna denaturacja w 99°C, 30 cykli (10 s denaturacji w 99°C, 30 s przyłączania starterów w 66°C, 60 s elongacji starterów w 72°C) na końcu 10 minut elongacji w 72°C	Druga reakcja nested PCR
Woda wolna od nukleaz	3		
Miks starterów SSUmCf	1		
Miks starterów LSUm Br	1		
BSA (ang. Bovine serum albumine)	0,1		
Matryca DNA będąca produktem pierwszej reakcji rozcieńczonym z wodą wolną od nukleaz w stosunku 1:100	5		

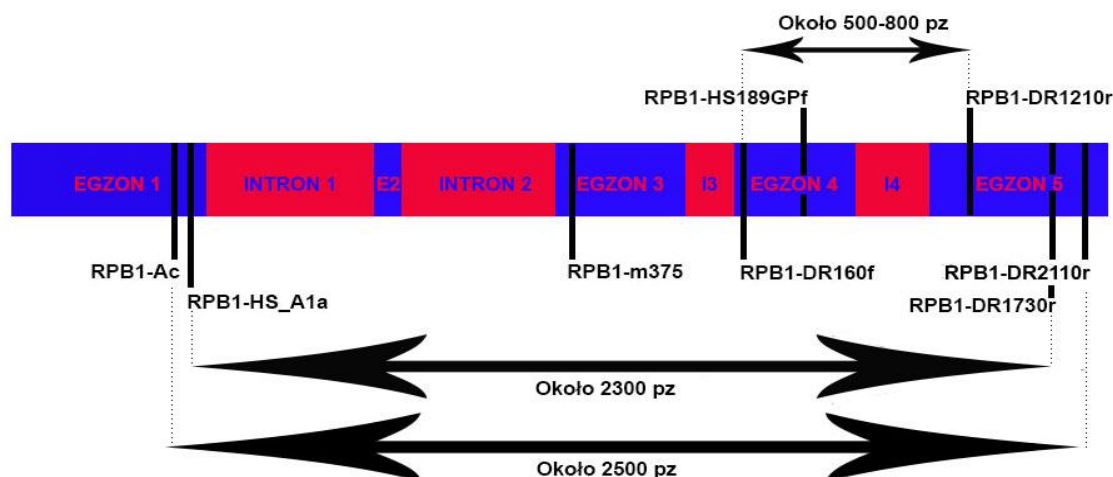
Nazwy zastosowanych starterów wraz z ich sekwencją znajdują się w tabeli 4.

Tabela 4. Charakterystyka starterów użytych dla otrzymania sekwencji SSU-ITS-LSU.

Mix starterów	Startery składowe	Sekwencja (5'-3')	Typ startera	Kolejność w nested PCR
SSUmAf	SSUmAf1	TGGGTAATCTTTTGAAACTTYA	Przedni (forward)	Pierwsza reakcja nested PCR
	SSUmAf	TGGGTAATCTTRTGAAACTTCA		
LSUmAr	LSUmAr1	GCTCACACTCAAATCTATCAAA	Wsteczny (reverse)	
	LSUmAr2	GCTCTAACTCAATTCTATCGAT		
	LSUmAr3	TGCTCTTACTCAAATCTATCAAA		
	LSUmAr4	GCTCTTACTCAAACCTATCGA		
SSUmCf	SSUmCf1	TCGCTCTTCAACGAGGAATC	Przedni (forward)	
	SSUmCf2	TATTGTTCTTCAACGAGGAATC		
	SSUmCf3	TATTGCTCTTNAACGAGGAATC		
LSUmBr	LSUmBr1	AACACTCGCATATATGTTAGA	Wsteczny (reverse)	
	LSUmBr2	AACACTCGCACACATGTTAGA		
	LSUmBr3	AACACTCGCATAACATGTTGA		
	LSUmBr4	AAACACTCGCACATATGTTAGA		
	LSUmBr5	AACACTCGCATATATGCTAGA		

**Ryc. 4.** Struktura sekwencji SSU-ITS-LSU nrDNA wykorzystywanych w barkodowaniu AGM z zaznaczonymi miejscami przyłączenia starterów.

Sekwencje *RPB1*. Otrzymanie sekwencji największej podjednostki polimerazy II RNA (ang. Largest subunit of RNA polymerase II; *RPB1*) wymagało użycia specyficznych starterów w zależności od przynależności rodzajowej analizowanych AGM, którą określono na podstawie analiz sekwencji SSU-ITS-LSU. Dlatego rodzaj zastosowanych starterów i warunki reakcji PCR były różne dla różnych morfotypów AGM (Tab. 5).



Ryc. 5. Struktura sekwencji *RPB1* wykorzystywanych w barcodingu AGM.

W zależności od zastosowanych starterów, uzyskiwane sekwencje miały długość od około 500–2500 par zasad. Dłuższe sekwencje *RPB1* pokrywały część pierwszego egzonu, całość egzonów drugiego, trzeciego i czwartego oraz część egzonu piątego, wraz z całością intronów od pierwszego do czwartego. Krótsze sekwencje odpowiadały całości intronu czwartego i części egzonów trzeciego i czwartego. Rodzaj zastosowanych starterów i warunki reakcji opisano w tabeli 5., zaś sekwencje i kolejność stosowania starterów w tabeli 6.

Tabela 5. Charakterystyka starterów i warunki reakcji użytych dla otrzymania sekwencji *RPB1*.

Rodzaj zarodników	Nazwa robocza morfotypu	Zastosowane startery	Warunki reakcji
Glomoidalne	Gl-324	RPB1-HS_A1a i RPB1-DR1730r	98°C-30" 3x (98°C-10", 63°C -30", 72°C - 1'), 3x (98°C-10", 61°C -30", 72°C - 1'), 36x (98°C-10", 63°C -30", 72°C - 1'), 72°C- 10', 16°C
Glomoidalne	Gl- 327	RPB1-Ac, RPB1-DR2110r (1. reakcja PCR), RPB1-HS_A1a, RPB1-DR1730r (2. Reakcja PCR)	98°C-30" 3x (98°C-20", 63°C -30", 72°C - 1'), 3x (98°C-20", 61°C -30", 72°C - 1'), 30x (98°C-20", 60°C -30", 72°C - 1'), 72°C- 10', 16°C (1. reakcja PCR) 98°C-30" 3x (98°C-10", 63°C -30", 72°C - 1'), 3x (98°C-10", 61°C -30", 72°C - 1'), 36x (98°C-10", 58°C -30", 72°C - 1'), 72°C- 10', 16°C (2. reakcja PCR)
Glomoidalne	Gl- 331	RPB1-HS_A1a oraz RPB1-DR1730r	98°C-30" 3x (98°C-10", 63°C -30", 72°C - 1'), 3x (98°C-10", 61°C -30", 72°C - 1'), 36x (98°C-10", 63°C -30", 72°C - 1'), 72°C- 10', 16°C

Tabela 5, cd.

Glomoidalne	Gl- 332	RPB1-DR160fmix (a,b,c,d) oraz RPB1_HS2680G Pr (1. reakcja PCR), RPB1-HS189GPf oraz RPB1-DR1210r (2. Reakcja PCR)	98°C-30" 40x (98°C-10", 57°C - 20", 72°C - 45"), 72°C- 10', 16°C (1. reakcja PCR) 98°C-30" 36x (98°C-10", 59°C - 20", 72°C - 20"), 72°C- 10', 16°C (2. reakcja PCR)
Glomoidalne	Gl- 336	RPB1-DR160fmix (a,b,c,d) oraz RPB1_HS2680G Pr (1. reakcja PCR), RPB1-HS189GPf oraz RPB1-DR1210r (2. Reakcja PCR)	98°C-30" 40x (98°C-10", 57°C - 20", 72°C - 45"), 72°C- 10', 16°C (1. reakcja PCR) 98°C-30" 36x (98°C-10", 59°C - 20", 72°C - 20"), 72°C- 10', 16°C (2. reakcja PCR)

Tabela 6. Kolejność stosowania starterów dla otrzymania sekwencji *RPB1*.

Starter nazwa	Sekwencja (5'–3')	Typ starteru	Kolejność w reakcji nested PCR
RPB1-Ac	GARTGYCCDGGDCAYYTTYGG	Forward przedni	I i II
RPB1-DR2110r	ACAACAGCTTGACATCCRTT	Rewerse tylni	I i II
RPB1-HS_A1a	CACATAGAACTAGCWAAACC AGTA	Forward przedni	I
RPB1-DR1730r	CAAATTGTCCGAATTTATACC T	Rewerse tylni	I
RPB1-DR160fa	CCSAGTATTCAAATGGAYGG	Forward Przedni	I
RPB1-DR160fb	CCAAGCATCCAAATGGACGG	Forward przedni	I
RPB1-DR160fc	CCAAGTATACAAATGGATGG	Forward przedni	I
RPB1-DR160fd	CCGAGTATTCAGATGGACGG	Forward przedni	I
RPB1_HS2680 GPr	AATTACCTTCACGACCACCCA	Reverse tylni	I
RPB1- HS189GPf	GTGGAGAAGATGATTTGACA C	Forward przedni	II
RPB1-DR1210r	GACCCATCATTGACATTTTRT G	Reverse tylni	I i II
RPB1- HSm375_A	GCCTTCGCGCTGTTTGG	Forward przedni	I

Tabela 6, cd.

RPB1- HSm375_B _wobbel	GTCTTCGYGCGGTATGG	Forward przedni	I
RPB1- HSm375_C	CGTAGACTCAAGGCTGTATGG	Forward przedni	I
RPB1- HSm375_D	CCGTCTCAAAGCTGTATGG	Forward przedni	I
RPB1- HSm375_E	TCGTCTCCGTGCAGTATGG	Forward przedni	I
RPB1- HSm375_F	TCGACTCATAGCTGTGTGG	Forward przedni	I
RPB1- HSm375_G	CGTCTTCGTGCAGTTTGG	Forward przedni	I

5.7.3. Rozdział elektroforetyczny i wizualizacja produktów PCR. Po każdej reakcji PCR rozdział elektroforetyczny przeprowadzano identycznie dla każdego rodzaju sekwencji z wykorzystaniem jednocentowego żelu agarozowego z buforem 1X TAE barwionym MidoriGreen (Genetics). Czas rozdziału wynosił 30 min przy napięciu 110 V i natężeniu prądu 11 W. Długość uzyskanych produktów określano przez użycie w elektroforezie wzorca Fast Ruler (Thermo Fischer Scientific).

5.7.4. Oczyszczanie produktu PCR. Oczyszczanie produktu PCR przeprowadzano z pomocą zestawu Wizard SV Gel, zgodnie z instrukcją dla tego zestawu, dodając wodę wolną od nukleaz (50 µl) w końcowej fazie elucji. Stężenie uzyskanego DNA sprawdzono używając Nanodropa. Produkty o odpowiedniej czystości i stężeniu przynajmniej 10 ng/µl przeznaczono do klonowania, gdy było to potrzebne do uzyskania sekwencji o długości powyżej 1000 pz, czyli w większości przypadków. Produkty o długości poniżej 1000 pz (sekwencje *RPB1* o długości 500/600 pz), po oczyszczeniu, były bezpośrednio wysyłane do sekwencjonowania.

5.7.5. Klonowanie. Klonowanie przeprowadzano za pomocą zestawu TOPO TA Cloning Kit for Sequencing, firmy Invitrogen i z zastosowaniem bakterii chemicznie kompetentnych *Escherichia coli* One Shot Top10. Procedurę zrealizowano zgodnie z zaleceniami producenta z pewnymi wyjątkami i uściśleniami wynikającymi z potrzeby optymalizacji. W mieszaninie ligacyjnej proporcja wektora do insertu wynosiło 1:1, czas inkubacji mieszaniny w temperaturze pokojowej wydłużono z 5 do 30 minut. Transformację bakterii przeprowadzono za pomocą szoku cieplnego w 42°C, a czas ich inkubacji po szoku został wydłużony z 30 do 80 minut. Selekcję kolonii przeprowadzono na stałych pożywkach różnicujących LB-Agar Miller (A&A Biotechnology) z dodatkiem kanamycyny, X-gal i IPTG tego samego producenta. Białe kolonie zawierające plazmid wraz z insertem przeszczepiano na pożywkę płynną LB (Luria Broth, A&A Biotechnology) z dodatkiem kanamycyny w stężeniu 50 µg/mL i inkubowano przez noc w 37°C.

5.7.6. Izolacja DNA plazmidowego. Po całonocnej hodowli na pożywkach płynnych bakterie wirowano przez trzy minuty przy 9 000 rpm (ang. rounds per minute, jednostka miary częstotliwości obrotu) w celu oddzielenia pożywki, którą zlewano z osadu, od mikroorganizmów.

Z tak wstępnie przygotowanych bakterii izolowano plazmidy. Oczyszczanie plazmidów przeprowadzono za pomocą zestawu Plasmid Mini (A&A Biotechnology), postępując zgodnie z instrukcją. W końcowej elucji zastosowano wodę wolną od nukleaz (ze względu na

wymagania LGC Genomics). Stężenie DNA oczyszczonych plazmidów sprawdzano przy pomocy Nanodropa, a obecność insertu w plazmidach przy pomocy reakcji PCR M13.

5.7.7. PCR M13. W PCR M13 stosowane są startery M13-21f (5'- TGT AAA ACG ACG GCC AGT-3') i M13-29r (5'-CAG GAA ACA GCT ATG ACC-3'), które przyłączają się do sekwencji plazmidu, okalających miejsce wstawienia insertu. Produkty tej reakcji są poddawane elektroforezie i ocenie długości produktu z wzorcem, tzw. drabinką DNA. Produkty o długości podobnej do insertu, świadczą o sukcesie w klonowaniu danej sekwencji. W tabeli 7. podano użyte w reakcji odczynniki i proporcje w odniesieniu do jednego powtórzenia reakcji PCR M13.

Tabela 7. Odczynniki użyte w reakcji PCR M13.

Odczynnik	Ilość odczynnika dla jednego powtórzenia [μl]
DreamTaq Green DNA Polymerase	10
Woda wolna od nukleaz	6
Starter M13-21f	1
Starter M13-29r	1
BSA (Bovine Serum Albumine)	0,1

5.7.8. Sekwencjonowanie. Sekwencjonowanie obu typów barcodów (SSU-ITS-LSU, *RPB1*) zlecano LGC Genomics w Berlinie (<http://www.lgcgenomics.com>) i było ono przeprowadzone metodą Sanger. Ponieważ w jednym podejściu możliwe było zsekwencjonowanie odcinków długości do około 1000 par zasad, otrzymanie sekwencji *RPB1* z ponad dwoma tysiącami par zasad wymagało zastosowania dodatkowego startera do zsekwencjonowania środka barcodu; był to zwykle starter *RPB1-m375_E* (TCGTCTCCGTGCAGTATGG). W pozostałych przypadkach starter zaprojektowany był specjalnie na tę okazję, na podstawie cząstkowo uzyskanych sekwencji. Wszystkie dane poddano wstępnej obróbce, wycinając fragmenty odczytów, które odpowiadały sekwencji plazmidu za pomocą narzędzia VecScreen (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/vecsreen/>). Sprawdzono również jakość sekwencjonowania za pomocą chromatogramów w programie FinchTV i przyrównywano oraz składano nici komplementarne w programie Geneious Pro 4.8.5. Najlepsze jakościowo sekwencje zostały zdeponowane w bazie GenBank (baza sekwencji NCBI).

5.7.9. Analizy filogenetyczne. Wykorzystując algorytm BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) sprawdzano przynależność sekwencji badanych morfotypów do gromady Glomeromycota (Zhang et al. 2000). BLAST pozwala ustalić podobieństwo do poznanych już gatunków należących do tego taksonu. Podobieństwo wewnątrzgatunkowe sprawdzono za pomocą programu Geneious. Analizy filogenetyczne przeprowadzono stosując oba typy sekwencji uzyskanych w analizach molekularnych. Zestawy sekwencji, w liczbie 2–5 dla każdego gatunku, uzupełniano opublikowanymi sekwencjami dostępnymi w GenBank, tak aby reprezentowały one jak największą liczbę najbliższych spokrewnionych taksonów, co pozwala na trafne ustalenie pozycji taksonomicznej badanego AGM. Analizy filogenetyczne przeprowadzano metodami największej wiarygodności (ang. maximum likelihood, ML) i przez wnioskowanie Bayesowskie (ang. Bayesian inference, BI). Oba zestawy sekwencji, zarówno dla barkodu *RPB1*, jak i SSU-ITS-LSU przyrównywano osobno za pomocą programu MAFFT v.7, z zastosowaniem opcji auto (<http://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>).

W przypadku sekwencji SSU-ITS-LSU, indele (czyli insercje lub delecje w sekwencji) kodowano za pomocą tzw. „prostego algorytmu kodowania indeli” (Simmons et al. 2001), zaimplementowanego w GapCoder (Young, Healy 2003). Program ten zamienia wszystkie indele do binarnych znaków obecności „1”, jej braku „0”, albo jako nie do zastosowania „-”. Jeśli jeden lub więcej mniejszych indeli pokrywały się w całości z indelami dłuższymi, zostały

zakodowane jako nie do zastosowania. Gdy w przyrównaniu początek i koniec sekwencji nie pokrywały się całkowicie, tj. na jej początku lub końcu znajdowały się luki, kodowane były one jako dane brakujące. Dane te dodano do przyrównań, co wpływa na większą trafność analiz filogenetycznych (Nagy et al. 2012).

Analizy Bayesowskie (BI) sekwencji *RPBI* i *SSU-ITS-LSU* przeprowadzono za pomocą programu MrBayes 3.1.2 (Huelsenbeck, Ronquist 2001; Ronquist, Huelsenbeck 2003).

W przypadku sekwencji *RPBI*, zastosowano model GTR substytucji nukleotydów, określony do użycia przez program jModelTest (Posada 2008), który brał pod uwagę kryterium selekcji Akaike. W analizach BI cztery łańcuchy Markowa ustawiono na 5 000 000 generacji z próbkowaniem co 100 kroków i wypaleniem pierwszych 7500 drzew.

Metodę największej wiarygodności (ML) dla sekwencji *RPBI* przeprowadzono za pomocą programu raxmlGUI (Silvestro, Michalak 2012) z implementacją RAxML (Stamatakis 2014) i algorytmem GTRGAMMA. Wsparcie gałęzi drzew filogenetycznych oszacowano metodą samopróbkowania (ang. bootstrap) na podstawie 1000 powtórzeń.

W przypadku sekwencji *SSU-ITS-LSU*, przed analizami najlepszy model substytucji dla przyrównania wybierano za pomocą kryterium Akaike (AIC), przy użyciu programu Topali v. 2.5 (Milne et al. 2004). W obu analizach BI i ML zastosowanym modelem był GTR+G. Analizy ML przeprowadzono przy pomocy programu PHYLIM (Guindon, Gascuel 2003), używając opcji z sześcioma kategoriami substytucji i zoptymalizowanymi topologią oraz długością ramion drzew filogenetycznych. Wsparcie dla gałęzi w analizach ML określono metoda samopróbkowania na podstawie tysiąca powtórzeń. W analizie BI łańcuch Markowa miał 5 000 000 generacji z próbkowaniem co 500 kroków i wypaleniem co 3000.

Drzewa filogenetyczne zobrazowano i edytowano w programie MEGA 5 (Tamura et al. 2013). Zostały one ukorzenione przez przyrównanie z sekwencją kladu najbardziej spokrewnionego z analizowanymi barkodami.

6. Obliczenia statystyczne. Zebrane dane liczbowe dotyczące występowania i obfitości zarodnikowania danego morfotypu, w każdej próbie gleby polowej i kulturze pułapkowej, oraz położenie geograficzne tych morfotypów i ich gatunków roślin gospodarzy zapisano w postaci arkusza Excel.

W arkuszu obliczono bogactwo morfotypowe (suma gatunków wyizolowanych z prób polowych i pułapkowych), częstotliwości występowania gatunków (procent prób, w których występował dany gatunek), obfitość zarodnikowania (średnia ilość zarodników wyizolowanych ze 100 gramów gleby) i dominację (procentowy stosunek liczby zarodników danego gatunku do wszystkich wyizolowanych zarodników) wraz z klasami dominacji. W Excelu obliczono także wskaźniki różnorodności wskazane w tabeli 8.

Kryterium wyboru tych parametrów była ich powszechność stosowania w badaniach nad różnorodnością gatunkową AGM (Morris et al. 2014), które pozwoliło na porównanie wyników z jak największą liczbą innych badań z tego zakresu.

Tabela 8. Wybrane wskaźniki różnorodności gatunkowej z opisem wg Morris et al. (2014) i Czachorowski (2004).

Wskaźnik różnorodności gatunkowej	Wzór lub symbol
H' Shannona – wskaźnik ogólnej różnorodności gatunkowej, który opiera się na teorii informacji. Określa prawdopodobieństwo, że dwa osobniki losowo wybrane z próby będą różnymi gatunkami	$-\sum P_i \log(P_i)$

Tabela 8, cd.

Bogactwo gatunkowe Simpsona (D_1) wskazują jakie jest prawdopodobieństwo, że dwa losowo wybrane osobniki będą należały do różnych gatunków	$1 - \sum P_i^2$
Dominacja Simpsona (D_2) służy do porównania całych biocenoz. Jest odwrotnością oryginalnego indeksu Simpsona	$1/\sum P_i^2$
Dominacja Bergera-Parkera (BP) jest porównaniem udziału najliczniejszego gatunku do liczebności wszystkich gatunków	Pmax
Równomierność Simpsona (E) - Wskaźnik równomierności Simpsona bazuje na wskaźniku Dominacji Simpsona, ale bierze pod uwagę również liczbę gatunków znalezionych na danym obszarze, przez co wskazują jaka jest równomierność rozpowszechnienia gatunków w badanej biocenozie	D_2/S

Gdzie:

P_i : proporcja/udział osobników należących do gatunku/morfotypu w stosunku do liczby wszystkich gatunków/morfotypów

Pmax: proporcja liczebności osobników należących do najliczniejszego gatunku do liczebności wszystkich gatunków

S: całkowita liczba gatunków na badanym terenie.

Uzyskane wyniki przedstawiono w formie tabeli, porównując obszar rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej i wydmy Parnidis regularnie odwiedzaną i rozdeptywaną przez turystów.

Dodatkowo zbiorowisko gatunków AGM występujących na badanym terenie porównywano z wynikami badań występowania AGM na innych nadbałtyckich wydmach (wyspa Bornholm, Słowiński Park Narodowy) wykorzystując indeks Jaccarda (Jaccard 1912). Jest to statystyka używana do mierzenia podobieństwa zbiorów w badaniach faunistycznych. Wyrażona jest wzorem:

$$W_{xy} = \frac{c}{a + b - c}$$

Gdzie:

W_{xy} : podobieństwo między stanowiskami x i y

c: liczba gatunków wspólnych dla x i y

a: liczba gatunków w stanowisku x

b: liczba gatunków w stanowisku y.

7. Własności fizyczne i chemiczne gleby wydmy Mierzei Kurońskiej

Do badań właściwości fizycznych i chemicznych gleb wykorzystano sześć prób zbiorczych: dwie z wydmy Parnidis (po jednej z wydmy szarych i wydmy białych, ruchomych) oraz cztery z wydmy rezerwatu ścisłego (po dwie z wydmy szarych i wydmy białych). Oznaczono: straty na żarzeniu po spaleniu gleby w piecu muflowym (temp. 550°C), odczyn gleby metodą potencjometryczną (pH oznaczano w wodzie i w jednomolowym roztworze KCl) oraz zasolenie gleby przy użyciu konduktometru. Po zmineralizowaniu prób w mieszaninie kwasu azotowego (V) i kwasu nadchlorowego określono zawartość makro- i mikroelementów (K, Mg, Ca, Na, Cu, Zn, Mn, Ni, Fe, Cd, P, Pb, Co) za pomocą spektrometru absorpcji atomowej UNICAM-SOLAAR 929. Zawartość siarki, azotu i węgla określono analizatorem COSTECH ECS 4010.

8. Określenie pozycji filogenetycznej AGM zgromadzonych w zbiorach Katedry Kształtowania Środowiska

Katedra Kształtowania Środowiska utrzymuje kolekcję żywych kultur AGM, których opisy wydają się być niepełnie lub są nieopisanych taksonami; grzyby te pochodziły z ponad trzydziestu krajów świata. Wykorzystując metody opisane wyżej izolowano i przeprowadzano identyfikacje morfologiczną oraz molekularną tych grzybów.

9. WYNIKI

9.1. Występowanie i różnorodność gatunkowa arbuskularnych grzybów mykoryzowych w wym. Mierzei Kurońskiej

9.1.1. Dane ogólne. Występowanie AGM w wym. Mierzei Kurońskiej określono na podstawie 132 prób korzeni i gleby, spośród których 66 pobrano spod *Ammophila arenaria*, 25 spod *Viola littoralis*, 23 spod *Hieracium umbellatum*, 13 spod *Linaria odora* i 5 spod *Lathyrus japonicus* ssp. *maritimus* (znaleziono jedynie niewielką ilość okazów tej rośliny). Z prób tych łącznie wyizolowano 4162 zarodniki. W każdej znajdowano średnio po trzy morfotypy i ponad 30 zarodników. Zarodniki AGM znaleziono w 112 z 132 prób, tj. w 85% prób polowych i w 118 próbach pułapkowych (89%). Tylko w 5% prób polowych i pułapkowych nie znaleziono AGM. Łącznie zidentyfikowano 25 gatunków i 17 morfotypów nieopisanych. Spośród wyizolowanych grzybów większość tworzyła zarodniki glomoidalne (*Diversispora celata*, *D. epigaea*, *D. peridiata*, *Dominikia aurea*, *Entrophospora claroidea* (= *Claroideoglomus claroideum*), *E. etunicata* (= *C. etunicatum*), *Glomus* 322, *Glomus* 323, *Glomus* 324, *Glomus* 325, *Glomus* 326, *Glomus* 327, *Glomus* 331, *Glomus* 332, *Glomus* 333, *Glomus* 336, *Glomus* 337, *Glomus* 338, *G. macrocarpum*, *G. microaggregatum*, *G. tetrastratosum*, *Innospora majewskii*, *Rhizoglomus fasciculatum*, *R. irregulare*, *R. vesiculiferum*, *Septoglomus constrictum*). Liczna grupa tworzyła zarodniki akaulosporioidalne (*Acaulospora mellea*, *A. morrowiae*, *A. paulinae*, *A. rugosa*, *Acaulospora* 322, *Archaeospora trappei*, *Polonospora polonica*) i gigasporioidalne (*Cetraspora gilmorei*, *C. pellucida*, *Racocetra* 179, *Scutellospora dipurpurescens*). Najmniej gatunków tworzyły zarodniki entrofosforioidalne (*Entrophospora infrequens*, *Sacculospora baltica*).

9.1.2. Próby polowe. W próbach polowych znaleziono 15 gatunków i dwa morfotypy zaklasyfikowane do rodzaju (*Diversispora*, *Glomus*). Wśród nich były *Acaulospora mellea*, *A. morrowiae*, *A. paulinae*, *A. rugosa*, *Cetraspora gilmorei*, *C. pellucida*, *Diversispora epigaea*, *Glomus microaggregatum*, *G. tetrastratosum*, *Innospora majewskii*, *Rhizoglomus fasciculatus*, *Rh. irregulare*, *Sacculospora baltica*, *Scutellospora dipurpurescens* i *Septoglomus constrictum*. Poza *A. morrowiae*, *A. rugosa*, *Sacculospora baltica* i *Rh. fasciculatus* wszystkie te gatunki zarodnikowały również w próbach pułapkowych.

9.1.3. Kultury pułapkowe. W kulturach pułapkowych znaleziono 25 morfotypów, których nie zidentyfikowano w próbach polowych. Wśród nich było 14 morfotypów nieopisanych (*Acaulospora* 322, *Glomus* 323, *Glomus* 324, *Glomus* 325, *Glomus* 326, *Glomus* 327, *Glomus* 331, *Glomus* 332, *Glomus* 333, *Glomus* 336, *Glomus* 337, *Glomus* 338, *Glomus* 340, *Racocetra* 179) i 11 opisanych gatunków (*Archaeospora trappei*, *Diversispora peridiata*, *D. celata*, *Dominikia aurea*, *Entrophospora claroidea*, *E. etunicata*, *E. infrequens*, *G. macrocarpum*, *Paraglomus laccatum*, *Polonospora polonica*, *Rhizoglomus vesiculiferum*).

9.1.4. Bogactwo morfotypowe. Ekstrakcja zarodników z prób polowych i kultur pułapkowych wykazała, że na całym badanym obszarze występowały 42 morfotypy AGM, na wym. rezerwatu ścisłego 32, a na wym. Parnidis 28. Średnie bogactwo morfotypowe w 100 gramach suchej gleby na badanym obszarze, uwzględniając dane z kultur pułapkowych, wynosiło 4,4 (przedział 0–11 morfotypów na próbę). Ogólny współczynnik zmienności bogactwa morfotypowego wynosił 57%. Bogactwo morfotypowe było nieco większe na polu pierwszym (4,7) niż na drugim (4,3), przy podobnych współczynnikach zmienności (odpowiednio 51% i 58%).

9.1.5. Obfitość zarodnikowania i dominacja. Gatunkami zarodnikującymi najobficiej w warunkach polowych Mierzei Kurońskiej były *Cetraspora gilmorei* (32,32% wśród wszystkich wykstrahowanych zarodników), *Acaulospora mellea* (13,41%) i *Scutellospora dipurpurescens* (10,84%), które reprezentowały grupę eudominantów (współczynnik dominacji $D > 10,0\%$; Górny, Grum 1981; Tab. 9, 10). Znaczną liczbę zarodników tworzyły również *Glomus tetrastratosum* (9,13%), *Gl. microaggregatum* (8,82%), nierozpoznana *Diversispora* (6,46%) i *A. paulinae* (5,52%), które były dominantami ($D = 5,1 - 10,0\%$), przy założeniu, że nierozpoznana *Diversispora* reprezentowała jeden gatunek. *Cetraspora pellucida* (4,37%), *A. morrowiae* (4,08%) i nierozpoznane *Glomus* (3,24%) reprezentowały grupę subdominantów ($D = 2,1 - 5,0\%$). Zarodniki pozostałych gatunków, tak zwanych recedentów, stanowiły mniej niż 1% wszystkich zarodników znalezionych w próbach polowych.

Tabela 9. Obfitość zarodnikowania AGM w wydmach Mierzei Kurońskiej.

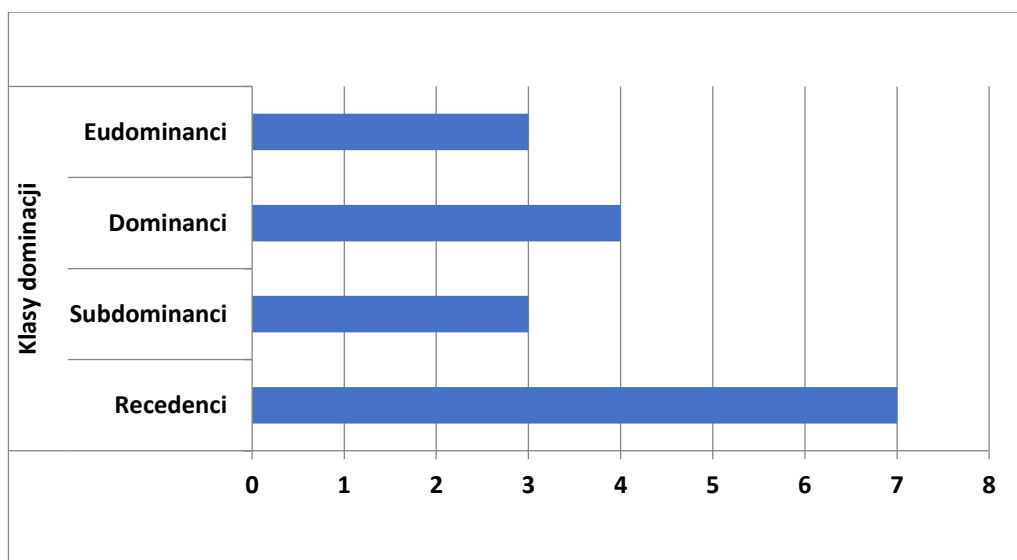
Gatunek AGM	Liczba zarodników		
	Wydma Parnidis	Wydmy rezerwatu ścisłego	Ogółem
1. <i>Acaulospora mellea</i>	91	467	558
2. <i>Acaulospora morrowiae</i>	47	123	170
3. <i>Acaulospora paulinae</i>	27	201	228
4. <i>Acaulospora rugosa</i>	0	41	41
5. <i>Cetraspora gilmorei</i>	482	863	1345
6. <i>Cetraspora pellucida</i>	53	129	182
7. <i>Diversispora</i> sp.	100	169	269
8. <i>Diversispora epigaea</i>	1	3	4
9. Nierozpoznane <i>Glomus</i>	120	15	135
10. <i>Glomus microaggregatum</i>	129	238	367
11. <i>Glomus tetrastratosum</i>	149	231	380
12. <i>Innospora majewskii</i>	0	3	3
13. <i>Rhizoglomus fasciculatum</i>	0	1	1
14. <i>Rhizoglomus irregulare</i>	0	9	9
15. <i>Sacculospora baltica</i>	0	10	10
16. <i>Scutellospora dipurpurescens</i>	154	297	451
17. <i>Septoglomus constrictum</i>	9	0	9
Razem	1362	2800	4162

Tabela 10. Dominacja AGM w badanych stanowiskach Mierzei Kurońskiej.

Gatunek AGM	Dominacja (%)		
	Wydma Parnidis	Wydmy rezerwatu ścisłego	Ogółem
1. <i>Acaulospora mellea</i>	6,68	16,68	13,41
2. <i>Acaulospora morrowiae</i>	3,45	4,39	4,08
3. <i>Acaulospora paulinae</i>	1,98	7,18	5,52
4. <i>Acaulospora rugosa</i>	0	1,46	0,98
5. <i>Cetraspora gilmorei</i>	35,39	30,82	32,32

Tabela 10, cd.

6. <i>Cetraspora pellucida</i>	3,89	4,61	4,37
7. <i>Diversispora</i> sp.	7,34	6,03	6,46
8. <i>Diversispora epigaea</i>	0,07	0,11	0,10
9. Nierozpoznane <i>Glomus</i>	8,81	0,53	3,24
10. <i>Glomus microaggregatum</i>	9,47	8,5	8,82
11. <i>Glomus tetrastratosum</i>	10,94	8,25	9,13
12. <i>Innospora majewskii</i>	0	0,11	0,07
13. <i>Rhizoglomus fasciculatum</i>	0	0,03	0,20
14. <i>Rhizoglomus irregulare</i>	0	0,32	0,22
15. <i>Sacculospora baltica</i>	0	0,39	0,24
16. <i>Scutellospora dipurpurescens</i>	11,31	10,61	10,84
17. <i>Septoglomus constrictum</i>	0,66	0	0,22

Ryc. 7. Liczebność morfotypów AGM wydmy Mierzei Kurońskiej w poszczególnych klasach dominacji.

9.1.6. Częstotliwość występowania morfotypów. Gatunkami występującymi najczęściej były *Cetraspora gilmorei* (obecna w 63,64% prób) i *Scutellospora dipurpurescens* (59,09%; Tab. 11). Często znajdowano *Glomus tetrastratosum* (46,97%), *Archaeospora trappei* (38,64%), *Rhizoglomus irregulare* (36,36%) i *C. pellucida* (22,73%).

Tabela 11. Częstotliwość występowania AGM w badanych stanowiskach Mierzei Kurońskiej.

Gatunek/morfotyp AGM	Częstotliwość występowania (%)		
	Wydma Parnidis	Wydmy rezerwatu ścisłego	Ogółem
<i>Acaulospora</i> 322	9,52	8,89	9,09
<i>Acaulospora mellea</i>	14,28	17,78	16,67
<i>Acaulospora morrowiae</i>	16,67	11,11	12,88
<i>Acaulospora paulinae</i>	16,67	22,22	20,45
<i>Acaulospora rugosa</i>	0	1,11	0,76
<i>Archaeospora trappei</i>	23,81	45,55	38,64

Tabela 11, cd.

<i>Cetraspora gilmorei</i>	73,81	58,89	63,64
<i>Cetraspora pellucida</i>	26,19	21,11	22,73
<i>Diversispora</i> sp.	26,19	11,11	15,91
<i>Diversispora celata</i>	0	1,11	0,76
<i>Diversispora epigaea</i>	2,38	2,22	2,27
<i>Diversispora peridiata</i>	2,38	0	0,76
<i>Dominikia aurea</i>	0	3,33	2,72
<i>Entrophospora claroidea</i>	4,76	0	1,51
<i>Entrophospora etunicata</i>	2,38	0	0,76
<i>Entrophospora infrequens</i>	2,38	1,11	1,51
Nierozpoznane <i>Glomus</i>	11,9	6,67	8,33
<i>Glomus</i> 323	16,67	13,33	14,39
<i>Glomus</i> 324	4,76	0	1,51
<i>Glomus</i> 325	2,38	2,22	2,27
<i>Glomus</i> 326	2,38	0	0,76
<i>Glomus</i> 327	11,9	1,11	4,54
<i>Glomus</i> 331	0	1,11	0,76
<i>Glomus</i> 332	0	1,11	0,76
<i>Glomus</i> 333	0	2,22	1,51
<i>Glomus</i> 336	0	1,11	0,76
<i>Glomus</i> 337	0	4,44	3,03
<i>Glomus</i> 338	0	2,22	1,51
<i>Glomus</i> 340	0	1,11	0,76
<i>Glomus macrocarpum</i>	0	1,11	0,76
<i>Glomus microaggregatum</i>	16,67	17,78	17,42
<i>Glomus tetrastratosum</i>	50	45,55	46,97
<i>Innospora majewskii</i>	4,76	20	15,15
<i>Paraglomus laccatum</i>	0	6,66	4,54
<i>Polonospora polonica</i>	2,38	0	0,76
<i>Racocetra</i> 179	2,38	0	0,76
<i>Rhizoglomus fasciculatum</i>	0	1,11	0,76
<i>Rhizoglomus irregulare</i>	42,86	33,33	36,36
<i>Rhizoglomus vesiculiferum</i>	0	1,11	0,76
<i>Sacculospora baltica</i>	0	2,22	1,51
<i>Scutellospora dipurpurescens</i>	66,67	55,55	59,09
<i>Septoglomus constrictum</i>	9,52	3,33	5,30

9.1.7. Bioróżnorodność. Najczęściej stosowane wskaźniki bioróżnorodności obliczono dla dwóch stanowisk badawczych obejmujących wydmy Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego oraz dla całego badanego terenu Mierzei Kurońskiej (Tab. 12). Obfitość zarodnikowania AGM określono na podstawie zarodników wyekstrahowanych z prób polowych, a bogactwo gatunkowe na podstawie zarodników znalezionych w próbach polowych i kulturach pułapkowych.

Tabela 12. Wskaźniki bioróżnorodności AGM wydm Mierzei Kurońskiej.

Wskaźnik	Wydma Parnidis	Wydmy rezerwatu ścisłego	Ogólnie dla całości terenu badawczego
H' Shannona	0,88	0,91	0,92
Bogactwo gatunkowe Simpsona D ₁	0,82	0,84	0,84
Dominacja Simpsona D ₂	5,56	6,20	6,16
Dominacja Bergera-Parkera BP	0,35	0,31	0,32
Równomierność Simpsona	0,46	0,39	0,36

Różnorodność gatunkowa. Jak wynika z wartości wskaźników H' Shannona i Simpsona, bogactwo gatunkowe zbiorowisk AGM występujących w wydmach rezerwatu ścisłego było podobne lub identyczne do bogactwa gatunkowego określonego dla całego badanego obszaru, ale wyraźnie niższe w wydmie Parnidis (Tab. 12). Jednak wysokie wartości tych wskaźników, zbliżone do 1, świadczą, że zbiorowiska te we wszystkich stanowiskach charakteryzowały się wysoką różnorodnością gatunkową.

Dominacja Simpsona. Wskaźnik dominacji Simpsona (D₂) był wyższy dla terenu rezerwatu ścisłego niż dla wydmy Parnidis, co wynika z wyższej liczby znalezionych tam gatunków AGM.

Dominacja Bergera Parkera. Wskaźniki dominacji BP były podobne dla trzech porównanych obszarów (Tab. 12), co spowodowała zbliżona obecność gatunku dominującego, *C. gilmorei*.

Równomierność gatunkowa. Według wskaźnika równomierności Simpsona, równomierność różnorodności gatunkowej w wydmach rezerwatu ścisłego była wyraźnie wyższa niż w wydmie Parnidis, ale niższa niż w wydmach całego obszaru badawczego (Tab. 12).

Indeks Jaccarda. Jak wynika z wyliczeń indeksów Jaccarda, bogactwo gatunkowe zbiorowisk zarodników AGM wydm Mierzei Kurońskiej było najbardziej podobne do bogactwa gatunkowego zbiorowisk zarodników Słowińskiego Parku Narodowego (SPN), chociaż wartość tego wskaźnika świadczy o przewadze liczebnej morfotypów różniących te dwa stanowiska nad morfotypami wspólnymi (Tab. 13). W wydmach Mierzei Kurońskiej i SPN stwierdzono występowanie 17 morfotypów wspólnych: *Acaulospora mellea*, *A. morrowiae*, *Archaeospora trappei*, *Diversispora peridiata*, *Dominikia aurea*, *Entrophospora claroidea*, *Glomus macrocarpum*, *G. microaggregatum*, *G. tetrastratosum*, *Innospora majewskii*, *Paraglomus laccatum*, *Racocetra* 179, *Rhizoglomus fasciculatum*, *Rh. irregulare*, *Sacculospora baltica*, *Scutellospora dipurpurescens* i *Septoglomus constrictum*. Wspólnymi gatunkami dla Mierzei Kurońskiej i Bornholmu (9 gatunków) były zarówno te często znajduwane w wydmach obu obszarów, jak *A. mellea*, *Ar. trappei*, *C. pellucida*, *Rh. irregulare* i *Sc. dipurpurescens*, jak również gatunki rzadsze, jak *E. claroidea*, *E. etunicata*, *P. laccatum* i *Rh. fasciculatum*. W wydmach Bornholmu i SPN występowało 15 gatunków wspólnych: *Acaulospora lacunosa*, *A. mellea*, *Ambispora gerdemannii*, *Ar. trappei*, *Cetraspora armeniaca*, *D. eburnea*, *D. gibbosa*, *D. pustulata*, *E. claroidea*, *E. lamellosa*, *P. laccatum*, *Rh. fasciculatum*, *Rh. irregulare*, *Sc. dipurpurescens* i *Sc. pellucida*. Gatunkami wspólnymi dla wszystkich trzech stanowisk były *A. mellea*, *Ar. trappei*, *E. claroidea*, *P. laccatum*, *Rh. fasciculatum*, *Rh. irregulare* i *Sc. dipurpurescens*.

Tabela 13. Podobieństwo bogactwa gatunkowego AGM trzech obszarów wydmych.

	Bornholm	MK	SPN
Bornholm	1	0,14	0,20
MK	0,14	1	0,20
SPN	0,20	0,20	1

MK: Mierzeja Kurońska, SPN: Słowiński Park Narodowy

10. Własności fizyczne i chemiczne gleb Mierzei Kurońskiej

Dane ogólne. Własności fizyczne i chemiczne gleb Mierzei Kurońskiej określono na podstawie sześciu prób, z których dwie, nr 1 i 2, reprezentowały wydmy Parnidis (nr 1 z wydmy szarych i nr 2 z wydmy białych, ruchomych), a cztery pobrano z wydmy rezerwatu ścisłego (nr 3 i 5 z wydmy szarych oraz 4 i 6 z wydmy białych; Tab. 14).

Skład mechaniczny i własności fizyczno-chemiczne. Każda próba miała podobny skład mechaniczny i według klasyfikacji Polskiego Towarzystwa Gleboznawczego były to piaski luźne, średnioziarniste. Odczyn gleby we wszystkich próbach był nieznacznie zasadowy, bliski obojętnego: 7,21–7,84. Zasolenie wahało się od 8,35 do 20,15 $\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$. Wszystkie próby zawierały niewielkie ilości węgla organicznego i materii organicznej, co wyróżnia gleby słabo ukształtowane, chociaż wartości tych własności były wyższe dla wydmy szarych, tj. prób 1, 3 i 5.

Tabela 14. Własności fizyczne i chemiczne gleb badanych stanowisk Mierzei Kurońskiej.

Nr próby/ własność gleby	1	2	3	4	5	6
Materia organiczna [%]	0,50	0,09	0,54	0,12	0,48	0,08
Zasolenie [$\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$]	16,05	8,35	13,72	13,76	20,15	8,87
C [%]	0,1402	0,0435	0,2164	0,0417	0,1572	0,0656
N [%]	0,013	0,0038	0,0021	0,0029	0,0125	0,0039
S [%]	0,0035	0,0034	0,0037	0,0038	0,0039	0,0037
Ca [mg/kg]	127,4	548,6	127,4	573,7	365,7	620,5
Cd [mg/kg]	0,325	0,285	0,528	0,454	0,325	0
Co [mg/kg]	1,279	2,384	3,009	6,366	1,140	6,986
Cu [mg/kg]	2,555	2,164	1,766	2,122	2,207	2,480
Fe [mg/kg]	413,9	567,0	464,3	592,8	342,0	430,6
K [mg/kg]	15,15	8,73	13,30	18,22	10,42	44,69
Mg [mg/kg]	10,6	15,98	15,73	16,83	16,20	16,52
Mn [mg/kg]	4,264	3,888	2,428	2,815	2,372	2,561
Na [mg/kg]	15,35	27,04	17,84	22,01	18,49	23,64
Ni [mg/kg]	3,077	1,536	0,751	2,152	1,561	1,495
Pb [mg/kg]	3,687	2,924	5,657	7,394	8,541	8,737
Zn [mg/kg]	1,281	1,134	1,095	1,042	1,095	0,970

11. UWAGI O AGM ZNALEZIONYCH NA TERENIE MIERZEI KUROŃSKIEJ

n: liczba glebowych prób polowych, w których gatunek został znaleziony; następane liczby są numerami prób glebowych z tym gatunkiem.

n*: liczba kultur pułapkowych, w których gatunek został znaleziony; następane liczby są numerami kultur pułapkowych z tym gatunkiem.

A: pochodzenie glebowych prób polowych.

B: pochodzenie glebowych prób uprawianych w kulturach pułapkowych.

1. *Acaulospora* 322

n= 0, n*=12: 1*, 2*, 9*, 14*, 43*, 46*, 75*, 76*, 88*, 112*, 118*, 120*

B: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *V. littoralis*.

Nieopisana *Acaulospora* z brunatnoczerwonymi zarodnikami.

2. *Acaulospora mellea* Spain et N.C. Schenck

n= 22, n*=0: 1, 39, 46, 68, 72, 77, 79, 81, 82, 93, 94, 97, 109, 112, 113, 116, 118, 126, 128, 129, 130, 132

A: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *V. littoralis*.

Gatunek rozpowszechniony w wielu miejscach na świecie m.in. w Argentynie, na Bornholmie, w Brazylii, Chinach, Kamerunie, Kanadzie, Kolumbii, Meksyku, USA, również w Polsce (Błaszowski 2012).

W GenBank gatunek reprezentowany jest przez 41 sekwencji nrDNA (SSU-ITS-LSU), genu β -*tubuliny* i DNA mitochondrialnego.

3. *Acaulospora morrowiae* Spain et N.C. Schenck

n=17, n*=0: 1, 5, 6, 14, 15, 18, 37, 53, 54, 55, 74, 75, 76, 85, 99, 117, 127

A: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *V. littoralis*.

Często znajduje się w Polsce, również w Brazylii, Chinach, Francji, Indiach, Kamerunie, Kanadzie, Kolumbii, Niemczech, Szwajcarii i USA (Błaszowski 2012).

W GenBank zdeponowano pięć krótkich sekwencji nrDNA tego gatunku i po jednej sekwencji *glomaliny* i β -*tubuliny*.

4. *Acaulospora paulinae* Błaszki

n=21, n*=14: 2*, 3, 5, 18, 44, 45, 45*, 46, 46*, 60*, 71*, 72*, 76, 77, 77*, 79*, 85, 86, 90, 90*, 93, 97, 109, 109*, 113, 114*, 117, 117*, 118, 119, 126, 126*, 129, 129*, 130

A: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *V. littoralis*.

B: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *V. littoralis*.

Gatunek często znajduje się w Polsce zarówno na wybrzeżu, jak i w Tatrach. Na świecie notowany także na Cyprze, w Hiszpanii, Izraelu, na Majorce, w Niemczech, Szwajcarii i USA (Błaszowski 2012).

W GenBank reprezentowany przez 17 krótkich, poniżej tysiąca par zasad, sekwencji nrDNA.

5. *Acaulospora rugosa* J.B. Morton

n=1, n*=0: 43

A: Wydmy rezerwatu ścisłego, spod *H. umbellatum* (N 55°26.597' E 021° 05.169').

Gatunek opisany przez Mortona (1986), był związany z *Andropogon virginicus* (trawą preriową), rosnącą na kwaśnych glebach Zachodniej Wirginii, z wysoką zawartością aluminium.

W GenBank znajdują się cztery długie sekwencje nrDNA *A. rugosa*, po około 1500 par zasad.

6. *Archaeospora trappei* (R.N. Ames et Linderman) J.B. Morton et D. Redecker

n=0, n*=51: 1*, 3*, 5*, 7*, 14*, 16*, 25*, 36*, 37*, 39*, 40*, 41*, 44*, 45*, 46*, 47*, 48*, 53*, 55*, 60*, 62*, 63*, 64*, 66*, 67*, 68*, 70*, 76*, 77*, 79*, 80*, 81*, 84*, 88*, 90*, 92*, 93*, 94*, 95*, 97*, 98*, 99*, 100*, 101*, 105*, 107*, 114*, 120*, 126*, 128*, 130*

B: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *V. littoralis*, *L. odora*.

Gatunek oryginalnie opisany jako *Acaulospora trappei*, o bardzo szerokim zasięgu geograficznym: notowany w Australii, Brazylii, Chinach, Francji, Hiszpanii, Islandii, Izraelu, Japonii, na Kubie, Litwie, na Majorce, w Namibii, Niemczech, Polsce, Południowej Afryce, Szkocji, Szwajcarii, Tajwanie, USA i Wielkiej Brytanii (Błaszczkowski 2012).

W bazie GenBank zdeponowano ponad 50 długich i krótkich sekwencji nrDNA, β -tubuliny i DNA mitochondrialnego.

7. *Cetraspora gilmorei* (Trappe et Gerd.) Oehl, F.A. Souza et Sieverd.

n=81, n*=31: 1, 1*, 2, 3, 3*, 4, 4*, 5, 6, 7, 7*, 8, 8*, 9, 10, 11, 13, 13*, 16, 17, 17*, 18, 18*, 19, 19*, 21, 21*, 23, 25*, 27, 28, 28*, 29, 33*, 39, 42, 45*, 46, 46*, 47, 47*, 52, 53, 54, 55, 55*, 60*, 61, 62, 62*, 64, 64*, 65*, 67, 67*, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 75*, 76, 77, 78, 79, 81, 82, 83, 84, 84*, 85, 86, 86*, 88, 88*, 89, 90, 93, 94, 96*, 97, 98, 99, 99*, 100, 101, 102, 105, 107, 109, 109*, 110, 112, 113, 117, 118, 119, 120, 120*, 121, 122, 125, 126, 127, 128, 128*, 130, 131, 132

A: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *V. littoralis*, *L. odora*, *L. japonicus* ssp. *maritimus*.

B: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *V. littoralis*, *L. japonicus* ssp. *maritimus*.

Gatunek oryginalnie opisany jako *Gigaspora gilmorei*. Później przeniesiony do rodzaju *Scutellospora* jako *S. gilmorei*. Według GenBank znajdowany był w Brazylii i Niemczech, a charakterystyka molekularna gatunku obejmuje co najmniej 29 długich i krótkich sekwencji nrDNA.

8. *Cetraspora pellucida* (T.H. Nicolson et N.C. Schenck) Oehl, F.A. Souza et Sieverd.

n=30, n*=3: 1, 3, 3*, 4, 5, 9, 10, 13, 18, 18*, 20, 21, 42, 53, 54, 55, 55*, 67, 73, 77, 78, 81, 82, 85, 88, 89, 101, 102, 105, 112, 113, 120, 128

A: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *V. littoralis*, *L. odora*.

B: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *V. littoralis*.

Gatunek oryginalnie opisany pod nazwą *Gigaspora pellucida*. Następnie traktowany jako *Scutellospora pellucida*. Ostatecznie został umieszczony w rodzaju *Cetraspora*. Często izolowany ze stanowisk wydmych na całym świecie (Stürmer et al. 2018).

W GenBank znajdują się ponad 100 sekwencji β -tubuliny i mitochondrialnego oraz rybosomalnego DNA tego gatunku.

9. *Diversispora* sp.

n=19, n*=1: 3, 4*, 5, 6, 8, 10, 11, 14, 15, 18, 23, 43, 58, 61, 64, 69, 70, 86, 92, 118

A: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *V. littoralis*, *L. odora*.

B: Wydma Parnidis; spod *A. arenaria*.

10. *Diversispora celata* C. Walker, Gamper et A. Schüßler

n=0, n*=1: 98*

B: Wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *L. odora* (N 55°28.742' E 021° 06.172')

Gatunek izolowany z trawiastych siedlisk, znajdujący w Szwajcarii (Błaszowski 2012) i Wielkiej Brytanii (<https://www.gbif.org>).

W GenBank zdeponowano ponad 50 sekwencji tego gatunku. Są to krótkie odcinki nrDNA (SSU, ITS, LSU).

11. *Diversispora epigaea* (B.A. Daniels et Trappe) C. Walker et A. Schüßler

n=3, n*=1: 106, 115*, 117, 123

A: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *L. japonicus ssp. maritimus*.

B: Wydmy rezerwatu ścisłego; spod *L. odora*.

Opisany pierwotnie jako *Glomus epigaeus* (Daniels, Trappe 1979). Znajdujący w Danii, Hiszpanii, Islandii, Kolumbii, USA i Wielkiej Brytanii (<https://www.gbif.org>).

W GenBank znajdują się sekwencje genomowe tego gatunku uzyskane techniką sekwencjonowania shotgun, sekwencje nrDNA (SSU-ITS-LSU), *RPBI* i *glomaliny*.

12. *Diversispora peridiata* Błaszcz., Chwat, Kovács et Góralska

n=0, n*=1: 15*

B: Wydma Parnidis; spod *A. arenaria* (N 55°17.660' E 020° 59.669')

Gatunek po raz pierwszy znaleziony na wydmach Słowińskiego Parku Narodowego (Błaszowski et al. 2015d).

W GenBank znajduje się 7 sekwencji tego gatunku, dwie krótkie *RPBI* i pięć długich SSU-ITS-LSU.

13. *Dominikia aurea* (Oehl i Sieverd.) Błaszcz., Chwat, G.A. Silva i Oehl

n=0, n*=3: 88*, 108*, 115*

B: Wydmy rezerwatu ścisłego; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *L. odora*.

Gatunek synonimizowany z *Glomus aureum* (<http://www.mycobank.org>). Holotyp *D. aurea* został znaleziony w łące w Szwajcarii, jego występowanie potwierdzono również we Francji, w Niemczech i Włoszech (Błaszowski 2012).

W GenBank znajduje się 12 sekwencji tego gatunku, w tym dwie sekwencje *RPBI* i 10 sekwencji rDNA.

14. *Entrophospora claroidea* (N.C. Schenck et G.S. Smith) Błaszcz., Niezgodna, B.T. Goto, and Magurno

n=0, n*=2: 18*, 125*

B: Wydma Parnidis; spod *A. arenaria*, *L. japonicus ssp. maritimus*.

Gatunek oryginalnie opisany jako *Glomus claroideum*. Występuje powszechnie w Polsce i innych krajach europejskich, jak Austria, Dania, Finlandia i Węgry. Znajdujący również w

Beninie, Brazylii, Chinach, Erytrei, Indiach, Izraelu, na Majorce, w Meksyku i USA, gdzie został oryginalnie opisany (<https://www.gbif.org>).

GenBank zawiera ponad trzysta różnej długości sekwencji, głównie rDNA, również β -tubuliny i DNA mitochondrialnego.

15. ***Entrophospora etunicata*** (W.N. Becker et Gerd.) Błaszcz., Niezgoda, B.T. Goto, and Magurno

n=0, n*=1: 14*

B: Wydma Parnidis; spod *H. umbellatum* (N 55°17.641' E 020° 59.621')

Opisany jako *Glomus etunicatum*. Jeden z najpowszechniej występujących gatunków AGM na świecie. Znajdywany w Afryce, Argentynie, Brazylii, Chinach, Izraelu, Indiach, Meksyku, Niemczech, Polsce, Francji, Szwajcarii, Kanadzie i na Tajwanie (Błaszczowski 2012).

W GenBank zdeponowano ponad dwa tysiące sekwencji tego gatunku, w tym sekwencje nrDNA, DNA mitochondrialnego, β -tubuliny i inne.

16. ***Entrophospora infrequens*** (I.R. Hall) R.N. Ames et R.W. Schneid.

n=0, n*=2: 16*, 107*

B: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *V. littoralis*, *L. odora*.

Opisany pierwotnie jako *Glomus infrequens* (Hall 1977). Jest szeroko rozpowszechniony na świecie i był izolowany z gleb zarówno użytkowanych rolniczo, jak i z naturalną roślinnością (Błaszczowski 2012).

W GenBank zdeponowano liczne długie i krótkie sekwencje nrDNA tego gatunku.

17. **Nierozpoznane *Glomus***

n=6, n*=5: 6, 8*, 15, 20, 78*, 89*, 90, 94, 98*, 99, 130*

A: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *L. odora*, *V. littoralis*.

Nierozpoznany gatunek tworzący zarodniki w zwartych skupieniach; zarodniki małe, ca. 100 μ m średnicy, glomoidalne, jasnożółte do żółto-brunatnych, nieco podobne do zarodników *Corymbiglomus corymbiforme*.

18. ***Glomus 323***

n=0, n*=19: 1*, 2*, 10*, 18*, 19*, 25*, 30*, 32*, 36*, 37*, 51*, 53*, 54*, 55*, 58*, 60*, 76*, 82*, 92*

B: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *L. odora*, *V. littoralis*

Nieopisany gatunek z glomoidalnymi zarodnikami, przypominającymi *Diversispora* sp.

19. ***Glomus 324***

n=0, n*=2: 6*, 17*

B: Wydma Parnidis; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*.

Nierozpoznany gatunek z glomoidalnymi zarodnikami, bardzo podobnymi do *Septoglomus constrictum*.

20. ***Glomus 325***

n=0, n*=3: 6*, 62*, 64*

B: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*.

Nieopisany gatunek z zarodnikami żółtobrunatnymi, skupionymi w luźnych gronach.

21. *Glomus* 326

n=0, n*=1: 7*

B: Wydma Parnidis; spod *V. littoralis*.

22. *Glomus* 327

n= 0, n*=6: 15*, 16*, 20*, 28*, 46*, 125*

B: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *V. littoralis*, *L. japonicus* ssp. *maritimus*.

Nieopisany gatunek z zarodnikami w gronach. Podobny do *Corymbiglomus corymbiforme*.

23. *Glomus* 331

n= 0, n*=1: 46*

B: Wydma rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*.

24. *Glomus* 332

n= 0, n*=1: 60*

B: Wydma rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *H. umbellatum*.

25. *Glomus* 333

n=0, n*=2: 69*, 86*

B: Wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*.

26. *Glomus* 336

n=0, n*=1: 88*

B: Wydma rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria* (N 55°28.464' E 021° 06.048').

27. *Glomus* 337

n=0, n*=4: 73*, 75*, 84*, 90*

B: Wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *V. littoralis*.

28. *Glomus* 338

n= 0, n*=2: 84*, 86*

B: Wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *V. littoralis*.

29. *Glomus* 340

n=0, n*=1: 101*

B: Wydma rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria* (N 55°28.374' E 021° 05.876').

30. *Glomus macrocarpum* Tul. et C. Tul.

n=0, n*=1: 119*

B: Wydma rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *V. littoralis* (N 55°27.907' E 021° 05.603').

Gatunek uznawany za szeroko rozprzestrzeniony w świecie, podawany m.in. z Anglii, Australii, Beninu, Brazylii, Chin, Danii, Erytrei, Francji, Grecji, Kamerunu, Kanady, Litwy, Majorki, Niemiec, Norwegii, Nowej Zelandii, Polski, Portugalii, Szwajcarii, Szwecji, Tasmanii, USA, Węgier i Włoch (Błaszowski 2012). Jednak przynajmniej część z tych notowań mogła dotyczyć innych gatunków, ponieważ identyfikacja opierała się w zdecydowanej większości na morfologii zarodników, bez analiz filogenetycznych ich DNA.

W GenBank znajduje się 76 sekwencji *G. macrocarpum* (SSU, ITS, LSU, *RPBI*).

31. ***Glomus microaggregatum*** Koske, Gemma et P.D. Olexia

n=20, n*=3: 2, 2*, 5, 17, 18, 46, 52, 55*, 58, 61*, 67, 70, 75, 77, 78, 82, 84, 88, 109, 119, 120, 131

A: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *V. littoralis*, *L. odora*.

B: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *V. littoralis*.

Izolowany z gleb w Argentynie, Beninie, Chinach, Indiach, Kanadzie, Kenii, Namibii, Szwajcarii, Tunisie, USA i na Węgrzech. W Polsce znaleziony tylko raz, na terenie Słowińskiego Parku Narodowego (Błaszowski 2012).

W GenBank znajduje się sześć sekwencji nrDNA tego gatunku.

32. ***Glomus tetrastratosum*** Błasz., Chwat et Góralska

n=38, n*=33: 4, 5*, 6, 9, 10, 12, 13*, 18, 18*, 21, 23, 23*, 26, 28, 35*, 39*, 42, 42*, 44*, 45, 46, 47, 49, 52*, 53, 53*, 54, 55, 58*, 65, 67, 67*, 68*, 70*, 75, 76, 76*, 78*, 79, 79*, 80, 81, 81*, 82, 85, 88, 93*, 94, 95*, 96*, 99*, 100*, 102*, 105*, 108*, 109*, 112*, 118*, 119*, 120, 120*, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 126*, 127, 128*, 129

A: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *V. littoralis*, *L. japonicus* ssp. *maritimus*, *L. odora*.

B: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *L. odora*, *V. littoralis*.

W GenBank dostępnych jest 26 sekwencji tego gatunku, w większości SSU-ITS-LSU, również *RPBI*, które pochodzą ze Słowińskiego Parku Narodowego i Norwegii.

33. ***Innospora majewskii*** (Błasz. et Kovács) Błasz., Kovács, Chwat et Kozłowska

n=3, n*=19: 3*, 4*, 38*, 40*, 45*, 50*, 51*, 53, 53*, 62*, 68*, 71*, 72*, 73*, 76*, 78*, 80*, 81*, 102*, 107*, 113, 118

A: Wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *V. littoralis*.

B: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *L. odora*, *V. littoralis*.

Szeroko rozpowszechniony na świecie. Znajdywany m.in. na Bornholmie, w Erytrei, Hiszpanii, Portugalii i Turcji oraz bardzo często w Polsce (Błaszowski 2012).

W GenBank gatunek scharakteryzowany przez 28 sekwencji nrDNA i *RPBI*; wszystkie pochodzą z materiału zebranego w Polsce.

34. ***Paraglomus laccatum*** (Błasz.) Renker, Błasz. et Buscot

n=0, n*=6: 55*, 59*, 60*, 62*, 65*, 106*

B: Wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *V. littoralis*.

Dotychczas znajduwany rzadko. Poza Polską, skąd pochodzi materiał typowy tego gatunku, znajduwany również w Danii (Bornholm), Francji (La Grande Motte) (Błaszowski 2012) i w Niemczech.

GenBank zawiera ponad 100 sekwencji SSU, ITS i LSU tego gatunku.

35. *Polonospora polonica* Błasz.

n=0, n*=1: 1*

B: Wydma Parnidis; spod *A. arenaria* (N 55°17.309' E 021°59.382').

Gatunek oryginalnie znaleziony pod *Thuja occidentalis*, która rosła na półwyspie Hel. Również znajduwany w Arboretum w Przelewicach, na Pustyni Błędowskiej i w Słowińskim Parku Narodowym. Poza Polską znaleziona na terenie kopalni aluminium w południowej części Chin (Błaszowski 2012).

W GeneBank znajdują się 6 sekwencji nrDNA, o długości poniżej 1500 pz i 3 sekwencję *RPB1*.

36. *Racocetra* 179

n=0, n*=1: 28*

B: Wydma Parnidis; spod *A. arenaria* (N 55°17.690' E 020° 59.681').

37. *Rhizoglopus fasciculatum* (Thaxt.) Sieverd., G.A. Silva et Oehl

n=1, n*=0: 109

A: Wydma rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria* (N 55°28.170' E 021° 05.868').

Synonimy: *Glomus fasciculatus*, *Endogone fasciculata*, *Rhizophagus fasciculatus*, *Rhizoglopus fasciculatum*, *Endogone fasciculata*, *Endogone arenacea*, *Rhizophagites butleri* (<http://www.mycobank.org>).

Gatunek znajduwany rzadko, ale w wielu miejscach świata. Notowany m.in. w Austrii, Beninie, na Bornholmie, w Brazylii, Chinach, na Cyprze, we Francji, w Indiach, Iranie, Kanadzie, Niemczech, Omanie, Portugalii, Szwajcarii, Trynidadzie, Turcji, USA i na Węgrzech. W Polsce zidentyfikowany m.in. na terenie Słowińskiego Parku Narodowego (Błaszowski 2012).

W GenBank znajduje się 11 sekwencji (SSU, ITS, LSU, *nad3*, *cox2*, *atp6*, *atp9*) tego gatunku, które pochodzą z Anglii, Brazylii, Indii, Kanady i z Niemiec.

38. *Rhizoglopus irregulare* (Błasz., Wubet, Renker et Buscot) C. Walker et A. Schüßler,

n=2, n*=46: 1*, 3*, 4*, 5*, 6*, 7*, 8*, 9*, 11*, 12*, 20*, 21*, 22*, 23*, 26*, 27*, 33*, 37*, 38*, 39*, 40*, 41*, 44*, 47*, 49*, 50*, 55*, 62*, 64*, 68*, 71*, 72, 73, 76*, 78*, 81*, 86*, 88*, 91*, 99*, 100*, 101*, 106*, 107*, 110*, 120*, 128*, 129*

A: Wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *V. littoralis*.

B: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *L. odora*, *V. littoralis*.

Gatunek z pewnością często błędnie identyfikowany, głównie jako *Rh. intraradices*. Szeroko rozpowszechniony w świecie. Notowany m.in. w Australii, na Bornholmie, w Egipcie, Erytrei, Francji, Grecji, Hiszpanii, Izraelu, Kanadzie, Polsce i USA (Błaszowski 2012). Spośród poznanych AGM, najczęściej wykorzystywany do produkowania szczepionek mykoryzowych.

GenBank zawiera ca. 8000 rekordów dotyczących tego gatunku, w tym sekwencje całych genomów i DNA mitochondrialnego.

39. *Rhizoglopus vesiculiferum* Błasz., Kozłowska, Niezgodna, B.T. Goto et Dalpé

n=0, n*=1: 33*

B: Wydma rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *H. umbellatum* (N 55°26.208' E 021° 05.160').

Poza Litwą znajdujący również w Indonezji, Kanadzie, Nowej Zelandii i USA (Błaszowski et al. 2018a).

Synonimy: *Endogone vesiculifera*, *Funneliformis vesiculiferum*, *Glomus vesiculifer*, *Rhizophagus vesiculiferus* (<http://www.mycobank.org>).

Prawdopodobnie liczne notowania tego gatunku są błędne z powodu jego podobieństwa morfologicznego m.in. do *Glomus macrocarpum* i *Rhizoglomus fasciculatum*.

W GenBank zdeponowano 7 sekwencji, w tym trzy SSU-ITS-LSU i cztery *RPBI*, które jednoznacznie charakteryzują ten gatunek (Błaszowski et al. 2018a).

40. ***Sacculospora baltica*** (Błasz., Madej et Tadych) Oehl, Palenzuela, I.C. Sánchez, B.T. Goto, G.A. Silva et Sieverd.

n=2, n*=0: 70, 73

A: Wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*.

Gatunek oryginalnie znaleziony w Polsce (Słowiński Park Narodowy), później rozpoznany w Chile i Szwajcarii (Błaszowski 2012). Prawdopodobnie szeroko rozpowszechniony w świecie, ale trudny do rozpoznania i analizowania z powodu trudności jego hodowania w kulturach jednogatunkowych.

GenBank zawiera 16 sekwencji tego gatunku (*RPBI*, SSU-ITS-LSU).

41. ***Scutellospora dipurpurescens*** J.B. Morton et Koske.

n=73, n*=22: 2, 2*, 3, 4, 5, 7*, 8, 9, 9*, 12*, 13, 14, 15, 15*, 16, 17, 17*, 18, 19, 20, 20*, 23, 23*, 25*, 26, 26*, 28*, 29, 30*, 37, 37*, 39, 39*, 40, 42, 43, 43*, 44, 45, 46, 47, 50, 51, 52, 53, 55, 59, 61, 61*, 62, 64, 67, 69, 70, 71, 73, 73*, 74, 75, 77, 79, 80, 81, 82, 83, 83*, 84, 85, 86, 86*, 88, 92, 93, 94, 94*, 96, 97, 99, 100, 101, 101*, 102, 107, 109, 110, 113, 117, 121, 122, 123, 124, 126, 126*, 127, 130

A: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *L. odora*, *V. littoralis*, *L. japonicus* ssp. *maritimus*.

B: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *H. umbellatum*, *V. littoralis*.

Gatunek bardzo często znajdujący w Polsce, notowany również w Anglii, Holandii, Kanadzie, Meksyku, USA i na Węgrzech (Błaszowski 2012). *Scutellospora dipurpurescens* prawdopodobnie jest tożsamy z *Sc. calospora*, która jest najczęściej występującym gatunkiem tego rodzaju w świecie (Błaszowski 2021, dane nieopubl.).

W GenBank zdeponowano 33 sekwencji tego gatunku (SSU-ITS-LSU, *act*, *ef1-alfa*, *β-tubulina*, *cox-1*).

42. ***Septoglomus constrictum*** (Trappe) Sieverd., G.A. Silva et Oehl.

n=2, n*=5: 5, 6*, 11*, 35*, 103*, 115*, 128

A: Wydma Parnidis; spod *A. arenaria*, *V. littoralis*.

B: Wydma Parnidis i wydmy rezerwatu ścisłego Mierzei Kurońskiej; spod *A. arenaria*, *L. odora*.

Dane literaturowe, zbiory własne i te utrzymywane w kulturach w Pracowni Ochrony Roślin w Szczecinie, które zidentyfikowano na podstawie morfologii zarodników, świadczą, że *Se. constrictum* jest jednym z najczęściej i najpowszechniej występujących AGM w różnych siedliskach świata (Błaszowski, informacja ustna). *Septoglomus constrictum* notowano m.in.

w Beninie, na Bornholmie, w Brazylii, Chinach, na Cyprze, w Erytrei, Francji, Hiszpanii, Indiach, Izraelu, Kanadzie, Meksyku, Niemczech, Polsce, Portugalii, Szwajcarii, USA i na Węgrzech (Błaszowski 2012). Jednak wyniki analiz filogenetycznych okazów hodowanych w Pracowni wspomnianej wyżej wskazują, że zarodniki o morfologii *Se. constrictum* kryją co najmniej kilka tzw. gatunków kryptycznych, tj. nie różniących się morfologicznie. Aby je rozdzielić i umiejscowić wśród innych *Septoglomus* spp., konieczne jest utworzenie epitypu z zarodników zebranych z okolic Veracruz, Meksyk, gdzie ten gatunek został oryginalnie odkryty, i jego scharakteryzowanie molekularne. Jedyne dostępne okazami typowymi tego gatunku są martwe zarodniki utrwalone w laktofenolu.

W GenBank zdeponowano ca. 60 sekwencji tego gatunku (*hsp60*, SSU, ITS, LSU, β -*tubuliny*).

12. NOWO OPISANE TAKSONY I KOMBINACJE NOMENKLATUROWE AGM

W wyniku przeprowadzonych badań otrzymano 326 sekwencji barkodów, które zdeponowano w międzynarodowej bazie danych GenBank. Wśród nich było 110 sekwencji genu *RPB1* i 216 regionu SSU-ITS-LSU. Analizy molekularne i filogenetyczne tych sekwencji pozwoliły na utworzenie nowych taksonów i rewizję oraz uzupełnienie filogenezy wielu gatunków wcześniej opisanych w gromadzie Glomeromycota. W sumie scharakteryzowano molekularnie 50 taksonów, w tym jedną nową rodzinę, sześć nowych rodzajów, 19 nowych gatunków i pięć nowych kombinacji. Pozostałym 26 gatunkom uzupełniono opis molekularny. Wśród nowych gatunków były dwa, które odkryto na Mierzei Kurońskiej (*Diversispora sabulosa*, *Dominikia lithuanica*).

Nowa rodzina

Pervetustaceae Błaszcz., Chwat, Kozłowska, Szymanczik et Al-Yahya’ei

Nowe rodzaje

1. *Desertispora* Błaszcz., Kozłowska, Ryszka, Al Yahya’ei et Szymanczik
2. *Halonatospora* Błaszcz., Niezgoda, B.T Goto et Niezgoda
3. *Innospora* Błaszcz., Kovacs, Chwat et Kozłowska
4. *Oehlia* Błaszcz., Kozłowska, Niezgoda, B.T. Goto et Dalpé
5. *Pervetustus* Błaszcz., Chwat, Kozłowska, Szymanczik et Al-Yahya’ei
6. *Sclerocarpum* B.T. Goto, Błaszcz., Niezgoda, Kozłowska et Jobim

Nowe gatunki

1. *Acaulospora ignota* Błaszcz., Górska, Chwat et Goto. Mycological Progress 14(4). 2015.
2. *Claroideoglomus hanlinii* Błaszcz., Chwat et Górska. Mycological Progress 14(4). 2015.
Gatunek przeniesiony do rodzaju *Entrophospora* jako *E. hanlinii* (Błaszcz., Chwat et Górska) Błaszcz., Niezgoda, B.T. Goto et Magurno. Frontiers in Microbiology 13, 962856. 2022.
3. *Diversispora peridiata* Błaszcz., Chwat, Kovács et Górska. Mycological Progress 14 (105). 2015.
4. *Diversispora sabulosa* Błaszcz. et Kozłowska. Mycological Progress 17 (4), 444. 2018.
5. *Diversispora slowinskiensis* Błaszcz., Chwat, Kovács et Górska. Mycological Progress 14 (105). 2015.
6. *Diversispora sporocarpia* Chachuła, Mleczo, Zubek, Niezgoda, Kozłowska, Jobim, B.T. Goto et Błaszcz. Mycological Progress 18, 369–384. 2019.
7. *Diversispora varaderana* Błaszcz., Chwat, Kovács et Górska. Mycological Progress 14 (105). 2015.

8. *Dominikia difficilevidera* Błaszcz., Góralska et Chwat. Botany 93 (7). 2015.
9. *Dominikia duoreactiva* Błaszcz., Góralska et Chwat. Botany 93 (7). 2015.
10. *Dominikia emiratia* Błaszcz., Kozłowska, Mullath, AlDhaheri et Al-Yahya'ei. Botany 95(7), 629-639. 2017.
11. *Dominikia lithuanica* Błaszcz., Chwat et Góralska. Botany 94(12), 1075-1085. 2016.
12. *Dominikia litorea* Błaszcz. et Kozłowska. Phytotaxa (3), 338. 2018.
13. *Glomus bareae* Błaszcz., Niezgoda, B.T. Goto et Kozłowska. Botany 96, 737–748. 2018.
14. *Glomus tetrastratosum* Błaszcz., Chwat et Góralska. Mycoscience 56, 282. 2015.
15. *Kamienskia divaricata* Błaszcz., Chwat et Góralska. Botany 94(12), 1075–1085. 2016.
 Gatunek przeniesiony do nowego rodzaju jako *Microkamienskia divaricata* (Błaszcz., Chwat et Góralska) Corazon-Guivin, G.A. Silva et Oehl. Nova Hedwigia 109, 355–368. 2019.
16. *Pervetustus simplex* Błaszcz., Chwat, Kozłowska, Crossay, Szymanczik et Al.-Yahya'ei. Nova Hedwigia 105(3–4), 397–410. 2017.
17. *Rhizoglomus dunense* Błaszcz. et Kozłowska. Botany 95(7), 629–639. 2017.
18. *Sacculospora felinovi* A. Willis, Błaszcz., T. Prabhu, Chwat, Góralska, Sashidhar, P. Harris, J. D'Souza, Vaing. & Adholeya. Mycological Progress 15, 791–798. 2016.
19. *Sclerocarpum amazonicum* Jobim, Błaszcz., Niezgoda, Kozłowska et B.T. Goto. Mycological Progress 18, 369–384. 2018.

Nowe kombinacje

1. *Desertispora omaniana* (Szymanczik, Błaszcz. et Al-Yahya'ei) Szymanczik, Błaszcz., Kozłowska, et Al-Yahya'ei, comb. nov. Mycological Progress 17 (4), 444. 2018.
2. *Halonatospora pansihalos* (S.M. Berch et Koske) Błaszcz., Niezgoda, B.T. Goto et Kozłowska, comb. nov. Botany 96, 737–748. 2018.
3. *Innospora majewskii* (Błaszcz. et Kovács) Błaszcz., Kovács, Chwat et Kozłowska, Nova Hedwigia 105 (3–4), 403. 2017.
4. *Oehlia diaphana* (J.B. Morton et C. Walker) Błaszcz., Kozłowska et Dalpé. Nova Hedwigia 107 (3/4), 501–518.
5. *Rhizoglomus vesiculiferum* (Thaxt.) Błaszcz., Kozłowska, Niezgoda, B.T. Goto et Dalpé. Nova Hedwigia 107 (3/4), 501–518.

13. CECHY MORFOLOGICZNE I FILOGENETYCZNE NOWO OPISANYCH TAKSONÓW

Pervetustaceae

Błaszcz., Chwat, Kozłowska, Szymanczik et Al-Yahya'ei, **fam. nov.**

MycoBank MB820126.

Nova Hedwigia 105(3-4), 397–410. 2017.

Rodzaj typowy: *Pervetustus*. Błaszcz., Chwat, Kozłowska, Szymanczik et Al.-Yahya-ei.

Zarodniki tworzone pojedynczo, hialinowe, glomoidalne, bez cech fenotypowych, które świadczyłyby o odrębności taksonomicznej na poziomie rodziny. Tworzy mykoryzę z arbuskulami i innymi strukturami barwiącymi się zmiennie w błękitnie trypanowym: od jasno- do ciemnoniebieskiego. Filogenetycznie reprezentuje rząd Paraglomerales (grupa starożytnych AGM) i jest najbliższym spokrewnionym z *Innospora majewskii* oraz gatunkami z rodzaju

Paraglomus przynależącymi do rodziny Paraglomeraceae w tym rzędzie. Sekwencje nrDNA różnią się znacznie od *Innospora* i *Paraglomus* spp. Rodzinę wyróżniają następujące fragmenty sekwencji SSU i regionu ITS-2-LSU:

SSU

- CTTGGTGTCCGCGGGAACCAGGACCTTTACCTTGAAAAATTAGAGTGCTCAA
AGCGGGCTCGTACGCTTGAATACATTAAGCATGGAATAATGAAATAGGACGA
CGGTTCTATTTTGGTTTCCGGG,
- GCATTTGCCAAGGATGTTTTTCATTAATAAGAACGAAAGTTGGGGGATCGAAG
ACGATCAGATACCGTCGTAGTCTCAACCATAAATCATGCCGACTGGGAATCGG
GCGATGTTA.

ITS-2-LSU

- ATTCCTGGCCTCAGATCAAGCAAGACCACCCGCTGAACTTAAGCATATCAAT
AAGC,
- GTCCACGGCCGGCGCACCGGATGCGTACGATACGACCTC,
- AGTTCGTTCCGCGTGCACCTATTCCGCATGGCAGGCCAGCGTCGGTTTCGGACG
TCGTAACCGCCGGGGAAAGGTGGCCCCCGGGGGTGTTCACAGACCCTG
GTCAATGCGGCGTGCAGAACCGAGGAATGCGGCGGCGACCCTTCTGGGCTTG
GACCTTTCCTTTGTGTGGCGGC,
- TCGTTCGAGCTTGCTCGGGCGTGGGTGACCGTTCGCTCAA,
- CAACGCCAAGGACGCTGGCGTAATGGCTTCAAACGACCCGTCTTGAAACACG
GACCAAGGAGTC.

UWAGI. Nazwa pochodzi od łacińskiego *pervetusta* = „bardzo stary” i odnosi się do bardzo wczesnej genezy tego taksonu, jak wykazały analizy filogenetyczne (Błaszowski et al. 2017).

Desertispora

Błaszki., Kozłowska, Ryszka, Al Yahya’ei et Szymanczik, **gen. nov.**

Mycobank MB823563.

Mycological Progress 17 (4), 444. 2018.

Gatunek typowy: *Desertispora omaniana*. (Szymanczik, Błaszki. et Al-Yahya’ei) Szymanczik, Błaszki., Kozłowska et Al-Yahya’ei.

Basionym: *Diversispora omaniana* Szymanczik, Błaszki. et Al-Yahya’ei.

Różni się od innych taksonów w *Diversisporales* posiadaniem zlamowanej warstwy ściany zarodnika, która barwi się w odczynniku Melzera, i składem nukleotydów sekwencji ITS-1, ITS-2, LSU i *RPB1*:

ITS-1

- GAAATTTAATTCCCGGGAATTCTTGGTTCCCG,

ITS-2

- AAAATGAATTCTGGTTCAAGTCAAAAACGTTCTATGC,
- TCATTATGTTCCCCACCT,

LSU

- CGAAGTTCCAATCAGATACGCTCTCG,
- ACATTCGTGGGTCTTGACGACCACGGGTTAGAGCGTTC.

RPBI

- CTCTTCTCTTCCCTCTCTCTTCTCTTCCCTCTTCC,
- CAAATTCATCATGTTTTTCATTATTACTTATTCATATCACGCGGGAAAAAT,
- CTCCACCCACCCCGGAGCCAAGTACGTGATTAGGGATACCGGTGAAAGGATC
GAC.

UWAGI. Nazwa *Desertispora* odnosi się do pustynnego środowiska, w którym grzyb ten został znaleziony po raz pierwszy (Symanczik et al. 2018).

Halonatospora

Błaszcz., Niezgoda, B.T. Goto et Kozłowska, **gen. nov.**

Mycobank MB826963.

Botany 96, 737–748. 2018.

Gatunek typowy: *Halonatospora pansihalos* (S.M. Berch et Koske) Błaszcz., Niezgoda, B.T. Goto et Kozłowska.

Basionym: *Glomus pansihalos* S.M. Berch et Koske. Mycologia 78, 832. 1986.

Wyróżnia się (i) tworzeniem zarodników, u których, gdy zanurzone w PVLG, najbardziej zewnętrzna warstwa ściany zarodnika (warstwa 1. ściany zarodnika) silnie pęcznieje i przekształca się w strukturę zawierającą promieniście rozmieszczone kolumny, (ii) ornamentacją górnej powierzchni zlamowanej warstwy ściany zarodnika składającą się z równomiernie rozmieszczonych, półkulistych wypustek i (iii) składem nukleotydowym sekwencji ITS-1, LSU i *RPBI*.

ITS-1

- GCGAAAAAAAAGTATTTAAAACCCCACTC,
- TTTATTGTATGATAAATT.

LSU

- CCTTTGGGTGTACTTT.

RPBI

- CTGCATTCCAATTGTATATATTAATAAAAAAAAAAATT,
- TTTTTTTGATCTTTCAAATA oraz
- AAATACTAGTAGATATTATTATTC.

UWAGI. Nazwa gatunku, *pansihalos*, odnosi się do właściwości histochemicznych warstwy 1. ściany zarodnika, która w PVLG pęcznieje i tworzy aureolę (ang. halo) (Błaszczowski et al. 2018b).

Innospora

Błaszcz., Kovacs, Chwat et Kozłowska, **gen. nov.**

Mycobank MB820124.

Nowa Hedwiga 105(3–4), 397–410. 2017.

Gatunek typowy: *Innospora majewskii* (Błaszcz. et Kovacs) Błaszcz., Kovacs, Chwat et Kozłowska.

Basionym. *Paraglomus majewskii* Błaszcz. et Kovacs. Mycologia 104, 149, 2012.

Zarodniki pojedyncze, glomoidalne, hialinowe, z trzywarstwową ścianą zarodnika. Trzonek otwarty (bez przegrody). Tworzy mykoryzy z arbuskulami, wezykulami i innymi strukturami barwiącymi się jasno- do ciemnoniebieskiego w błękitnie trypanowym. Względem *Paraglomus* spp. różni się głównie posiadaniem następujących unikatowych fragmentów sekwencji SSU i ITS-2-LSU:

SSU

- GATAGAGGCCTACCATGGTAGTACGGGTAACGGGGAATTAGGGTGATTCCGGAGAGGG,
- GTCTTGTTATTGGAATGAGTACGATTTAAATCTCCTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAGCTCGTAGTTGAACTTCAGGCCTGTCCAGATGGTCCGCCTTAA,
- GCTCGAATACATTAGCATGGAATAATGGAATAGGACGATGGTTCTATTTTGTGGTTCTAGGACCGTTGTAATGATTAATAGGGATAGT,
- GGGGGCATTAGTATTCAATTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTATTGAAGAC TAACTACTGCGAAAGCATTTGCCAAGGATGTTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGACGATCAGATACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCGACTAGGAATCGGGCGATGTTGACAAAATGACTCGCTCGGCACCTCATGGGAAACCAAAGTGTGGGT.

ITS-2-LSU

- TTTATATTCCTTTATTATGAGACCTCAAATCAGACAAGAATACCCGCTGAACTT AAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAACTAACAAGGATTTCCCTAGTAACGGCGAGTGAAGCGGGACAGCTCAAATTTTAAATCGGTTTGCACAATGCAGCCCGAGTTGTAGTTTGAAGAAGTCTGTTCAG,
- TTGTGAAATTTTTTCGCATGGCAGGTCAGCATCAGTTTC,
- GCTCCCCGTGCTCAACAGCATGCTGAGTGGGTGTGGGGACGCTTTGAACACCA GGTGCGGAAGCCAGC.

UWAGI. Nazwa rodzaju pochodzi od połączenia łacińskich słów „*inno-*” (pływać, unosić się) i „*-spora*” (spora, zarodnik). Nawiązuję do unoszenia się zarodników na powierzchni wody. Rodzaj został utworzony głównie na podstawie analiz filogenetycznych, które zgrupowały sekwencje gatunku oryginalnie opisanego jako *Paraglomus majewskii* w oddzielnym kładzie w randze rodzaju (Błaszowski et al. 2017). Inną cechą rozdzielającą *I. majewskii* i *Paraglomus* spp. jest liczba ścian zarodnika: jedna vs. dwie. Jednak zarodniki z jedną i dwiema ścianami zarodnika również tworzą gatunki innych rodzajów. A więc liczba ścian w zarodniku nie definiuje rodzaju. Inne cechy morfologiczne i filogenetyczne oraz rozmieszczenie *I. majewskii* zostały opisane w monografii Glomeromycota (Błaszowski 2012).

Oehlia

Błasz., Kozłowska, Niezgodna, B.T. Goto et Dalpé, **gen. nov.**

Mycobank MB824689

Gatunek typowy: *O. diaphana* (J.B. Morton et C. Walker) Błasz., Kozłowska et Dalpé, **comb. nov.**

Basionym: *Glomus diaphanum* J.B. Morton et C. Walker. Mycotaxon 21, 433, 1984.

Różni się od przedstawicieli innych rodzajów Glomeromycota, które tworzą glomoidalne zarodniki, posiadaniem ściany zarodnika zawierającej dwie zlamowane warstwy (warstwy 2. i 3.) i specyficznymi sekwencjami w obrębie regionu SSU-ITS-LSU nrDNA i genu *RPB1*:

ITS-1

- TGCCTGTTTGAGGGTCATTTTAATAA,
- AGACGTA CT TAGAATTATTTTA,
- CTAGTAACTGCGAGTGAAGAGGGAAA.

RPBI

- CATAAATTGTCAGACATTTTGAAGGCTAATCAAAATTTACGACGTTAGAGTCC
GATGGTTCTCCAGCTCATGTTGTTAGTGAATTCGAAGCTTACTACAGGTACCA
ATTTATCTATATAATTAGTTTATATAAGTATCAGAAAAATAAATAC,
- TTTTTTTTTTTTGATTTATAGTTTCATTGTGCAACTTATATGGATAATGAAATGG
CTGGTCAGCCACAGGCATTACAAAATCTGGTAGACCTTTAAAATCAATTCGA
GCACGTCTTAAGGGTAAAGAAGGACGTCTTCGTGGGAATCTTATGGGTAAAC
GTGTAGACTTTTCTGCTCGTACAGTAATTACAGGAGATCCGAATATATCAGTA
GATGAAGTTGGAGTTCCGAAAAGTATAGCCTCAAATTTGACTTTCCTGAAAT
AGTAACTCCGTTAATGTTGATCTATTGCAAGAACTTGTA AAAAATGGTCCTT
CAATACATCCTGGAGCTAAATATGTTATTAGAGATACTGGAGAACGTATAGAT
CTGAAACATACTTCAGGGACACATGTTGTACGATTACAAAATGGTTGGAAAGT
AGAACGACATATTAATAATGGTGA.

UWAGI. Nazwa *Oehlia* została nadana w uznaniu zasług Dr. Fritza Oehla w dziedzinie badań nad Glomeromycota (Błaszowski et al. 2018a).

Pervetustus

Błaszki., Chwat, Kozłowska, Szymanczik et Al-Yahya'ei, **gen. nov.**

Mycobank MB 820127

Gatunek typowy: *Pervetustus simplex* Błaszki., Chwat, Kozłowska, Crossay, Szymanczik et Al-Yahya'ei.

OPIS. Cechy diagnostyczne i etymologia, jak dla rodziny Pervetustaceae.

UWAGI. Uwzględniając cechy morfologiczne, jak tworzenie małych, bezbarwnych zarodników z jedną ścianą zarodnika, *Pe. simplex*, jedyny przedstawiciel tego rodzaju, jest najbardziej podobny do *Innospora majewskii*. Jednak różnice w sekwencjach nrDNA tych gatunków są znaczące i wynoszą średnio 22,2%. Pozycja, jaką zajmują *Pe. simplex* w analizach filogenetycznych, dowodzi, że jest to nowa jednostka taksonomiczna w rangach rodzaju i rodziny (Błaszowski et al. 2017).

Sclerocarpum

B.T. Goto, Błaszki., Niezgoda, Kozłowska et Jobim, **gen. nov.**

Mycobank MB 828316.

Mycol Progress 18, 369–384. 2019.

Gatunek typowy: *Sclerocarpum amazonicum* Jobim, Błaszki., Niezgoda, Kozłowska et B.T. Goto.

OPIS. Morfologicznie *Sclerocarpum* wyróżnia się tworzeniem twardych sporokarpów z glomoidalnymi, hialinowymi zarodnikami, których zlaminiowana warstwa ściany zarodnika jest stosunkowo gruba w stosunku do bardzo małych wymiarów tych zarodników (35–58 µm śr., gdy kuliste). Zarodniki w sporokarpach są rozmieszczone losowo (nieregularnie). Sporokarpy mogą być jasne lub ciemne i zwykle są pokryte peridium. Występowały na powierzchni gleby i tuż pod nią. Ściana zarodników składa się z dwóch warstw, z których wewnętrzna, zlaminiowana, jest znacznie grubsza. Obie nie barwią się w odczynniku Melzera. Trzonek jest

hialinowy, cylindryczny, ze ścianą zbudowaną z dwóch warstw ciągłych z warstwami ściany zarodnika. Otwór trzonka jest otwarty lub zamknięty przez pogrubiającą się ścianę trzonka, rzadziej przez prostą, albo nieznacznie wgłębioną przegrodę, ciągłą z najbardziej wewnętrzną warstwą ściany trzonka. Przegroda usytuowana przy podstawie zarodnika. Kiełkowanie przez ścianę zarodnika.

Molekularnie, *Sclerocarpum* charakteryzują sekwencje następujących fragmentów nrDNA i genu *RPBI*:

SSU

- GGTCTTTGGTTGGTGAGAAG

ITS-1

- AATGAAATTACGATCATTTA

ITS-2

- AAAAGATCGATTTTGTGCGCTTTC, AGCTCACTTTTGAACCTTTC

LSU

- TAGCGATACTCGGGTTCTTTGGGCGTACTTTCTCGCT
GCCGAAGTGTTATAGCCTC
- CGTAACGGACGGGATC.

RPBI

- TTTCATAAGTCATGTAAGCGTTCATC
- TAAGCTTACGGAACTTTCTTGATATAG
- ACAACCACAAGCATTG
- GGTACATCCCGGAGCC
- CAGGGATACTGGAGAG.

UWAGI. Nazwa pochodzi od połączenia łacińskich słów „*sclero*” (twardy) oraz „*carpum*” (owocnik) i odnosi się do twardych sporokarpów, tworzonych przez *Sclerocarpum amazonicum*, dotychczas jedyny poznany gatunek rodzaju *Sclerocarpum* (Jobim et al. 2019).

Właściwości morfologiczne i filogenetyczne nowo opisanych gatunków i kombinacji nomenklaturowych

Acaulospora ignota Błaszcz., Góralaska, Chwat et Goto, **sp. nov.**

Mycobank MB 810924.

Mycological Progress 14(4). 2015.

OPIS. Tworzy zarodniki akaulosporioidalne, tj. bocznie na ramieniu pęcherza zarodnikotwórczego. *Zarodniki* jasnożółte (4A2) do żółtopomarańczowych (4B8), kuliste do nibykulistych, 65–80 µm śr., rzadko jajowate, 60–80 × 72–95 µm. Zarodniki z trzema ścianami zarodnika. Ściana 1., tworząca powierzchnię zarodnika, składa się z dwóch warstw, z których zewnętrzna (warstwa 1.) jest hialinowa do szarożółtej (4B3), ca. 1,2 µm gruba i stopniowo rozkłada się z wiekiem. Warstwa 2. jest z laminowana, żółtobiała (4A2) do żółtopomarańczowej (4B8), ca. 4,5 µm gruba, na górnej powierzchni urzeźbiona spłaszczonymi wzniesieniami. Ściana 2. zarodnika zbudowana z dwóch hialinowych, gładkich, półgłębionych warstw, które rzadko oddzielają się od siebie, nawet przy energicznym kruszeniu zarodników. Warstwa 1. nieznacznie cieńsza, obie warstwy mają grubość 1,0–1,3 µm. Ściana 3. zarodnika składa się z

dwóch warstw, obie są giętkie i hialinowe; warstwa 1. pokryta ziarnistymi naroślami; warstwa 2. barwi się w odczynniku Melzera na kolor białoróżowy (11A2) do ciemnoczerwonego (11D8). Pęczerek zarodnikotwórczy hialinowy z jasnożółtą (4A4) do żółtopomarańczowej (4B8) zawartością. *Mykoryza* z arbuskulami, wezykulami i strzępkami zewnątrz- i wewnątrzkorzeniowymi.

FILOGENEZA. Gatunek najbliższej spokrewniony z *Acaulospora nivalis* (Oehl et al. 2012).

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Małe żółte zarodniki z warstwą 2. ściany 1. zarodnika urzeźbioną spłaszczonymi brodawkami.

UWAGI. Nazwa „*ignota*” odnosi się do urzeźbienia warstwy 2. ściany 1. zarodnika, które z czasem zanika.

Zarodniki *A. ignota* wyizolowano z piaszczystych wydm Oceanu Atlantyckiego położonych w parku miasta Natal, w Brazylii (Błaszowski et al. 2015a).

Claroideoglomus hanlinii Błasz., Chwat et Góralska, **sp. nov.**

Mycobank MB 810925.

Mycological Progress 14(4). 2015.

OPIS. Zarodniki tworzone pojedynczo na końcu strzępki zarodnikonośnej (glomoidalne). Są jasnożółte (3A3) do oliwkowożółtych (3D8), kuliste (45–)71(–90) μm , rzadziej jajowate, 60–80 \times 70–88 μm . Ściana zarodnika zbudowana z dwóch warstw, z których pierwsza (warstwa 1.) jest śluzowata, bezbarwna, 0,8–2,5 μm gruba i złuszcza się z czasem. Warstwa 2. zlaminiowana, gładka, jasnożółta (3A3) do oliwkowożółtej (3D8), (3,3–)7,3(–11,8) μm gruba. Tylko warstwa 1. wykazuje dekstrynoidalne właściwości w odczynniku Melzera. *Trzonek* hialinowy, cylindryczny do nieznacznie lejkowatego, 5,5–10,0 μm szeroki przy podstawie zarodnika. Otwór trzonka zamknięty przegrodą ciągłą z kilkoma najbardziej wewnętrznymi słojami warstwy 2. ściany zarodnika. *Mykoryza* z arbuskulami i wezykulami barwiącymi się jasno lub ciemno w 0,1% błękitnie trypanu.

FILOGENEZA. Gatunkami najbliższej spokrewnionymi są *Entrophospora claroidea*, *E. etunicata*, *E. lutea* i *E. lamellosa*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Niewielkie, ciemno zabarwione zarodniki z prostą dwuwarstwową ścianą zarodnika i wąskim otworem trzonka. Względem pozostałych gatunków *Claroideoglomus* wyróżnia się grubą warstwą 2. ściany zarodnika, zmiennym barwieniem w odczynniku Melzera i składem nukleotydów regionu SSU-ITS-LSU nrDNA i genu *RPBI*.

UWAGI. *Claroideoglomus hanlinii* zostało oryginalnie znalezione na półwyspie Hicacos na północnym wybrzeżu Kuby (Błaszowski et al. 2015). Do tej pory jest to jedyne poznane miejsce występowania tego gatunku, a więc może on być rzadki lub endemiczny dla Kuby. Nazwa została nadana na cześć mykologa Prof. Richarda Hanlina, USA (Błaszowski et al. 2015a). Gatunek przeniesiony do rodzaju *Entrophospora* pod nazwą *E. hanlinii* Błasz., Niezgoda, B.T. Goto, and Magurno, **com. nov.**

Desertispora omaniana (Szymanczik, Błasz. et Al-Yahya’ei) Szymanczik, Błasz., Kozłowska, et Al-Yahya’ei, **comb. nov.**

Mycobank MB 823564.

Mycological Progress 17 (4), 444. 2018.

Basionym: *Diversispora omaniana*. Szymanczik, Błasz. et Al-Yahya’ei. Mycologia 106, 247. 2014.

OPIS. Zarodniki formowane w glebie na końcu strzępki zarodnikonośnej, hialinowe lub brązowożółte (5C8), z jednym trzonkiem. Zarodniki kuliste lub nibykuliste, (85–) 136(–170) μm śr., rzadziej jajowate, 110–160 \times 130–180 μm . Ściana zarodnika składa się z trzech warstw,

z których warstwa 1. jest hialinowa, szorstka, (1,0–)1,9(–2,8) μm gruba; u starszych zarodników jest często silnie rozłożona lub całkowicie złuszczone. Warstwa 2. jednolita, giętka, gładka, hialinowa do pastelowo żółtej (2A4), (1,5–)2,4(–3,8) μm gruba. Warstwa 3. z laminowana, gładka, hialinowa, o grubości (4,8–)8,9(–22,0) μm ; czasem po skruszeniu zarodników rozwarstwa się, uwalniając grupy słoików lub pojedyncze słoiki. W odczynniku Melzera warstwa 2. barwi się na jasnożółto (3A3), warstwa 3. na różowo (9A2) do matowo czerwonego (11C3). *Trzonek* hialinowy do pastelowo żółtego (2A4), (10,8–)14,3(–23,5) μm szeroki przy podstawie zarodnika. Otwór trzonka (3,0–)7,1(–14,3) μm szeroki przy podstawie zarodnika, otwarty lub zamknięty przez nieznacznie wgłębioną przegrodę. Przegroda usytuowana do 15,7 μm poniżej podstawy zarodnika. Zawartość zarodnika kleista, nieprzejrzysta, hialinowa do brązowożółtej (5C8).

FILOGENEZA. Najbliżej spokrewniona z *Redeckera megalocarpum* i *Glomus tortuosum*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Jak dla rodzaju *Desertispora*.

UWAGI. Nazwa “*omaniana*” wywodzi się od Omanu, w którym ten gatunek został znaleziony po raz pierwszy (Symanczik et al. 2018).

Diversispora peridiata Błaszcz., Chwat, Kovács et Góralaska, **sp. nov.**

MycoBank MB 814173.

Mycological Progress 14 (105). 2015.

OPIS. Zarodniki tworzone w glebie i wewnątrz korzeni, glomoidalne. Powstają pojedynczo, rzadko w luźnych lub zwartych gronach zawierających 3–21 zarodników. Czasami są pokryte peridium złożonym z hialinowych strzępek o szerokości 2,8–8,5 μm . *Zarodniki* jasnożółte (4A2) do żółtych (4A6), kuliste, glomoidalne lub nibykuliste, (35–)74(–100) μm śr., rzadziej jajowate, 70–80 \times 90–100 μm . *Ściana zarodnika* zbudowana z dwóch warstw, z których pierwsza (warstwa 1.) jest trwała, jednolita, jasnożółta (3A3) do żółtobrunatnej (5C8), 0,8–2,3 μm gruba. Warstwa 2. z laminowana, hialinowa, 3,4–7,5 μm gruba, czasami rozwarstwa się u energicznie skruszonych zarodników. Zarówno ściana zarodnika, jak i peridium nie barwią się w odczynniku Melzera. *Trzonek* cylindryczny do lejkowego, (5,0–)6,1(–8,3) μm szeroki przy podstawie zarodnika. *Otwór trzonka* zamknięty przegrodą ciągłą z kilkoma najbardziej wewnętrznymi słoikami warstwy 2. ściany zarodnika. *Mykoryza* z arbuskulami i strzępkami barwiącymi się jasno w 0,1% błękitie trypanu.

FILOGENEZA. Najbliższymi filogenetycznie gatunkami są *Diversispora gibbosa* i *Diversispora trimurales*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Okazjonalne tworzenie zarodników w skupieniach, obecność peridium na powierzchni skupień zarodników i pojedynczych zarodnikach, stosunkowo gruba, zabarwiona i trwała warstwa 1. ściany zarodnika oraz skład nukleotydów regionu SSU-ITS-LSU nrDNA i genu *RPBI*.

UWAGI. Nazwa *peridiata* nawiązuje do peridium tworzącego płaszcz grzybniowy otaczający zarodniki tego gatunku. *Diversispora peridiata* została oryginalnie znaleziona w Słowińskim Parku Narodowym, w ryzosferze *A. arenaria* (Błaszczowski et al. 2015d).

Diversispora sabulosa Błaszcz. et Kozłowska, **sp. nov.**

MycoBank MB 823568.

Mycological Progress 17 (4), 444. 2018.

OPIS. Zarodniki glomoidalne, tworzone pojedynczo w glebie. *Zarodniki* kuliste do nibykulistych, (17–)51(–67) μm , czasem jajowate, 80–110 \times 95–130 μm , ciemnożółte (4A8), pomarańczowożółte (4B8) do brązowożółtych (5C8). *Ściana zarodnika* zbudowana z dwóch warstw. Warstwa 1. półgiętka, jednolita, trwała (nie złuszcza się), hialinowa do jasnożółtej (4A5), (1,2–)2,5(–3,6) μm gruba. Warstwa 2. z laminowana, trwała, gładka, żółta (4A8) do

pomarańczowożółtej (4B8), rzadko brązowożółtej (5C8), (3,8–)5,2(–7,5) μm gruba. Żadna z warstw nie wykazuje reakcji amyloidальной lub dekstrynoidalnej w odczynniku Melzera. *Trzonek* w jasnożółty (3A3–4A4), prosty lub zakrzywiony, cylindryczny do lejkowatego, czasami nieznacznie zwężony przy podstawie zarodnika, (5,6–)6,9(–8,5) μm szeroki przy podstawie zarodnika. *Ściana trzonka* złożona z warstw ciągłych z warstwami 1. i 2. ściany zarodnika. *Otwór trzonka* (1,4–)2,4(–3,0) μm szeroki, otwarty lub zamknięty przez prostą lub nieznacznie wgłębioną przegrodę wywodzącą się z wewnętrznej ściany trzonka.

FILOGENEZA. Najbliżej spokrewniona z *Diversispora aurantia* i *D. spurca*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Trwała, jednolita, bezbarwna warstwa 1. ściany zarodnika, która jest stosunkowo gruba w porównaniu do złaminowanej warstwy 2. tej ściany, i skład nukleotydowy sekwencji regionu SSU-ITS-LSU nrDNA i genu *RPB1*. Spośród opisanych *Diversispora* spp., tylko *D. peridiata* tworzy zarodniki z dwiema trwałymi warstwami ściany zarodnika, ale zarodniki *D. peridiata* powstają w skupieniach pokrytych peridium (vs. pojedynczo bez peridium).

UWAGI. Nazwa „*sabulosa*” (piaszczysty, żwirowaty) odnosi się do siedliska, w którym ten gatunek został oryginalnie znaleziony (Symanczik et al. 2018).

Diversispora slowinskiensis Błaszcz., Chwat, Góralska et Kovács, **sp. nov.**

Mycobank MB 814174.

Mycol. Progress 14, 105, 8/12. 2015.

OPIS. *Zarodniki* powstają pojedynczo w glebie, glomoidalne, bladożółte (2A3) do szarożółtych (3B5), kuliste do nibykulistych, (75–)138(–190) μm śr., rzadziej jajowate, (70–115 \times 105–170 μm). *Ściana zarodnika* posiada trzy warstwy. Warstwa 1. hialinowa do żółtobrunatnej (5E8), (1,0–)2,3(–5,3) μm gruba, często pokryta pęcherzykowatymi zgrubieniami, do 7 μm wysokimi. Warstwa 2. nietrwała, jednolita, gładka, bezbarwna, 0,8–4,0 μm gruba, rozkłada się z wiekiem, czasem całkowicie złuszcza się u starszych zarodników; u młodych okazów jest plastyczna, czasami pęcznieje w PVLG. Warstwa 3. giętka, złaminowana, bezbarwna, 2,3–10,0 μm gruba. Żadna z tych warstw nie barwi się w odczynniku Melzera. *Trzonek* zwykle hialinowy, rzadko żółtobrunatny (5E8), cylindryczny do lejkowatego, nieco zwężony przy podstawie zarodnika, prosty lub nieznacznie zakrzywiony, 9,3–15,4 μm szeroki przy podstawie zarodnika. *Otwór trzonka* (2,5–)3,7(–4,5) μm przy podstawie zarodnika, zamknięty prostą lub nieznacznie wgłębioną przegrodą ciągłą z warstwą 3. ściany zarodnika. *Mykoryza* z arbuskulami barwiącymi się blado w 0,1% błękitnie trypanu.

FILOGENEZA. Filogenetycznie najbliżej spokrewniona z *Diversispora arenaria* i *D. jakucsiaae*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Warstwa 1. ściany zarodnika urzeźbiona pęcherzykowatymi wyrostami, złaminowana warstwa 2. ściany zarodnika łatwo rozwarstwiają się u skruszonych zarodników i skład nukleotydowy sekwencji nrDNA regionu SSU-ITS-LSU oraz genu *RPB1*.

UWAGI. Gatunek znaleziony w Słowińskim Parku Narodowym (SPN). Porównania sekwencji *D. slowinskiensis* z sekwencjami zdeponowanymi w publicznych bazach danych sugerują, że gatunek ten jest endemitem dla SPN (Błaszczowski et al. 2015d).

Diversispora sporocarpia Chachuła, Mleczek, Zubek, Niezgoda, Kozłowska, Jobim, B.T. Goto et Błaszcz., **sp. nov.**

Mycobank MB 828318.

Mycological Progress 18, 369–384. 2019.

OPIS. Glomerokarpy szaro pomarańczowe (6B3) do jasnobrązowych (6D8), epigeiczne. Peridium cienkie, hialinowe do jasnożółtego (4A4), tylko częściowo pokrywające zarodniki. Gleba żółta (3A6) do jasnobrązowej (5D8), zbudowana z hialinowych prostych lub

rozgałęzionych strzępek, o szerokości 12,5–22,3 μm i setek zarodników. *Zarodniki* glomoidalne, żółte (3A6) do jasnobrązowych (5D8), zwykle jajowate, 110–140 \times 140–190 μm . *Ściana zarodników* złożona z czterech warstw. Warstwa 1. półprzezroczysta, bladożółta (4A3), nibygiętka, gładka, (0,8–)1,4(–2,3) μm gruba, gdy nienaruszona. Warstwa 2. jednolita, nibygiętka, żółta (3A6) do jasnobrązowej (5D8), (1,0–)1,5(–2,0) μm gruba. Obie warstwy przylegają do siebie ściśle, nawet po bardzo energicznym skruszeniu zarodników. Warstwa 3. zlaminiowana, trwała, hialinowa do białozółtej (4A2), (5,0–)7,6(–9,8) μm gruba, składająca się z cienkich, <0,5 μm grubych, słoików, które czasami rozdzielają po energicznym kruszeniu zarodników. Warstwa 4. jednolita, trwała, giętka, hialinowa, 0,4–0,7 μm gruba, luźno związana z warstwą 3. Żadna z warstw nie barwi się w odczynniku Melzera. *Trzonek* pastelowo żółty (3A4) do szarozółtego (3B8), prosty lub zakrzywiony, cylindryczny, rzadziej lejkowaty, (10,2–)12,2(–15,7) μm szeroki przy podstawie zarodnika. *Ściana trzonka* złożona z czterech warstw ciągłych z warstwami 1–4 ściany zarodnika. *Otwór trzonka* (0,8–)3,0(–5,0) μm śr. przy podstawie zarodnika, zamknięty przez pogrubiające się ściany trzonka, czasem przez przegrodę łączącą wewnętrzne powierzchnie warstwy 4. ściany trzonka lub obie te struktury.

FILOGENEZA. Filogenetycznie najbliższej spokrewniona z *Diversispora epigaea*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Różni się od innych gatunków z rodzaju *Diversispora* z powodu tworzenia zwartych glomerokarpów z losowo rozmieszczonymi zarodnikami, pod względem własności fenotypowych warstw ściany zarodnika i składem nukleotydowym sekwencji nrDNA regionu SSU-ITS-LSU oraz genu *RPB1*.

UWAGI. Dotychczas gatunek znany tylko ze stanowiska, w którym został oryginalnie znaleziony, tj. w Pienińskim Parku Narodowym. Nieznane są własności jego mykoryzy, ponieważ nie badano korzeni *Maianthemum bifolium*, z którymi był potencjalnie związany w polu i podjęte próby wyhodowania go w kulturze jednogatunkowej nie powiodły się.

Nazwa „*sporocarpia*” nawiązując do sporokarpów (= glomerokarpów) tworzonych przez ten gatunek (Jobim et al. 2019).

Diversispora varaderana Błaszcz., Chwat, Kovács et Góralska, **sp. nov.**

MycoBank MB 814172.

Mycological Progress 14, 105, 3/12. 2015.

OPIS. *Zarodniki* glomoidalne, tworzone pojedynczo, żółte (3A6) do ciemnożółtych (4C8), kuliste (60–)75(–90) μm śr. *Ściana zarodnika* zbudowana z dwóch warstw, z których pierwsza szybko rozkłada się z czasem, jest hialinowa do jasnożółtej (2A2), 1,0–1,5 μm gruba. Warstwa 2. zlaminiowana, gładka, żółta (3A6) do ciemnożółtej (4C8), 3,3–7,5 μm gruba. Obie warstwy nie barwią się w odczynniku Melzera. *Trzonek* hialinowy do jasnożółtego (2A2), cylindryczny do lejkowatego, 4,5–8,5 μm szeroki przy podstawie zarodnika. *Otwór trzonka* zamknięty przegrodą ciągłą z kilkoma najbardziej wewnętrznymi słoikami warstwy 2. ściany zarodnika. *Mykoryza* z arbuskulami barwiącymi się blado w 0,1% błękie trypanu.

FILOGENEZA. Filogenetycznie najbliższej spokrewniona z *Diversispora insculpta*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Morfologicznie różni się od *D. insculpta*, która również ma zarodniki ze ścianą zarodnika składającą się z dwóch warstw, w tym, że warstwa 1. tej ściany jest nietrwała (vs. trwała u *D. insculpta*), a wewnętrzna powierzchnia warstwy 2. jest gładka (vs. urzeźbiona dołkami; Błaszczowski 2012). Ponadto różni się składem nukleotydowym sekwencji nrDNA regionu SSU-ITS-LSU i genu *RPB1*.

UWAGI. Gatunek oryginalnie znaleziony niedaleko miasta Varadero, na półwyspie Hicacos, na północnym wybrzeżu Kuby (Błaszczowski et al. 2015d).

Fylotypy o podobieństwie molekularnych sekwencji SSU-ITS-LSU $\geq 97\%$, świadczącym o tożsamości gatunkowej, zidentyfikowano również w Czechach Środkowych, Polsce i Wielkiej Brytanii.

Dominikia difficilevidera Błaszcz., Góralska et Chwat, **sp. nov.**

Mycobank MB 812248.

Botany 93(7). 2015.

OPIS. Zarodniki glomoidalne, zwykle tworzone pojedynczo, bardzo rzadko w luźnych skupieniach, z 2–5 zarodnikami. *Zarodniki* hialinowe, kuliste, 31–45 μm śr., rzadko jajowate, 31–38 μm \times 33–59 μm , z trzywarstwową ścianą zarodnika. Warstwa 1. nibytrwała, (1.1–)1.8(–2.8) μm gruba gdy nienaruszona, zwykle tylko nieznacznie rozłożona u dojrzałych zarodników. Warstwa 2. z laminowaną, gładką, (0.8–)1.2(–1.6) μm gruba, składająca się z bardzo cienkich, <0.5 μm , słoików ściśle przylegających do siebie. Warstwa 3. giętka do nibygiętkiej, (0.6–)0.7(–1.0) μm gruba, zwykle oddzielająca się od dolnej powierzchni warstwy 2. u skruszonych zarodników. Żadna z warstw 1–3 nie barwi się w odczynniku Melzera. *Trzonek* cylindryczny do lejkowatego, 4,6–7,2 μm szeroki przy podstawie zarodnika. *Otwór trzonka* zamknięty przegrodą ciągłą z warstwą 3. ściany zarodnika. *Mykoryza* z arbuskulami i wezykulami, które barwią się ciemno w 0,1% błękie trypanu.

FILOGENEZA. Najbliżej spokrewniona z *Do. achra* i *Do. duoreactiva*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Bardzo małe hialinowe zarodniki, rzadko tworzone w skupieniach, wyraźnie grubsza warstwa 1. ściany zarodnika niż główna strukturalna z laminowaną warstwą 2. tej ściany i skład nukleotydowy sekwencji nrDNA regionu SSU-ITS-LSU oraz genu *RPB1*.

UWAGI. Nazwa „*difficilevidera*” nawiązuje do trudności w zaobserwowaniu bardzo małych i bezbarwnych zarodników tego gatunku. *Dominikia difficilevidera* została odkryta w Słowińskim Parku Narodowym (Błaszczowski et al. 2015b).

Dominikia duoreactiva Błaszcz., Góralska et Chwat, **sp. nov.**

Mycobank MB 812247.

Botany 93(7). 2015.

OPIS. Zarodniki tworzone w luźnych lub zwartych gronach, z 20 do ponad 100 zarodnikami. *Zarodniki* jasnożółte (4A4) do pomarańczowożółtych (4B8), kuliste, 30–70 μm śr., rzadko jajowate, wydłużone do nieregularnych, 35–60 μm \times 55–90 μm . *Ściana zarodnika* zbudowana z trzech warstw. Warstwa 1. nibytrwała, gładka lub nieznacznie chropowata, hialinowa, (1.0–)1.3(–1.8) μm gruba, czasami nieznacznie rozkłada się z wiekiem. Warstwa 2. z laminowaną, gładką, jasnożółtą (4A4) do pomarańczowożółtej (4B8), (1.6–)2.2(–3.4) μm gruba, składająca się z bardzo cienkich, $<0,5$ μm grubości, słoików, ściśle przylegających do siebie. Warstwa 3. giętka do nibygiętkiej, hialinowa, (0.6–)0.8(–1.0) μm gruba, zwykle oddzielająca się od dolnej powierzchni warstwy 2. u skruszonych zarodników. Warstwy 1. i 3. barwią się w odczynniku Melzera. *Trzonek* cylindryczny do lejkowatego, 5,5–12,0 μm szeroki przy podstawie zarodnika. *Otwór trzonka* zwykle zamknięty przegrodą ciągłą z warstwą 3. ściany zarodnika, rzadziej otwarty. *Mykoryza* z arbuskulami i wezykulami barwiącymi się ciemno w 0,1% błękie trypanu.

FILOGENEZA. Filogenetycznie najbliżej spokrewniona z *Do. achra*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Tworzenie skupień z licznymi małymi, żółtymi zarodnikami, barwienie się dwóch składowych ściany zarodnika, warstw 1. i 3., w odczynniku Melzera i skład nukleotydowy sekwencji nrDNA regionu SSU-ITS-LSU oraz genu *RPB1*.

UWAGI. Nazwa „*duoreactiva*” pochodzi od barwienia się dwóch warstw ściany zarodnika, w odczynniku Melzera. *Dominikia duoreactiva* została oryginalnie znaleziona w wydmach nadmorskich wyspy Giftung należącej do Egiptu (Błaszczowski et al. 2015b).

Dominikia emiratia Błaszcz., Kozłowska, Mullath, AlDhaheri et Al-Yahya’ei, **sp. nov.**

Mycobank MB 819815.

Botany 95(7), 629–639. 2017.

OPIS. Zarodniki glomoidalne, tworzone w glebie w luźnych lub zwartych skupieniach z 3–15 zarodnikami. *Zarodniki* pomarańczowe (6B8) do brązowo pomarańczowych (7C8), zwykle kuliste, (40–)63(–87) μm śr., rzadziej jajowate, 40–83 \times 60–100 μm . *Ściana zarodnika* zbudowana z trzech warstw. Warstwa 1. trwała, gładka, hialinowa do bladożółtej (4A3), (0,8–)1,3(–2,3) μm gruba. Warstwa 2. z laminowana, gładka, jasnożółta (3A6–4A4), (2,3–)3,1(–5,0) μm gruba, ściśle związana z warstwą 3. Warstwa 3. z laminowana, pomarańczowa (6B8) do brązowo pomarańczowej (7C8), (2,8–)6,1(–9,8) μm gruba. W odczynniku Melzera tylko warstwa 3. barwi się na kolor rudobrązowy (9C8–9D8). *Trzonek* jasnożółty (3A6) do jasnopomarańczowego (5A4), czasem nieznacznie zwężony przy podstawie zarodnika, prosty lub zakrzywiony, cylindryczny, rzadko lejkowaty, (10,0–)14,4(–25,0) μm szeroki przy podstawie zarodnika. *Otwór trzonka* (1,0–)2,4(–11,5) μm śr., zwykle otwarty, rzadko zamknięty wgłębioną przegrodą ciągłą z kilkoma najbardziej wewnętrznymi słojami warstwy 3. ściany zarodnika.

FILOGENEZA. Filogenetycznie najbliższej spokrewniona z *Do. compressa*, ale pokrewieństwo to wynosi tylko ca. 87%.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. W porównaniu do *Do. compressa* zarodniki *Do. emiratia* (i) są ciemniej zabarwione, (ii) mają bardziej złożoną ścianę zarodnika o innych cechach fenotypowych i histochemicznych oraz (iii) ich trzonek jest ca. 1,4-rza szerszy przy podstawie zarodnika, wyraźnie jaśniejszy niż ściana zarodnika, mimo że ściana zarodnika i ściana trzonka są ciągłymi strukturami (Oehl et al. 2015). Ponadto gatunki te różni skład nukleotyduowy sekwencji nrDNA regionu SSU-ITS-LSU.

UWAGI. W środowisku naturalnym *Do. emiratia* zarodnikowała w ryzofosferze *Citrus x aurantiifolia*, *Punica granatum* i *Vitis vinifera*, które uprawiano w gospodarstwie rolnym w Zjednoczonych Emiratach Arabskich (Al-Yahya’ei et al. 2017).

Dominikia lithuanica Błaszcz., Chwat et Góralska, **sp. nov.**

Mycobank 818099.

Botany 94(12), 1075–1085. 2016.

OPIS. Zarodniki glomoidalne, powstają w glebie w luźnych lub zwartych gronach, 90–300 \times 95–360 μm , również zawierających liczne sterylne strzępki wiążące materię organiczną. Zarodniki powstają na końcu strzępki zarodnikonośnej, odgałęzionej od strzępki rodzicielskiej, ciągłej z zewnątrzkorzeniową strzępką mykoryzową. *Zarodniki* hialinowe do bladożółtych (3A3), kuliste, (22–)39(–52) μm śr., czasami jajowate, wydłużone lub nieregularne, 27–55 \times 34–89 μm , z jednym trzonkiem. *Ściana zarodnika* z trzema warstwami, z których tylko 3. czasami jest bladożółta (3A3). Warstwa 1. nibytrwała, giętka, (0,8–)1,3(–1,5) μm gruba, czasami całkowicie złuszczone u starszych zarodników. Warstwa 2. trwała, jednolita, nibygiętka, (1,0–)1,3(–1,8) μm gruba, czasem oddzielająca się od warstwy 3. u skruszonych zarodników. Warstwa 3. trwała, z laminowana, nibygiętka, (1,6–)2,4(–3,6) μm gruba, nierozwarstwiająca się po nawet energicznym kruszeniu zarodników. W odczynniku Melzera warstwy 1. i 3. barwią się od pomarańczowobiałego (6A2) do szaroczerwonego (7B3). *Trzonek* hialinowy do bladożółtego (3A3), prosty lub zakrzywiony, cylindryczny do lejkowatego, rzadko zwężony przy podstawie zarodnika, (3,0–)6,7(–11,3) μm szeroki przy podstawie zarodnika. *Otwór trzonka* (0,8–)1,9(–5,5) μm śr. przy podstawie zarodnika, otwarty.

FILOGENEZA. Molekularnie najbliższej spokrewniona z *Do. achra*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. *Dominikia lithuanica* różni się od *Do. achra* pod względem (i) barwy zarodników, które u *Do. achra* pozostają hialinowe przez ich cały cykl życiowy, (ii) własności fenotypowych i histochemicznych warstw ściany zarodnika i (iii) wymiaru trzonka, ściany trzonka oraz otworu łączącego kanał trzonka z wnętrzem zarodnika (Błaszczowski et al.

2009). Ponadto gatunki te różni skład nukleotydowy sekwencji nrDNA regionu SSU-ITS-LSU i genu *RPBI*.

UWAGI. Nazwa „*lithuanica*” odnosi się do Litwy, gdzie gatunek ten został odkryty (Błaszowski et al. 2016).

Dominikia litorea Błasz. et Kozłowska, **sp. nov.**

Mycobank MB 823832.

Phytotaxa (3):338. 2018.

OPIS. Zarodniki glomoidalne, tworzone w glebie, w luźnych lub zwartych gronach, z 3–22 zarodnikami. *Zarodniki* hialinowe, zwykle kuliste lub nibykuliste, (11–)25(–35) μm sr. , rzadko jajowate, 23–33 \times 29–50 μm , z jednym trzonkiem. *Ściana zarodnika* składa się z dwóch trwałych hialinowych warstw o tej samej grubości, (0,8–)1,0(–1,2) μm . Warstwa 1. jednolita, gładka. Warstwa 2. zlaminiowana, gładka, złożona z bardzo cienkich, <0,5 μm grubości, ściśle przylegających słoików, nierozdzielających się nawet po energicznym kruszeniu zarodników, często oddzielająca się od warstwy 1., nawet u nieskruszonych zarodników. W odczynniku Melzera tylko warstwa 2. barwi się na bladoczerwono (7A3) do pastelowoczerwonego (7A5), rzadziej na kolor pastelowo żółty (3A4) lub ciemnoczerwony (9A8). *Trzonek* hialinowy, prosty lub zakrzywiony, zwykle lejcowaty, rzadziej cylindryczny lub zwężony przy podstawie zarodnika, (2,5–)3,7(–9,0) μm szeroki przy podstawie zarodnika. *Ściana trzonka* (0,8–)1,3(–2,0) μm gruba przy podstawie zarodnika, zbudowana z dwóch warstw ciągłych z warstwami 1. i 2. ściany zarodnika. *Otwór trzonka* otwarty, (0,8–)1,6(–5,8) μm sr. przy podstawie zarodnika. *Mykoryza* z arbuskulami, wezykulami i strzępkami wewnątrz- oraz zewnątrzkorzeniowymi barwiącymi na biało fioletowo 16A2 do ciemnofioletowego 16E8) w błękitnie trypanu

FILOGENEZA. Najbliżej spokrewniona z *Do. indica*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Jednakowa grubość warstw 1. i 2. ściany zarodnika, barwna reakcja warstwy 2. ściany zarodnika w odczynniku Melzera oraz skład nukleotydowy sekwencji nrDNA regionu SSU-ITS-LSU i genu *RPBI*. Różni się od *Do. indica* pod względem własności fenotypowych i histochemicznych warstw ściany zarodnika oraz składu nukleotydowego sekwencji nrDNA regionu SSU-ITS-LSU i genu *RPBI*.

UWAGI. Nazwa gatunku „*litorea*” nawiązuje do piaszczystych wydm, w których został on oryginalnie znaleziony. W wydmach tych *Do. litorea* była prawdopodobnie związana z korzeniami *Xanthium spinosum*, które rosło niedaleko miasta Verico (Grecja) przy Morzu Śródziemnym (Błaszowski et al. 2018c). Przeszukiwania BLASTu, wykorzystując sekwencje SSU-ITS-LSU *D. litorea*, zasugerowały, że *D. litorea* również występuje w Chinach; podobieństwo wykazanych fylotypów wynosiło 98%.

Glomus bareae Błasz., Niezgoda, B.T. Goto et Kozłowska, **sp. nov.**

Mycobank MB 826965.

Botany 96, 737–748. 2018.

OPIS. Zarodniki glomoidalne, tworzone w glebie w skupieniach zawierających do ponad stu zarodników. *Zarodniki* pastelowo żółte do jasnożółtych, kuliste do nibykulistych, (38–)61(–82) μm sr. , rzadko jajowate, 50–79 \times 57–94 μm , lub podłużne, 50–57 \times 160–197 μm . *Ściana zarodnika* składa się z trzech warstw. Warstwa 1. nietrwała, śluzowata, hialinowa, gładka, (1,0–)1,3(–1,5) μm gruba gdy nienaruszona, z wiekiem staje się chropowata i stopniowo rozkłada się, czasami nieznacznie pęcznieje w PVLG. Warstwa 2. trwała, zlaminiowana, gładka, jasnożółta (4A3) do pastelowo żółtej (3A4). Warstwa 3. trwała, jednolita, giętka do nibygiętkiej, jasnożółta (3A3), (0,6–)0,8(–1,0) μm gruba. Tylko warstwa 1. barwi się w odczynniku Melzera na szaroczerwono (9B5) do czerwono-brązowego (9D8). *Trzonek* pastelowo żółty (3A4) do jasnożółtego (4A3), cylindryczny lub nieznacznie lejcowaty, czasem zwężony przy podstawie zarodnika, (6,0–)10,2(–13,8) μm szeroki przy podstawie zarodnika.

Ściana trzonka złożona z trzech warstw ciągłych z warstwami 1–3 ściany zarodnika. *Otwór* zwykle otwarty, rzadziej zamknięty przez wgłębioną przegrodę, ciągłą z warstwą 3. ściany trzonka. Przegroda ca. 0,8 μm gruba, umiejscowiona przy podstawie zarodnika lub 3,6 μm niżej. *Mykoryza* z arbuskulami, wezykulami i licznymi pętlami barwiącymi się ciemno w błękitnie trypanu.

FILOGENEZA. Najbliżej spokrewnione z *Gl. tetrastratosum*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. W porównaniu do *Gl. bareae*, zarodniki *Gl. tetrastratosum* mogą być znacznie ciemniejsze, niemal 3-krotnie większe, gdy kuliste, mają ścianę zarodnika 2.4–3.4-raza grubszą, która składa się z czterech warstw (vs. 3-warstwowa u *G. bareae*). Ponadto trzonek *G. tetrastratosum* jest 1.7–2.1-raza szerszy, ma 1.7–2.4-raza grubszą ścianę i do 1.6-raza szerszy otwór przy podstawie zarodnika. W końcu oba gatunki różnią się wyraźnie molekularnie: o 3.7%–4.1% i 1.4%–1.6%, jak wykazały porównania sekwencji odpowiednio regionu SSU-ITS-LSU nrDNA i genu *RPBI*.

UWAGI. Gatunek został znaleziony w wydmach nadmorskich w okolicach Świnoujścia, gdzie prawdopodobnie żył w symbiozie z *A. arenaria*. Został nazwany na cześć profesora Jose Miguel Bareae, w uznaniu jego osiągnięć badawczych nad AGM (Błaszowski et al. 2018b).

Glomus tetrastratosum Błaszcz., Chwat et Góralska, **sp. nov.**

MycoBank MB 809375.

Mycoscience 56, 282. 2015.

OPIS. Zarodniki glomoidalne, tworzone na końcu strzępki zarodnikonośnej, interkalarnie, w luźnych gronach z 2–58 zarodnikami lub pojedynczo, z jednym trzonkiem. *Zarodniki* jasnożółte (3A2), pastelowo żółte (3A3) do żółtobrunatnych (5C8), kuliste, (55–)136(–240) μm śr., rzadko jajowate, 90–135 \times 110–150 μm . *Ściana zarodnika* zbudowana z czterech warstw. Warstwa 1. śluzowata, hialinowa, (1,0–)2,6(–5.5) μm gruba, często pęczniejąca w PVLG, rzadko całkowicie złuszczone u starszych zarodników. Warstwa 2. jednolita, gładka, giętka do nibygiętkiej, hialinowa, (0,8–)1,3(–2,3) μm gruba, zwykle ściśle przylegająca do warstwy 3. Warstwa 3. z laminowaną, gładka, jasnożółta (3A4) do brązowożółtej (5C8), (5,5–)8,8(–13,3) μm gruba. Warstwa 4. giętka do nibygiętkiej, jednobarwna z warstwą 3., (0,8–)0,9(–1,0) μm gruba, ściśle przylegająca do warstwy 3., przez co może być trudna do zauważenia. Tylko warstwa 1. barwi się na różowo (11A5) do czerwonego (11C8) w odczynniku Melzera. *Trzonek* cylindryczny do lejkowatego, pastelowo żółty (3A4) do brązowożółtego (5C8), (13,3–)17,2(–28,3) μm szeroki przy podstawie zarodnika, gdzie czasem jest nieznacznie zwężony. *Ściana trzonka* pastelowo żółta (3A4) do brązowożółtej (5C8); (6,0–)7,2(–8,5) μm gruba przy podstawie zarodnika, ciągła z warstwami 1–4 ściany zarodnika. *Otwór trzonka* (1,5–)4,1(–13,8) μm śr., otwarty lub zamknięty przegrodą ciągłą z warstwą 4. ściany zarodnika. *Mykoryza* z arbuskulami, wezykulami i strzępkami barwiącymi się ciemno w 0,1% błękitnie trypanu.

FILOGENEZA. Najbliżej spokrewnione z *Gl. aggregatum* i *Gl. macrocarpum*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Główne różnice rozdzielające *Gl. tetrastratosum* od *Gl. aggregatum* i *Gl. macrocarpum* tkwią w liczbie warstw ściany zarodnika (cztery vs. trzy) i składzie nukleotydowym sekwencji nrDNA regionu SSU-ITS-LSU oraz genu *RPBI*.

UWAGI. Nazwa gatunku „*tetrastratosum*” odnosi się do czterowarstwowej ściany zarodnika. *Glomus tetrastratosum* zostało oryginalnie opisane na podstawie zarodników wyekstrahowanych z kultur jednogatunkowych utworzonych z zarodników pochodzących z kultur pułapkowych zainokulowanych mieszaniną gleby ryzosferowej i fragmentów korzeni *Ammophila arenaria*, *Carex arenaria*, *Corynephorus canescens* i *Juncus articulatus*. Rośliny te kolonizowały wydmy nadmorskie Słowińskiego Parku Narodowego (Błaszowski et al. 2015c).

Halonatospora pansihalos (S.M. Berch et Koske) Błaszcz., Niezgoda, B.T. Goto et Kozłowska, **comb. nov.**

Mycobank MB 826964.

Botany 96, 737–748. 2018.

OPIS. Zarodniki glomoidalne, tworzone pojedynczo lub w luźnych skupieniach, głównie w glebie, czasem w korzeniach. Skupienia jasnożółte (3A3) do czerwono-brązowych (9F8), 2–15 × 4–8 mm, z kilkoma do ponad stu zarodnikami, często z fragmentami korzeni, ziarnami piasku i zanieczyszczeniami glebowymi. *Zarodniki* jasno żółte (3A3) do czerwono-brązowych (9F8), kuliste do nibykulistych, (100–)130–155(–200) μm śr., z jednym trzonkiem. *Ściana zarodnika* złożona z trzech warstw. Warstwa 1. nibytrwała, hialinowa do bladej (4A3), (0,5–)1,0–5,0(–1,5–15,0) μm gruba, silnie pęczniająca w PVLG i przez to tworząca aureolę z promienistymi kolumnami. Warstwa 2. z laminowaną, jasnożółta (3A3) do czerwono-brązowej (9F8), 2,0–38,0 μm gruba, na górnej powierzchni urzeźbiona równomiernie rozmieszczonymi półkolistymi brodawkami. Warstwa 3. giętka do nibygiętkiej, hialinowa do jasnożółtej (4A3), rzadko oddzielająca się od dolnej powierzchni warstwy 2., nawet po energicznym kruszeniu zarodników. W odczynniku Melzera tylko warstwy 1. i 2. barwią się odpowiednio na fioletoworóżowo (15D8) i jasnobrązowo (7D8) do czerwono-brązowego (8D8). *Trzonek* prosty lub nieznacznie zakrzywiony, jasnożółty (2A3–3A3) do brązowego (7E8), cylindryczny do nieznacznie lejkowatego, czasem zwężony przy podstawie zarodnika, (10,0–)15,5(–20,0) μm szeroki przy podstawie zarodnika. *Ściana trzonka* od jasnożółtej (3A3) do brązowej (7E8), zbudowane z trzech warstw ciągłych z warstwami ściany zarodnika, (3,6–)4,5(–5,5) μm gruba przy podstawie zarodnika. *Otwór trzonka* otwarty lub zamknięty przez pogrubiającą się warstwę 2. ściany trzonka lub warstwę 3. ściany zarodnika.

FILOGENEZA. Najbliżej spokrewniona z *Oehlia diaphana* i *Sclerocystis sinuosa*. Jednak zarodniki *O. diaphana* są bezbarwne i warstwa 3. ich ściany zarodnika jest z laminowana. *Sclerocystis sinuosa* tworzy zwarte glomerokarpy z promieniście rozmieszczonymi zarodnikami, które powstają na szczycie strzępek rozwiniętych ze splotu grzybni umiejscowionej w środku glomerokarpu.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Jak dla rodzaju *Halonatospora*.

UWAGI. *Halonatospora pansihalos* prawdopodobnie ma ogólnoswiatowe rozprzestrzenienie, ale jest gatunkiem występującym rzadko. Jego obecność stwierdzono w Brazylii, Chinach, Polsce i USA (Błaszczowski et al. 2018b).

Innospora majewskii (Błaszcz. et Kovács) Błaszcz., Kovács, Chwat et Kozłowska, **comb. nov.**

Mycobank 561205.

Nova Hedwigia 105 (3–4), 403. 2017.

Basionym: *Paraglomus majewskii* Błaszcz. et Kovács, Mycologia 104 (1), 149. 2012.

OPIS. *Zarodniki* glomoidalne, powstają pojedynczo w glebie, hialinowe, zwykle kuliste (35–)63(–78) μm śr., rzadziej jajowate lub o nieregularnym kształcie, 50–70 × 65–90 μm. *Ściana zarodnika* zbudowana z trzech warstw. Warstwa 1. nibygiętka, złuszcza się z wiekiem, gładka, (0,5–)0,7(–1,0) μm gruba, gdy nienaruszona. Warstwa 2. trwała, z laminowaną, gładka, (2,5–)3,5(–4,4) μm gruba. Warstwa 3. trwała, giętka, ca. 0,5 μm gruba. Żadna z warstw 1–3 nie barwi się w odczynniku Melzera. *Trzonek* prosty lub zakrzywiony, cylindryczny, (3,2–)4,6(–5,9) μm szeroki przy podstawie zarodnika. *Ściana trzonka* (0,7–)1,4(–2,0) μm gruba przy podstawie zarodnika, złożona z dwóch warstw ciągłych z warstwami 1 i 2 ściany zarodnika; warstwa 1. rzadko obecna z powodu złuszczenia. *Otwór* (1,2–)1,9(–2,5) μm szeroki, otwarty.

FILOGENEZA. Najbliżej spokrewniona z gatunkami z rodzaju *Paraglomus*.

CECHY WYPRÓŻNIAJĄCE. Jak dla rodzaju *Innospora*.

UWAGI. Nazwa „*majewskii*” została nadana na cześć Profesora dr. hab. Tomasza Majewskiego, wybitnego mykologa i fitopatologa.

Kamienskia divaricata Błaszcz., Chwat et Góralska, **sp. nov.**

Mycobank MB 818100.

Botany 94(12), 1075–1085. 2016.

OPIS. Zarodniki glomoidalne, tworzone w podziemnych, luźnych lub zwartych skupieniach, 60–270 × 70–330 μm, z licznymi sterylnymi strzępkami, (1,4–)2,6(–3,8) μm szerokimi. Zarodniki powstają na szczycie strzępek zarodnikotwórczych odgałęzionych od strzępki macierzystej, ciągłej z zewnątrzkorzeniową strzępką mykoryzową. Zarodniki hialinowe, kuliste, (10–)22(–29) μm śr., rzadziej jajowate lub wydłużone do nieregularnych, 4–25 × 18–42 μm. Ściana zarodnika z dwiema trwałymi, gładkimi warstwami. Warstwa 1. jednolita, nibygiętka do półsztywnej, (0,6–)1,0(–1,2) μm gruba, łatwo oddzielająca się od górnej powierzchni warstwy 2. u skruszonych zarodników. Warstwa 2. złaminowana, (0,8–)1,0(–1,2) μm gruba. Tylko warstwa 2. barwi się w odczynniku Melzera na różowobiało (7A2) do pastelowo żółtego (3A4). Trzonek hialinowy, prosty lub zakrzywiony, cylindryczny do nieznacznie lejkowatego, (2,2–)4,5(–8,0) μm szeroki przy podstawie zarodnika, gdzie często jest zwężony. Ściana trzonka (1.1–)1.4 (–1.7) μm gruba przy podstawie zarodnika, złożona z dwóch warstw ciągłych z warstwami 1. i 2. ściany zarodnika. Otwór otwarty (0,4–)2,6(–3,8) μm śr.

FILOGENEZA. Najbliżej spokrewniona z *Kamienskia perpusilla*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Cechami morfologicznymi wyróżniającymi *K. divaricata* są jej bardzo małe zarodniki, które pozostają hialinowe niezależnie od wieku, i częste barwienie się warstwy 2. ściany zarodnika w odczynniku Melzera. Jednak unikatowość tego gatunku głównie tkwi w jego sekwencjach regionu SSU-ITS-LSU nrDNA i genu *RPB1*.

Morfologicznie *K. perpusilla* i *K. divaricata* są trudne do odróżnienia. Strukturą najwyraźniej rozróżniającą te dwa gatunki jest ich trzonek zarodnika, który u *K. divaricata* jest 1,1–1,7-raza szerszy i ma otwór o średnicy ca. 2-krotnie większej. Ponadto warstwy 1. i 2. ściany zarodnika są odpowiednio jednolita i złaminowana, odwrotnie niż u *K. perpusilla*. W końcu warstwy 2. ściany zarodnika *K. divaricata* nigdy nie kurczy się u zarodników energicznie skruszonych w PVLG, jak czyni to warstwy 2. ściany zarodnika *K. perpusilla*.

UWAGI. Nazwa „*divaricata*” odnosi się do rośliny gospodarza *Tabernaemontana divaricata*, z którą gatunek ten prawdopodobnie był związany w warunkach naturalnych. *Kamienskia divaricata* została odkryta w Republice Południowej Afryki, niedaleko miasta Strand (Błaszczowski et al. 2016).

Oehlia diaphana (J.B. Morton et C. Walker) Błaszcz., Kozłowska et Dalpé, **comb. nov.**

Mycobank MB 824693.

Nova Hedwiga 107 (3/4), 501–518.

Basionym: *Glomus diaphanum*. J.B. Morton et C. Walker. Mycotaxon 21, 433. 1984.

OPIS. Zarodniki glomoidalne, formowane pojedynczo lub w luźnych skupieniach. Zarodniki hialinowe, połyskujące, kuliste (50–)90(–130) μm śr., rzadziej jajowate, 110–125 × 80–90 μm. Ściana zarodnika zbudowana z trzech warstw. Warstwa 1. śluzowata, cienka, ≤0,5 μm gruba, ściśle przyległa do warstwy 2., zwykle całkowicie złuszczonej u większości dojrzałych zarodników. Warstwa 2. złaminowana, gładka, (3,0–)4,7(–6,5) μm gruba. Warstwa 3. jednolita lub złaminowana, w zależności od grubości. W odczynniku Melzera tylko warstwy 1. barwi się na białoróżowo (7A2). Trzonek hialinowy, prosty lub zakrzywiony, cylindryczny do lejkowatego, (7,0–)9,5(–12,3) μm szeroki przy podstawie zarodnika. Ściana trzonka złożona z

trzech warstw ciągłych z warstwami 1–3 ściany zarodnika. *Mykoryza* z arbuskulami i wezykulami barwiącymi się ciemno w błękitcie trypanu.

FILOGENEZA. Najbliżej spokrewniona z *Glomus proliferum* i *Rhizoglomus intraradices*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Jak dla rodzaju *Oehlia*.

UWAGI. Prawdopodobnie gatunek szeroko rozpowszechniony w świecie, znajduwany w glebach użytkowanych rolniczo i nieużytkach.

Pervetustus simplex Błaszcz., Chwat, Kozłowska, Crossay, Szymanczak et Al.-Yahya’ei, **sp. nov.**

MycoBank MB 820128.

Nowa Hedwiga 105(3–4), 397–410. 2017.

OPIS. Zarodniki glomoidalne, tworzone pojedynczo w glebie. *Zarodniki* hialinowe, kuliste, (17–)51(–67) μm śr., rzadko jajowate 52–58 \times 58–63 μm , z jednym trzonkiem. *Ściana zarodnika* złożona z dwóch hialinowych warstw. Warstwa 1. złuszcza się z wiekiem, (1,0–)1,5(–2,3) μm gruba, gdy nienaruszona. Warstwa 2. trwała, złaminowana, (3,8–)5,1(–7,3) μm gruba. Obie warstwy nie wykazują amyloidowości i dekstrynowości w odczynniku Melzera. *Trzonek* hialinowy, prosty lub zakrzywiony, cylindryczny do nieznacznie lejkowatego, czasami nieznacznie zwężony przy podstawie zarodnika, (3,8–)5,1(–5,8) μm szeroki przy podstawie zarodnika. *Ścianki trzonka* (1,0–)1,3(–1,8) μm gruba przy podstawie zarodnika, ciągła z warstwami 1. i 2. ściany zarodnika. *Otwór trzonka* (0,8–)1,8(–2,8) μm śr., otwarty lub zamknięty prostą lub nieznacznie wgłębioną przegrodą łączącą wewnętrzne powierzchnie warstwy 2. ściany trzonka.

FILOGENEZA. Najbliżej spokrewnionym gatunkiem jest *Innospora majewskii*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Cechami morfologicznymi najbardziej wyróżniającymi *Pe. simplex* są jego bardzo małe, bezbarwne zarodniki z prostą ścianą zarodnika, która składa się z dwóch warstw nie reagujących w odczynniku Melzera.

Zarodniki *Pe. simplex* i *I. majewskii* są podobne pod względem koloru (hialinowe) i cech trzonka. Jednak ściana zarodnika *I. majewskii* jest 1,4–1,6-rza grubsza i składa się z trzech warstw. Ponadto otwór trzonka tego gatunku jest otwarty. Oba gatunki najbardziej przekonująco rozdziela skład nukleotydowy sekwencji regionu SSU-ITS-LSU nrDNA.

UWAGI. Używając metod tradycyjnych, *Pe. simplex* prawdopodobnie jest trudne do znalezienia w warunkach naturalnych z powodu niewielkich zarodników, których żywotność jest krótka. Nazwa gatunkowa pochodzi od łacińskiego słowa „*simplex*”, tzn. prosty i nawiązuje do nieskomplikowanej budowy zarodnika.

W środowisku naturalnym *Pe. simplex* było związane z korzeniami *Salvadora persica* i *Tetreaana quatarensis*, które zasiedlały nieużytki w Al.-Kamel, w rejonie Al.-Sharqya, w Omanie. Gatunek ten również żył w symbiozie z *Ammophila arenaria* w nadmorskich wydmach Morza Śródziemnego, niedaleko Saloników, i z *Alphitonia neocaledonica*, rośliną endemiczną, która rosła przy kopalni niklu na Nowej Kaledonii (Błaszczowski et al. 2017).

Mimo, że przeszukiwania bazy BLAST w czasie opisywania gatunku nie ujawniły sekwencji o podobieństwie $\geq 97\%$, świadczącym o tożsamości gatunkowej i sugerującym, że *Pe. simplex* rzadko występuje w świecie, ostatnie doniesienia literaturowe dowodzą, że gatunek ten ma znacznie szersze rozmieszczenie.

Rhizoglomus dunense Błaszcz. et Kozłowska, **sp. nov.**

MycoBank MB 819816.

Botany 95(7), 629–639. 2017.

OPIS. Zarodniki glomoidalne, tworzone pojedynczo w glebie, hialinowe, zwykle kuliste, (39–)99(–125) μm sr. , rzadziej jajowate, 41–53 \times 70–85 μm . *Ściana zarodnika* zbudowana z trzech hialinowych warstw. Warstwa 1. nibytrwała, gładka lub nieznacznie chropowata, (1,0–)1,8(–5,0) μm gruba, gdy nienaruszona, rzadko silnie rozłożona lub całkowicie złuszczone u dojrzałych zarodników. Warstwa 2. z laminowana, gładka, (4,0–)6,0(–8,8) μm gruba. Warstwa 3. jednolita, gdy 0,5–0,8 μm gruba, z laminowana gdy grubsza, giętka do półgiętkiej, zwykle ściśle przyległa do warstwy 2., czasami oddzielająca się od tej warstwy, gdy grubsza. W odczynniku Melzera warstwy 1. i 3. barwią się odpowiednio na białoróżowo (9A2) do ciemnoczerwonego (10C8) i na bladeżółto (3A3). *Trzonek* hialinowy, prosty lub zakrzywiony, cylindryczny, rzadziej lejkowaty, (3,3–)5,2(–6,8) μm szeroki przy podstawie zarodnika. *Ściana trzonka* hialinowa, (3,3–)5,2(–6,8) μm gruba przy podstawie zarodnika, złożona z trzech warstw ciągłych z warstwami 1–3 ściany zarodnika. *Otwór trzonka* (1,8–)3,9(–8,0) μm sr. , otwarty.

FILOGENEZA. Najbliżej spokrewnione z *Rhizoglossum clarum*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Strukturą najbardziej wyróżniającą *Rh. dunense* jest hialinowa warstwa 3. ściany zarodnika, która staje jasnożółta w odczynniku Melzera. Wtedy *Rh. dunense* sprawia wrażenie, że jest tożsamy z *Rh. clarum*, którego warstwa 3. ściany zarodnika jest zabarwiona naturalnie. Najjaśniejsze młode zarodniki *Rh. clarum* są białe, ale większość dojrzałych zarodników staje się zabarwiona. Ponadto zarodniki *Rh. clarum* są 1,5–2,6-rza większe, gdy kuliste, mają 1,3–2,0-razy grubszą ścianę zarodnika i przy podstawie zarodnika ich trzonek jest 1,2–4,0-razy szerszy i ma 1,6–5,7-rza grubszą ścianę. Najbardziej przekonujące różnice między *Rh. dunense* i *Rh. clarum* tkwią w ich sekwencjach regionu SSU-ITS-LSU nrDNA i genu *RPBI*. Na przykład odchylenie sekwencji SSU-ITS-LSU tych gatunków wynosi 12,6–13,4%.

UWAGI. Łacińska nazwa „*dunense*” odnosi się do siedliska, w którym gatunek ten został znaleziony: wydmy nad Morzem Śródziemnym, niedaleko Saloników (Al-Yahya’ei et al. 2017).

Rhizoglossum vesiculiferum (Thaxt.) Błaszcz., Kozłowska, Niezgoda, B.T. Goto et Dalpé, **comb. nov.**

MycoBank 824697.

Nova Hedwiga 107 (3/4), 501–518, 2018.

Basionym: *Endogone vesiculifera*. Thaxt. Proc. Amer. Acad. Arts Sci. 57: 309, 1922.

OPIS. Zarodniki glomoidalne, formowane w glebie w luźnych gronach, po 4 do 18 zarodników, rzadko pojedynczo, często z hialinowymi, pęcherzykowatymi strukturami, przypominającymi puste zarodniki. *Zarodniki* pastelowo żółte (3A4) do jasnożółtych (4A4), zwykle kuliste, (69–)90(–108) μm sr. , rzadziej jajowate 75–83 \times 80–91 μm , z jednym trzonkiem. *Ściana zarodnika* złożona z trzech gładkich warstw. Warstwa 1. nibytrwała, hialinowa, półprzezroczysta, z laminowana, (1,8–)3,1(–4,5) μm gruba, nieznacznie pęczniejąca w PVLG. Warstwa 2. trwała, jednolita, hialinowa, (1,0–)1,3(–2,3) μm gruba, ściśle przyległa do warstwy 3., przez co może być niewidoczna. Warstwa 3. trwała, z laminowana, pastelowo żółta (3A4) do jasnożółtej (4A4), (10,5–)12,0(–13,0) μm gruba, łatwo rozwarstwiająca się, nawet u nieskruszonych zarodników. W odczynniku Melzera warstwa 1. barwi się na białe żółto (3A3) do bladeżółtego (4A3), warstwa 2. na żółtoczerwono (9A7) do białe czerwonego (12A2), a warstwa 3. na ciemnorubiniowo (12F8). *Trzonek* pastelowo żółty (3A4) do jasnożółtego (4A4), prosty lub nieznacznie zakrzywiony, cylindryczny do lejkowatego, (9,0–)12,8(–15,5) μm szeroki przy podstawie zarodnika. *Ściana trzonka* (3,8–)4,5(–5,3) μm gruba przy podstawie zarodnika, ciągła z warstwami 1–3 ściany zarodnika. *Otwór trzonka* (1,5–)3,0(–5,3) μm sr. przy podstawie zarodnika, otwarty.

FILOGENEZA. Najbliżej spokrewnione z *Rhizoglossum irregulare*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Pod względem morfologii najbardziej przypomina *Rh. fasciculatus*, lecz *Rh. vesiculiferum* różni się morfologią spor (brak trzeciej warstwy w ścianie zarodnika u *Rh. fasciculatus*) oraz właściwościami histochemicznymi (warstwa pierwsza nie pęcznieje w PVLG u *Rh. fasciculatus*). Pod względem molekularnym *Rh. vesiculiferum* jest najbliższe *Rh. irregulare*, które również różni się pod względem morfologii: np. warstwa 1. ściany zarodnika *Rh. vesiculiferum* jest z laminowana, a u *Rh. irregulare* jest jednolita.

UWAGI. *Rhizoglosum vesiculiferum* zostało oryginalnie opisane jako *Endogone vesiculifera* (Thaxter 1922). Gerdemann i Trappe (1974) umieścili ten gatunek w rodzaju *Glomus*, a Schüßler i Walker (2010) w rodzaju *Funneliformis*. Redecker et al. (2013) ostatnią decyzję uznali za błędną i przenieśli tego grzyba do *Rhizoglosum*. Jednak przeniesienie to zostało dokonane tylko na podstawie sekwencji SSU i w zrekonstruowanym drzewie filogenetycznym z tymi sekwencjami *Rh. vesiculiferum* zagnieździło się wśród sekwencji *Rh. irregulare*, świadcząc o tożsamości tych gatunków. Jednak analizy filogenetyczne przeprowadzone przez Błaszkińskiego et al. (2018) z sekwencjami SSU-ITS-LSU i *RPB1* jednoznacznie rozdzieliły te dwa gatunki.

Według Thaxtera (1922) oraz Gerdemanna i Trappego (1974), morfologicznie *Rh. vesiculiferum* jest niemal identyczne z *Rh. fasciculatum*. Jednak opisy *Rh. fasciculatum* sporządzone przez tych badaczy były niekompletne. Obecnie *Rh. vesiculiferum* i *Rh. fasciculatum* są łatwe do odróżnienia (Błaszkiński 2012; Walker, Koske 1987). Pierwszy gatunek nie ma giętkiej warstwy 3. ściany zarodnika, która występuje u drugiego grzyba. Ponadto warstwa 1. ściany zarodnika *Rh. vesiculiferum* jest półtrwała, z laminowana i pęcznieje w PVLG, podczas gdy warstwa 1. ściany zarodnika *Rh. fasciculatum* jest trwała, jednolita i nie pęcznieje w PVLG.

Nazwa „*vesiculiferum*” odnosi się do pęcherzykowatych, sterylnych struktur często tworzonych przez ten gatunek.

Sacculospora felinovii Willis, Błaszkiński, T. Prabhu, Chwat, Góralska, Sashidhar, Harris, J. D'Souza, Vaingankar et Adholeya, **sp. nov.**

MycoBank MB 817258.

Mycol. Progress 15(7). 2016.

OPIS. Zarodniki entroforoidalne, tworzone wewnątrz ramienia pęcherza zarodnikotwórczego, pojedynczo w glebie. Zarodniki bladożółte (4A3) do szaro pomarańczowych (5B5), kuliste (100–)171(–230) µm śr., rzadziej jajowate, 140–170 × 190–210 µm, pokryte płaszczem grzybniovym. Płaszcz grzybniovym 15–50 µm gruby, hialinowy do brązowożółtego (5C8), zbudowany z ściśle poprzesplatanymi, prostymi lub powyginanymi, 4–8 µm szerokimi strzępkami, z licznymi odgałęzieniami. Zarodniki z dwiema ścianami zarodnika, tworzonymi sukcesywnie, nie mającymi kontaktu fizycznego. Ściana 1. zbudowana z trzech warstw. Warstwa 1., tworząca powierzchnię zarodnika, trwała, giętka do półgiętkiej, bladożółta (4A3) do pastelowo żółtej (4A4), (1,3–)1,5(–1,8) µm gruba, na górnej powierzchni urzeźbiona równomiernie rozmieszczonymi brodawkami. Warstwa 2. trwała, jednolita, półgiętka, gładka, (0,8–)1,1(–1,5) µm gruba. Warstwa 3. trwała, sztywna, jednolita, czasami pękająca u skruszonych zarodników, (1,5–)2,6(–4,0) µm gruba, z brzegami prawie czarnymi w świetle spolaryzowanym. Ściana 2. złożona z trzech jednolitych, hialinowych, gładkich warstw. Warstwa 1. giętka do nibygiętkiej, (1,0–)1,3(–1,5) µm gruba, luźno związana z warstwą 2. u nienaruszonych zarodników, zawsze oddzielająca się od niej u skruszonych zarodników. Warstwa 2. z laminowana, skórzasta, (1,0–)3,5(–5,8) µm gruba. Warstwa 3. giętka, (1,0–)1,1(–1,3) µm gruba, zawsze ściśle przyległa do dolnej powierzchni warstwy 2. u nienaruszonych zarodników, często oddzielająca się od tej warstwy po skruszeniu zarodników. Pęcherz zarodnikotwórczy jajowaty, 104–116 × 123–148 µm, hialinowy do jasnożółtego (4A4), połączony z zarodnikiem krótkim trzonkiem, 10,5–25,0 µm szerokim, otaczającym kolistą otwór, 10,0–22,5 µm śr., gdy oglądany z góry.

FILOGENEZA. Najbliżej spokrewniona z *Sacculospora baltica*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Nienaruszone zarodniki *Sc. felinonii* i *Sc. baltica* są nierozróżnialne pod względem morfologii. Główne różnice między tymi gatunkami tkwią w ich strukturze ściany 1. zarodnika i własnościach fenotypowych jej składowych (warstw). Po pierwsze, ściana 1. zarodnika *S. felinonii* składa się z trzech warstw, a u *Sc. baltica* jest ona 4-warstwowa, nie posiadając złuszczonej się, hialinowej warstwy 1. *Sc. baltica* (Błaszowski et al. 1998; Błaszowski 2021). Po drugie, warstwę ściany 1. zarodnika, która jest urzeźbiona brodawkami u *Sc. felinonii*, jest warstwa 1., podczas gdy u *Sc. baltica* jest nią warstwa 2. Ponadto brodawki u *Sc. felinonii* są 3–4-krotnie wyższe i stąd bardziej widoczne. Po trzecie, główną warstwę strukturalną ściany 1. zarodnika *Sc. felinonii* jest najgrubsza warstwa 3., która jest pokryta cienką warstwą 2. U *Sc. baltica* warstwa 3. również jest najgrubsza, ale jest ona 1,2–1,5-rza cieńsza i pokrywa cienką najbardziej wewnętrzną warstwę 4. Po czwarte, w świetle spolaryzowanym żadna z warstw ściany 1. zarodnika *Sc. baltica* nie ukazuje własności dwójłomnych. W końcu unikatowość *Sc. felinonii* względem *Sc. baltica* najbardziej przekonywująco wyraża odchylenie ich sekwencji SSU-ITS-LSU, które średnio wynosi 10,1%.

UWAGI. *Sacculospora felinonii* została odkryta w wydmach wybrzeży Goa w Indiach. Nazwa „*felinonii*” została nadana na cześć Prof. Bernarda Felinon Rodriguesa, który poświęcił 25 lat na badania AGM (Willis et al. 2016).

Sclerocarpum amazonicum Jobim, Błasz., Niezgoda, Kozłowska et B.T. Goto, **sp. nov.**

MycoBank MB 828317.

Mycological Progress 18, 369–384. 2018.

OPIS. Zarodniki glomoidalne, tworzone w epigeicznych lub subepigeicznych glomerokarpach (= sporokarpach). *Glomerokarpy* jasnożółte (3A3) do węglowych (3F1), nieregularne w kształcie, (1200–)950 × 1600(–2000) μm, częściowo pokryte peridium, które jest cienkie, białozółte (3A2) do jasnożółtego (3A3). Wnętrze glomerokarpu jasnożółte, z hialinowymi, prostymi lub rozgałęzionymi strzępkami, 5,0–10,1 μm szerokimi, ze ścianą 0,8–1,3 μm grubą, i setkami hialinowych zarodników. *Zarodniki* kuliste (35–)48(–58) μm śr., do jajowatych, 38–52 × 44–63 μm, z 2-warstwową ścianą zarodnika. Warstwa 1. trwała, jednolita, gładka, (0,8–)1,3(–1,5) μm gruba, ściśle przyległa do warstwy 2., która jest trwała, z laminowaną, gładką, nibygiętka. Żadna z warstw nie barwi się w odczynniku Melzera. *Trzonek* zarodnika hialinowy, prosty lub zakrzywiony, lejkowaty, (11,0–)14,9(–19,0) μm szeroki przy podstawie zarodnika. *Ściana trzonka* (4,3–)7,0(–9,3) μm gruba, zbudowana z dwóch warstw ciągłych z warstwami 1. i 2. ściany zarodnika. *Otwór* trzonka (1,2–)1,8(–2,8) μm szeroki przy podstawie zarodnika, otwarty lub zamknięty przez pogrubioną warstwę 2. ściany trzonka lub rzadziej przez przegrodę ciągłą z kilkoma najbardziej wewnętrznymi słojami z laminowanej warstwy 2. ściany zarodnika.

FILOGENEZA. Najbliżej spokrewnione z *Glomus macrocarpum* i *Funneliformis mosseae*.

CECHY WYRÓŻNIAJĄCE. Właściwości molekularne i morfologiczne, jak dla rodzaju *Sclerocarpum*.

UWAGI. Do tej pory znajdujący jedynie w rezerwacie Adolfo Ducke Forest, który jest częścią lasów Amazonii. Stąd wywodzi się nazwa „*amazonicum*” (Jobim et al. 2019).

14. DYSKUSJA

Dane ogólne. Badano występowanie arbuskularnych grzybów mykoryzowych (AGM) w wydmach Mierzei Kurońskiej w celu określenia możliwości ich wykorzystania w ochronie roślin chronionych i wydym tego obszaru. Obecność AGM określono w 132 mieszaninach gleby ryzosferowej i fragmentów korzeni pochodzących spod pięciu gatunków roślin (*Ammophila arenaria*, *Hieracium umbellatum*, *Lathyrus japonicus* ssp. *maritimus*, *Linaria loeselli*, *Viola littoralis*) oraz w kulturach pułapkowych zainokulowanych częścią każdej z tych prób. Analizy

morfologiczne i molekularne wykazały obecność 42 morfotypów, z których 25 reprezentowały opisane gatunki, a 17 uznano za nieopisane. Spośród morfotypów uznanych za nieopisane, dotychczas opublikowano opisy i ilustracje diagnostyczne, z charakterystykami morfologicznymi, molekularnymi i filogenetycznymi, dwóch nowych gatunków, *Diversispora sabulosa* (Symanczik et al. 2018) i *Dominikia lithuanica* (Błaszowski et al. 2016b). Ponadto, na podstawie żywej kolekcji AGM hodowanych w Katedrze Kształtowania Środowiska, opisano nową rodzinę, *Pervetustaceae*, sześć nowych rodzajów: *Desertispora*, *Halonatospora*, *Innospora*, *Oehlia*, *Pervetustus*, *Sclerocarpum*, i 19 innych nowych gatunków: *Acaulospora ignota*, *Diversispora peridiata*, *D. sabulosa*, *D. slowinskiensis*, *D. sporocarpia*, *D. varaderana*, *Dominikia difficilevidera*, *Do. duoreactiva*, *Do. emiratia*, *Do. lithuanica*, *Do. litorea*, *Entrophospora hanlinii*, *Glomus bareae*, *G. tetrastratosum*, *Kamienskia divaricata*, *Pervetustus simplex*, *Rhizoglomus dunense*, *Sacculospora felinonii*, *Sclerocarpum amazonicum*. Utworzono również pięć nowych kombinacji nomenklaturowych (*Halonatospora pansihalos*, *Innospora majewskii*, *Desertispora omaniana*, *Oehlia diaphana*, *Rhizoglomus vesiculiferum*).

Występowanie i obfitość zarodnikowania AGM. Dane literaturowe o występowaniu AGM w wydmach Mierzei Kurońskiej pochodzą tylko z jednej pracy (Menkis et al. 2014), w której przedstawiono wyniki badań występowania grzybów, w tym AGM, w korzeniach *Rosa rugosa* na podstawie sekwencji ITS nr rDNA. Zidentyfikowano dwa gatunki AGM, *Entrophospora baltica* i *Rhizoglomus irregulare*, i trzy morfotypy nazwane *Glomus* sp. 190, *Glomus* 81 i *Rhizoglomus* sp. Mimo niewielkiej skali tych badań, zasugerowały one obecność gatunków nowych. Potwierdziły to badania własne rozpoczęte w 2013 roku (vide wyżej), które również m.in. wykazały obecność *Rhizoglomus irregulare* i *Entrophospora baltica* na tym terenie.

AGM znaleziono w 112 z 132 prób (85%) prób polowych i były one obecne w ryzosferze wszystkich roślin uwzględnionych w badaniu. W nadbałtyckich wydmach Słowińskiego Parku Narodowego i Bornholmu, zbliżonych pod względem klimatycznym, wskaźnik ten wynosił odpowiednio 77,2% (przy 250 zbadanych próbach) oraz 45% (155) (Błaszowski, Czerniawska 2011), co świadczy o tym, że warunki klimatyczno-glebowe Mierzei Kurońskiej wyjątkowo dobrze sprzyjały rozwojowi AGM.

Powtarzającym się faktem w badaniach własnych był brak lub niewielka liczba zarodników *Rhizoglomus irregulare* w próbach polowych, przy częstym występowaniu tego gatunku w kulturach pułapkowych utworzonych z tych prób. W kulturach pułapkowych reprezentujących Mierzeję Kurońską i Bornholm gatunek ten był odpowiednio drugim i pierwszym najczęściej znajdowanym taksonem, podczas gdy jego obecność w próbach polowych była znikoma. Równie często znajdowano *R. irregulare* w kulturach pułapkowych z glebami wydmowymi Słowińskiego Parku Narodowego, mimo nieobecności w próbach polowych. Świadczy to o powszechnym występowaniu i rzadkim zarodnikowaniu tego gatunku w środowisku naturalnym. To pokazuje jak ważne jest stosowanie hodowli i identyfikacji molekularnej dla poznania struktury gatunkowej AGM badanych siedlisk.

Obfitość zarodnikowania zależy od właściwości ekosystemów i zwykle zawiera się w przedziale od kilkudziesięciu do 10 tysięcy spor w 100 gramach gleby (Bouazza-Marouf et al. 2015). W badaniach własnych obfitość zarodnikowania wyniosła 33,8 zarodnika w 100 g suchej gleby. Jest ona znacząco niższa niż w przypadku wydm Słowińskiego Parku Narodowego (66,2; dane niepublikowane) i Mierzei Helskiej (99,8; Błaszowski 1994), ale kilkukrotnie wyższa niż określona dla wydm Bornholmu (7,4; Błaszowski, Czerniawska 2011) i Mierzei Wiślanej (4,5–7,4; Błaszowski et al. 2002b). Wyższa obfitość zarodnikowania w wydmach polskich w porównaniu z litewskimi może wynikać z obecności w wydmach polskich pól deflacyjnych, z większą różnorodnością gatunkową roślin, gęstszym pokryciem roślinnością i lepszą dostępnością wody. To potwierdzałoby obserwację da Silva et al. (2019) przeprowadzonych na wydmach Pero.

Dominacja. Dominującymi gatunkami w randze eudominantów (wsp. dominacji >10,0%) były *Cetraspora gilmorei*, która stanowiła prawie jedną trzecią znajdujących zarodników, *Acaulospora mellea* i *Scutellospora dipurpurescens*, które występowały w ponad 10% prób. Struktura dominacji gatunków AGM w wydmach litewskich znacznie różniła się od tej w wydmach Słowińskiego Parku Narodowego, gdzie jedynym eudominantem było *Glomus tetrastratosum*. Gatunek ten znajdowano często w wydmach litewskich (9,13% prób polowych) w przeciwieństwie do *Cetraspora armeniaca*, której nie stwierdzono na Mierzei Kurońskiej, ale była subdominantem ($D=2,1-5,0\%$) w polskich wydmach. Mimo, że oba kompleksy wydmy są położone w niedużej odległości od siebie i podobne pod względem własności gleby oraz klimatu, struktura gatunkowa AGM z tych dwóch obszarów wykazuje na znaczące różnice opisane powyżej i może wynikać z dostosowania AGM do specyficznych warunków pól deflacyjnych.

Wskaźniki bioróżnorodności. W celu wiarygodnego poznania, bioróżnorodność AGM oceniono za pomocą kilku wskaźników: H' Shannona, bogactwa gatunkowego Simpsona, dominacji Simpsona, dominacji Bergera-Parkera i równomierności Simpsona. Porównano dwa stanowiska badawcze reprezentujące wydmy rezerwatu ścisłego, niedostępne dla turystów, i wydmy Parnidis, usytuowaną niedaleko plaży i często odwiedzaną. Stwierdzono niższą bioróżnorodność AGM w wydmie ogólnodostępnej. Jednak biorąc pod uwagę mniejszą powierzchnię wydmy Parnidis i mniejszą liczbę pobranych prób (42 próby gleby vs. 90 próbami z wydmy rezerwatu ścisłego) ujawniona różnica jest niewielka. Mimo tego, różnica ta potwierdziła skuteczność limitowania liczby turystów odwiedzających tę wydmy, co również wywnioskowali Morkūnaitė et al. (2016) na podstawie badań botanicznych i geomorfologicznych. Podobne badania porównujące wydmy zdegradowane (plaża publiczna Comporta) i chronione (Natural Reserve of São Jacinto) u wybrzeży Portugalii ukazały niższą bioróżnorodność AGM w wydmach zdegradowanych (Rodríguez-Echeverría, Freitas 2006).

Bogactwo morfotypowe. Średnie bogactwo morfotypowe określone w 100 gramach suchej gleby polowej i uzupełnione o dane z kultur pułpkowych wynosiło 4,4 i wahało się od 0 do 11 morfotypów. To prawie dwa razy więcej niż średnie bogactwo morfotypowe wydmy Słowińskiego Parku Narodowego, które wynosiło 2,4 w przedziale od 0 do 7. Porównując dane z badań własnych z wynikami dotyczącymi innych wydmy Morza Bałtyckiego można zauważyć podobne wartości dla Mierzei Helskiej wynoszące 3,9 (Błaszczkowski 1994) i znacznie niższe dla wydmy Bornholmu wynoszące 1,8 w przedziale 0 do 6. Badania te sugerują, że następuje spadek średniego bogactwa morfotypowego w kierunku zachodnim.

Indeks Jaccarda. Indeks Jaccarda wskazał na największe podobieństwo wydmy Mierzei Kurońskiej i Słowińskiego Parku Narodowego (SPN) mimo, że liczba morfotypów znalezionych w SPN przewyższała liczbę morfotypów z litewskich wydmy (odpowiednio 58 i 42). Jednocześnie średnie bogactwo morfotypowe było mniejsze w SPN i wyraźna była dominacja jednego gatunku, w przeciwieństwie do wydmy Mierzei Kurońskiej, gdzie eudominantami były trzy taksony. Wynika to z tego, że w formule Jaccarda wykorzystywany jest tylko fakt występowania gatunku, a wartości podobieństw są równie istotne dla licznych i rzadkich gatunków. Zaletą tego podejścia jest możliwość porównywania różnych ilościowo danych. Indeks Jaccarda jest często stosowany w porównywaniu bioróżnorodności AGM. Wykorzystywany był na przykład do porównania (i) wpływu różnych metod gospodarowania glebą na skład gatunkowy AGM suchych terenów w rejonie śródziemnomorskim (Alguacil et al. 2014), (ii) zbiorowisk AGM z obszarów neotropikalnych (Stürmer, Kimmelmeier 2021) i (iii) zbiorowisk AGM obecnych w gruntach poddanych różnym sposobom użytkowania (Lumini et al. 2010).

Własności glebowe wydmy Mierzei Kurońskiej. Południowo-wschodnie wybrzeża Bałtyku są nieustannie narażone na wpływ wiatrów, zalewania i presję antropogeniczną. Gleby Mierzei Kurońskiej kształtowały się pod wpływem nadmiernego wypasu, dużych populacji zwierzyny łownej i wylesiania. W tych warunkach, w czterech stadiach w kierunku od południa na północ

uksztaltowała się Mierzeja Kurońska (Morkūnaitė et al. 2016). Badaniu poddano najważniejsze własności gleby wydymowej Mierzei Kurońskiej, takie jak zasolenie, odczyn pH, procentowa zawartość materii organicznej, zasobność w makroelementy (S, N, i C) i mikroelementy (K, Mg, Ca, Na, Cu, Zn, Mn, Ni, Fe, Cd, P, Pb, Co). Wyniki wskazują na wyraźną różnicę w zawartości materii organicznej, makro- i mikroelementów między wydymami szarymi i białymi, które na Mierzei Kurońskiej układają się w cztery pasma. Wzrost ten jest wyraźnie widoczny wraz ze zwiększeniem pokrywy roślinnej. Jednak nawet na wydymach szarych zawartość materii organicznej, makro- i mikroelementów była niska. Jej poziom ma wpływ na skład gatunkowy i liczebność AGM (Liu et al. 2014; Feldman 2015), ale wyniki badań różnych autorów są niespójne. Niektórzy zauważają wzrost zarodnikowania AGM wraz ze wzrostem ilości materii organicznej w glebie (Gryndler et al. 2005; Oehl et al. 2009), a także zwiększenie bogactwa gatunkowego tych grzybów (Alguacil et al. 2014). Inni zgłaszają zmniejszenie występowania AGM wraz z rosnącą zawartością azotu w glebie (Egerton-Warburton, Allen 2000; Oehl et al. 2004; Treseder, Turner 2007). Wpływ na zarodnikowanie i różnorodność AGM ma również fosfor. Wykazano, że blokuje on kiełkowanie zarodników zapobiegając zasiedlaniu korzeni przez AGM (Smith, Read 2008). Sivakumar (2013) stwierdził ujemną korelację między poziomem P, zagęszczeniem zarodników i kolonizacją korzeni przez AGM. Jednocześnie stwierdzano pozytywny wpływ P na produkcję zarodników AGM w glebach wydymowych (Moradi et al. 2017), a Liu et al. (2016) sugerowali, że fosfor jest niezbędnym składnikiem do produkcji zarodników przez AGM.

Niskie zasolenie gleby ($8,35\text{--}20,15 \mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$) mogło być wynikiem trwających w czasie poboru prób opadów, które wymywając związki łatwo rozpuszczalne w glebie zmniejszają zasolenie. Odczyn pH był nieznacznie zasadowy w przedziale 7,21 do 7,84. Pierwotnym źródłem odczynu gleby jest rodzaj skał z których ona powstała, którymi w przypadku Mierzei Kurońskiej były eoliczne piaski kwarcowe. Potencjalny wpływ na pH gleby na badanym terenie mógłby mieć pobliski las iglasty, jednak w trakcie pobierania prób i w poprzednich latach usuwano samosiewy sosny, które pojawiały się na wydymach (Lina Dikšaitė, zastępca dyrektora Parku Narodowego Kursiu nerija, informacja ustna). W wyniku humifikacji igieł sosny powstają związki zakwaszające glebę i taki proces miał miejsce w części Mierzei Kurońskiej należącej do obwodu Królewieckiego, gdzie pH gleby wahało się w granicach od 3,4 do 6,3 (CaCl_2) (Peyrat 2007). Wpływ pH gleby na skład gatunkowy i liczebność AGM był różnie oceniany przez różnych badaczy. Podczas gdy Koomena et al. (1987) dowodzili, że większość AGM preferuje pH neutralne, badanie Zubka et al. (2009) nie wykazywały wpływu tego czynnika na zbiorowiska AGM. Niekonsekwentne wyniki badań w tej kwestii mogą być związane z faktem, że zmiana pH wpływa na inne własności gleby (Bhagyaraj 1991), więc ta zależność może nie być bezpośrednia.

15. MOŻLIWOŚCI WYKORZYSTANIA ARBUSKULARNYCH GRZYBÓW MYKORYZOWYCH W OCHRONIE ROŚLIN CHRONIONYCH I WYDM MIERZEI KUROŃSKIEJ

Przedstawione wyżej badania bioróżnorodności AGM Mierzei Kurońskiej mogą przyczynić się w przyszłości do ochrony wydym i roślin chronionych tego fragmentu wybrzeża Bałtyku. Informację tu przedstawioną można wykorzystać w praktyce tworząc szczepionki mikoryzowe do stabilizacji wydym, a także do reintrodukcji roślin zagrożonych wyginięciem. Grzyby mikoryzowe są dobrze znane ze swoich zdolności do poprawy zdomowienia się roślin i zwiększania ich konkurencyjności w środowisku. Ponadto grzyby te zabezpieczają gleby wydym przed erozją wywołaną wiatrem lub deszczem przez tworzenie sieci strzępek zewnętrznych i wydzielanie kleistych substancji wiążących ziarna piasku w agregaty. Wykorzystując AGM występujące naturalnie w danym miejscu rośnie prawdopodobieństwo sukcesu inokulacji, gdyż są one najlepiej zaadaptowane do panujących w nim warunków (Vogelsang et al. 2004).

Szczepionka mikoryzowa dla Mierzei Kurońskiej powinna zawierać gatunki AGM najczęściej występujące i najobficiej zarodnikujące w wydmach tego obszaru. Jak wynika z przeprowadzonych badań, gatunkami tymi powinny być: *Acaulospora mellea*, *Archaeospora trappei*, *Cetraspora gilmorei*, *C. pellucida*, *Scutellospora dipurpurescens*, *Glomus tetrastratosum* i *Rhizogloium irregulare*.

16. WNIOSKI

Badania występowania i różnorodności arbuskularnych grzybów mykoryzowych (AGM) przeprowadzone w wydmach Mierzei Kurońskiej pozwalają na sformułowanie następujących wniosków:

1. Wydmy Mierzei Kurońskiej utrzymują dużą różnorodność AGM. Wydmy te wyróżnia największe średnie bogactwo morfotypowe AGM w porównaniu do innych zbadanych obszarów wydmych wybrzeża Bałtyku. Badania własne wykazały obecność 42 morfotypów, z których 25 reprezentowało wcześniej opisane gatunki, dwa gatunki (*Diversispora sabulosa*, *Dominikia lithuanica*) nowo opisane w czasie prowadzenia omawianych badań i 15 nieopisanych morfotypów wymagających dalszych analiz morfologicznych i filogenetycznych w celu potwierdzenia ich nowości.
2. Gatunkami dominującymi w wydmach Mierzei Kurońskiej były *Acaulospora mellea*, *Cetraspora gilmorei* i *Scutellospora dipurpurescens*.
3. Skład gatunkowy zbiorowisk zarodników AGM wydmy Mierzei Kurońskiej jest unikatowy. Występują tam gatunki dotychczas notowane tylko z tego obszaru, nowo opisane *Diversispora sabulosa* i *Dominikia lithuanica*, i gatunki znajdujące bardzo rzadko w innych regionach świata, np. *Polonospora polonica*.
4. Mimo różnic w poziomie konserwacji dwóch badanych stanowisk (wydma Parnidis często odwiedzana przez turystów vs. wydmy rezerwatu ścisłego), nie stwierdzono znaczących różnic w bioróżnorodności AGM obecnych w tych stanowiskach.
5. Analizy morfologiczne i filogenetyczne AGM hodowanych w Pracowni Ochrony Roślin, Katedry Kształtowania Środowiska, Wydziału Kształtowania Środowiska i Rolnictwa Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie dowiodły, że liczne AGM były wcześniej nieznanne lub ich status taksonomiczny był błędny. W wyniku przeprowadzonych badań opisano nową rodzinę, sześć nowych rodzajów, 19 nowych gatunków i utworzono pięć nowych kombinacji nomenklaturowych.
6. Do rekonstrukcji wydmy Mierzei Kurońskiej należy wykorzystać inokulum zawierające jeden gatunek lub więcej spośród następujących: *Acaulospora mellea*, *Archaeospora trappei*, *Cetraspora gilmorei*, *C. pellucida*, *Glomus tetrastratosum*, *Rhizogloium irregulare* i *Scutellospora dipurpurescens*, po przetestowaniu efektywności funkcjonalnej utworzonych kombinacji.

17. BIBLIOGRAFIA

- Alguacil M.M., Torrecillas E., García-Orenes F., Roldán A. 2014. Changes in the composition and diversity of AMF communities mediated by management practices in a Mediterranean soil are related with increases in soil biological activity. *Soil Biol. Biochem.* 76, 34–44. doi:10.1016/j.soilbio.2014.05.002
- Al-Yahya'ei M.N., Mullath S.K., AlDhaheri L.A., Kozłowska A., Błaszowski J. 2017. *Dominikia emiratia* and *Rhizogloium dunense*, two new species in the Glomeromycota. *Botany* 95(7), 629–639. doi:10.1139/cjb-2016-0294
- Aučina A., Rudawska M., Leski T., Ryliškis D., Pietras M., Riepišas E. 2011. Ectomycorrhizal fungal communities on seedlings and conspecific trees of *Pinus mugo* grown on the coastal dunes of the Curonian Spit in Lithuania. *Mycorrhiza* 21, 237–245. doi:10.1007/s00572-010-0341-3

- Bhagyaraj D.J. 1991. Ecology of vesicular arbuscular mycorrhizae. W: Arora D.K., Rai B., Mukerji K.G., Knudsen G.R., Dekker M. (red.), Hand Book of Applied. Mycology Vol. I, New York, 3–34 pp. ISBN-13. 978-0824783808.
- Błaszowski J. 1994. Arbuscular fungi and mycorrhizae (Glomales) of the Hel Peninsula, Poland. *Mycorrhiza* 5, 71–88. doi:10.1007/BF00204022
- Błaszowski J. 2012. Glomeromycota. W: Szafer Institute of Botany, Polish Academy of Sciences, Kraków. ISBN 978-83-89648-82-2.
- Błaszowski J., Adamska I., Czerniawska B. 2002b. Arbuscular mycorrhizal fungi (Glomeromycota) of the Vistula Bar. *Acta Mycol.* 37(1/2), 39–62. doi: 10.5586/am.2002.005
- Błaszowski J., Chwat G., Góralska A. 2015a. *Acaulospora ignota* and *Claroideoglomus hanlinii*, two new species of arbuscular mycorrhizal fungi (Glomeromycota) from Brazil and Cuba. *Mycol. Prog.* 14(4), 18. doi:10.1007/s11557-015-1042-2
- Błaszowski J., Chwat G., Góralska A. 2016. *Dominikia lithuanica* and *Kamienskia divaricata* new species in the Glomeromycota. *Botany* 94(12), 1075–1085. doi:10.1139/cjb-2016-016
- Błaszowski J., Chwat G., Góralska A., Bobrowska-Chwat A. 2015c. *Glomus tetrastratosum*, a new species of arbuscular mycorrhizal fungi (Glomeromycota). *Mycoscience* 56(3), 280–286. doi:10.1016/j.myc.2014.08.003
- Błaszowski J., Chwat G., Symanczik S., Góralska A. 2015b. *Dominikia duoreactiva* and *D. difficilevidera*, two new species in the Glomeromycota. *Botany* 93(7), 389–396. doi: dx.doi/10.1139/cjb-2015-0016
- Błaszowski J., Czerniawska B. 2011. Arbuscular mycorrhizal fungi (Glomeromycota) associated with roots of *Ammophila arenaria* growing in maritime sand dunes of Bornholm (Denmark). *Acta Soc. Bot. Pol.* 80(1), 63–76. doi:10.5586/asbp.2011.009
- Błaszowski J., Furrázola E., Chwat G., Góralska A., Lukács A.L. Kovács G.M. 2015d. Three new arbuscular mycorrhizal *Diversispora* species in Glomeromycota. *Mycol. Prog.* 14(11), 105. doi:10.1007/s11557-015-1122-3
- Błaszowski J., Jobim K., Niezgodą P., Meller E., Malinowski R., Milczarski P., Zubek S., Magurno F., Casieri L., Bierza W., Błaszowski T., Crossay T., Goto B.T. 2021. New Glomeromycotan Taxa, *Dominikia glomerocarpica* sp. nov. and *Epigeocarpum crypticum* gen. nov. et sp. nov. From Brazil, and *Silvaspora* gen. nov. From New Caledonia. *Front. Microbiol.* 12, 655910. doi: 10.3389/fmicb.2021.655910
- Błaszowski J., Kozłowska A., Crossay T., Symanczik S., Al-Yahya'ei M. 2017. A new family, Pervetustaceae with a new genus, *Pervetustus*, and *P. simplex* sp. nov. (Paraglomerales), and a new genus, *Innospora* with *I. majewskii* comb. nov. (Paraglomeraceae) in the Glomeromycotina. *Nova Hedwigia* 105(3–4), 397–410. doi:10.1127/nova_hedwigia/2017/0419
- Błaszowski J., Kozłowska A., Niezgodą P., Goto B.T., Dalpe Y. 2018a. A new genus, *Oehlia* with *Oehlia diaphana* comb. nov. and an emended description of *Rhizoglomus vesiculiferum* comb. nov. in the Glomeromycotina. *Nova Hedwigia* 107(3–4), 501–518. doi: 10.1127/nova_hedwigia/2018/0488
- Błaszowski J., Niezgodą P., Goto B.T., Kozłowska A. 2018b. *Halonatospora* gen. nov. with *H. pansihalos* comb. nov. and *Glomus bareae* sp. nov. (Glomeromycota; Glomeraceae). *Botany* 96(11), 737–748. doi:10.1139/cjb-2018-0107
- Błaszowski J., Niezgodą P., Paiva J.N., Galdino K.J., Theodoro R.C., Jobim K., Orfanoudakis M., Goto B.T. 2019a. *Sieverdingia* en. nov., *S. tortuosa* comb. nov., and *Diversispora peloponnesiaca* sp. nov. in the Diversisporaceae (Glomeromycota). *Mycol. Prog.* 18, 1363–1382. doi:10.1007/s11557-019-01534-x

- Błaszowski J., Niezgoda P., Piątek M., Magurno F., Malicka M.S., Zubek S., Mleczko P., Yorou N.S., Jobim K., Vista X.M., Lima J., Goto B.T. 2019b. *Rhizoglosum dalpeae*, *R. maiae*, and *R. silesianum*, new species. *Mycologia* 111(6), 965–980. doi: 10.1080/00275514.2019.1654637
- Błaszowski J., Ryszka P., Kozłowska A. 2018c. *Dominikia litorea*, a new species in the Glomeromycotina, and biogeographic distribution of *Dominikia*. *Phytotaxa* 338(3), 241–254. doi: 10.11646/phytotaxa.338.3.2
- Błaszowski J., Sánchez-García M., Niezgoda P., Zubek S., Fernández F., Vila A., Al-Yahya’ei M.N., Symanczik S., Milczarski P., Malinowski R., Cabello M., Goto B.T., Casieri L., Malicka M., Bierza W., Magurno F. 2022. A new order, Entrophosporales, and three new Entrophospora species in Glomeromycota. *Front. Microbiol.* 13:962856. doi: 10.3389/fmicb.2022.962856
- Błaszowski J., Tadych M., Madej T. 2002a. Arbuscular mycorrhizal fungi (Glomales, Zygomycota) of the Błędowska Desert, Poland. *Acta Soc. Bot. Pol.* 71(1), 71–85. doi: 10.5586/asbp.2002.008
- Błaszowski J., Yamato M., Niezgoda P., Zubek S., Milczarski P., Malinowski R., Meller E., Malicka M., Goto B.T., Uszok S., Casieri L., Magurno F. 2023. A new genus, *Complexispora*, with two new species, *C. multistratosa* and *C. mediterranea*, and *Epigeocarpum japonicum* sp. nov. *Mycol. Prog.* 22(5), 1-15. doi: 10.1007/s11557-023-01882-9
- Bothe H., Turnau K., Regvar M. 2010. The potential role of arbuscular mycorrhizal fungi in protecting endangered plants and habitats. *Mycorrhiza* 20, 445–457. doi: 10.1007/s00572-010-0332-4
- Bouazza Marouf K., Ighilhariz Z., de Lajudie P., Duponnois R., Bekki A. 2015. Assessing the native arbuscular mycorrhizal symbioses to rehabilitate a degraded coastal sand dune in Algeria. *Int. J. Agric. Crop. Sci.* 8(2), 194–202.
- Braun M. 2012. Lnica wonna *Linaria odora* (M. Bieb.) Fisch. W: J. Perzanowska (red.). Monitoring gatunków roślin. Przewodnik metodyczny. Część II. GIOŚ, Warszawa, 141–152 pp. ISBN: 978-83-61227-80-9.
- Brundrett M.C., Abbott L.K., Jasper D.A. 1999. Glomalean mycorrhizal fungi from tropical Australia. *Mycorrhiza* 8(6), 305–314. doi:10.1007/s005720050251
- Corazon-Guivin, M.A., Mendoza A.C., Guerro-Abad J.C., Vallejos-Tapullima A., Carballar-Hernández S., da Silva G.A., Oehl F. 2019. *Microkamienskia* gen. nov. and *Microkamienskia peruviana*, a new arbuscular mycorrhizal fungus from Western Amazonia. *Nova Hedwigia* 109, 355–368. doi: 10.1127/nova_hedwigia/2019/0551
- Czachorowski S. 2004. Opisywanie biocenozy – zoocenologia, skrypt elektroniczny dla magistrantów, Olsztyn, 13–37 pp. <http://www.uwm.edu.pl/czachor/publik/pdf-inne/zoocenozy.pdf>
- Daniels B.A., Trappe J.M. 1979. *Glomus epigaeus* sp. nov., a useful fungus for vesicular-arbuscular mycorrhizal research. *Can. J. Bot.* 57(5), 539–542. doi:10.1139/b79-070
- Egerton-Warburton L.M., Allen E.B. 2000. Shifts in arbuscular mycorrhizal communities along an anthropogenic nitrogen deposition gradient. *Ecol. Appl.* 10(2), 484–496. doi:10.1890/1051-0761(2000)010[0484:SIAMCA]2.0.CO;2
- Feldman E.V. 2015. Impact of Nitrogen Fertilization on Arbuscular Mycorrhizal Fungi Abundance in Association with *Panicum Virgatum*. *Inquiries Journal* 7(09). <http://www.inquiriesjournal.com/articles/1184/impact-of-nitrogen-fertilization-on-arbuscular-mycorrhizal-fungi-abundance-in-association-with-panicum-virgatum>.

- Gerdemann J.W., Nicolson T.H. 1963. Spores of mycorrhizal Endogone species extracted from soil by wet sieving and decanting. *Trans. Br. Mycol. Soc.* 46(2), 235–244. doi:10.1016/S0007-1536(63)80079-Gerdemann J.W., Trappe J.M. 1974. The Endogonaceae in the Pacific Northwest. *Mycologia memoir*, No. 5. The New York Botanical Garden. Worcester.
- Górny M., Grum L. 1981. *Metody stosowane w zoologii gleby*. PWN.
- Gryndler M., Hrselová H., Sudová R., Gryndlerová H., Rezáčová V., Merhautová V. 2005. Hyphal growth and mycorrhiza formation by the arbuscular mycorrhizal fungus *Glomus claroideum* BEG 23 is stimulated by humic substances. *Mycorrhiza* 15(7), 483–488. doi: 10.1007/s00572-005-0352-7
- Guindon S., Gascuel O. 2003. A simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood. *Syst. Biol.* 52(5), 696–704. doi: 10.1080/10635150390235520
- Hall I. R. 1977. Species and mycorrhizal infections of New Zealand Endogonaceae. *Trans. Br. Mycol. Soc.* 68(3), 341–356. doi:10.1016/S0007-1536(77)80186-1
- Huelsenbeck J.P., Ronquist F. 2001. MRBAYES: Bayesian inference of phylogenetic trees. *Bioinformatics* 17(8), 754–755. doi: 10.1093/bioinformatics/17.8.754
- Jaccard, P. 1912. The Distribution of the flora in the alpine zone. *New Phytol.* 11(2), 37–50.
- Jakobsen I., Rosendahl L. 1990. Carbon flow into soil and external hyphae from roots of mycorrhizal cucumber plants. *New Phytol.* 115(1), 77–83. doi:/10.1111/j.1469-8137.1990.tb00924.x
- Jobim K., Błaszczowski J., Niezgoda P., Kozłowska A., Zubek S., Mleczek P., Chachuła P., Ishikawa N.K., Goto B.T. 2019. New sporocarpic taxa in the phylum Glomeromycota: *Sclerocarpum amazonicum* gen. et sp. nov. in the family Glomeraceae (Glomerales) and *Diversispora sporocarpia* sp. nov. in Diversisporaceae (Diversisporales). *Mycol. Prog.* 18(3), 369–384. doi: 10.1007/s11557-018-01462-2
- Kalinauskaite N., Laaka-Lindberg S. 2013. Grey dune ground level vegetation in the Curonian Spit Nature Reserve, Lithuania. *Arctoa* 22, 1–6.
- Każmierczakowa R., Bloch-Orłowska J., Celka Z., Cwener A., Dajdok Z., Michalska-Hejduk D., Pawlikowski P., Szczęśniak E., Ziarnik K. 2016. Polska czerwona lista paprotników i roślin kwiatowych. Polish red list of pteridophytes and flowering plants. Kraków: Instytut Ochrony Przyrody Polskiej Akademii Nauk. 31 pp. ISBN: 978-83-61191-88-9.
- Kidson C., Carr A.P. 1960. Dune reclamation at Braunton Burrows. *Chart. Surv.* 93, 298–303.
- Koomen I., Grace C., Hayman D.S. 1987. Effectiveness of single and multiple mycorrhizal inocula on growth of clover and strawberry plants at two soil pHs. *Soil Biol. Biochem.* 19(5), 539–544. doi:10.1016/0038-0717(87)90096-4
- Kornerup A., Wanscher J.H. 1983. *Methuen handbook of colour*. 3rd Ed. E. Methuen handbook of colour. 3rd Ed. E. Methuen and Co., Ltd., London. 252 pp.
- Koske R.E. 1987. Distribution of VA Mycorrhizal Fungi along a Latitudinal Temperature Gradient. *Mycologia* 79(1), 55–68. doi:10.2307/3807744
- Krüger M., Stockinger H., Krüger C., Schüßler A. 2009. DNA-based level detection of Glomeromycota: one PCR primer set for all arbuscular mycorrhizal fungi. *New Phytol.* 183(1), 212–223. doi: 10.1111/j.1469-8137.2009.02835.x
- Krüger M., Krüger C., Walker C., Stockinger H., Schüßler A. 2012. Phylogenetic reference data for systematics and phylotaxonomy of arbuscular mycorrhizal fungi from phylum to species level. *New Phytol.* 193(4), 970–984. doi: 10.1111/j.1469-8137.2011.03962.x

- Liu W., Jiang S., Zhang Y., Yue S., Christie P., Murray P.J., Li X., Zhang J. 2014. Spatiotemporal changes in arbuscular mycorrhizal fungal communities under different nitrogen inputs over a 5-year period in intensive agricultural ecosystems on the North China Plain. *FEMS Microbiol. Ecol.* 90(2), 436–453. doi:10.1111/1574-6941.12405
- Liu W., Zhang Y., Jiang S., Deng Y., Christie P., Murray P.J., Li X., Zhang, J., 2016. Arbuscular mycorrhizal fungi in soil and roots respond differently to phosphorus inputs in an intensively managed calcareous agricultural soil. *Sci. Rep.–UK* 6, 24902. doi:10.1038/srep24902
- Lumini E., Orgiazzi A., Borriello R., Bonfante P., Bianciotto V. 2010. Disclosing arbuscular mycorrhizal fungal biodiversity in soil through a land-use gradient using amplicon sequencing approach. *Environ. Microbiol.* 12(8), 2165–2179. doi: 10.1111/j.1462-2920.2009.02099.x
- Magurno F., Malicka M., Posta K., Woźniak G., Lumini E., Piotrowska-Seget Z. 2019. Glomalin gene as molecular marker for functional diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in soil. *Biol. Fertil. Soils* 55, 411–417. doi:10.1007/s00374-019-01354-x
- Menkis A., Ihrmark K., Stenlid J., Vasaitis R. 2014. Root-associated fungi of *Rosa rugosa* grown on the frontal dunes of the Baltic Sea Coast in Lithuania. *Microb. Ecol.* 67(4), 769–774. doi: 10.1007/s00248-013-0351-8
- Miadlikowska J., Kauff F., Högnabba F., Oliver J.C., Molnár K., Fraker, E., Gaya E., Hafellner J., et. al. 2014. A multigene phylogenetic synthesis for the class Lecanoromycetes (Ascomycota): 1307 fungi representing 1139 infrageneric taxa, 317 genera and 66 families. *Mol. Phylogenet. Evol.* 79, 132–168. doi:10.1016/j.ympev.2014.04.003
- Milne I., Wright F., Rowe G., Marshal D.F., Husmeier D., McGuire G. 2004. TOPALi: Software for automatic identification of recombinant sequences within DNA Multiple Alignments. *Bioinformatics* 20, 1806–1807. doi: 10.1093/bioinformatics/bth155
- Moradi M., Naji H.R., Imani F., Behbahani S.M., Ahmadi M.T. 2017. Arbuscular mycorrhizal fungi changes by afforestation in sand dunes. *J. Arid Environ.* 140, 14–19. doi:10.1016/j.jaridenv.2017.01.006
- Morkūnaitė R., Radžiūnienė J., Navickas K., Gudynienė V., Bautreñas A. 2016. Assessment of degradation of white and grey dune habitats in the Curonian Spit: a case study of Parnidis Dune (Nida environs, Lithuania). *Zeitschrift für Geomorphologie Supplementary Issues* 60 (1), 75–87. doi:10.1127/zfg/2016/0294
- Morris E.K., Caruso T., Buscot F., Fischer M., Hancock C., Maier T.S., Meiners T., Muller C., Obermaier E., Prati D., Socher S. A., Sonnemann I., Waschke N., Wubet T., Wurst S., Rillig M.C. 2014. Choosing and using diversity indices: perspectives for ecological applications from a large-scale field experiment. *Ecol. Evol.* 4(18), 3514–3524. doi: 10.1002/ece3.115
- Morton J.B. 1986. Three New Species of Acaulospora (Endogonaceae) From High Aluminum, Low Ph Soils in West Virginia, *Mycologia* 78(4), 641–648. doi: 10.1080/00275514.1986.12025300
- Morton J.B. 1996. Redescription of *Glomus caledonium* based on correspondence of spore morphological characters in type specimens and a living reference culture. *Mycorrhiza* 6, 161–166. doi: 10.1007/s005720050121.
- Morton J.B., Bentivenga S.P., Wheeler W.W. 1993. Germ plasm in the International Collection of Arbuscular and Vesicular-arbuscular Mycorrhizal Fungi (INVAM) and procedures for culture development, documentation and storage. *Mycotaxon* 48, 491–528.
- Nagy L.G., Kocsube S., Csana Z., Kovacs G.M., Petkovits T., Vágvölgyi C.V., Papp T. 2012. Re-mind the gap! insertion – deletion data reveal neglected phylogenetic potential of the

- nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) of fungi. PLoS ONE 7(11), e49794. doi: 10.1371/journal.pone.0049794
- Nicolson T.H., Johnston C. 1979. Mycorrhiza in Gramineae. III. *Glomus fasciculatum* as the endophyte of pioneer grasses in maritime sand dunes. Trans. Br. Mycol. Soc. 72(2), 261–268. doi:10.1016/S0007-1536(79)80041-8
- Oehl F., Palenzuela J., Sanchez-Castro I., Kuss P., Sieverding E., Silva G.A. 2012. *Acaulospora nivalis*, a new fungus in the Glomeromycetes, characteristic for high alpine and nival altitudes of the Swiss Alps. Nova Hedwigia 95, 105–122. doi: 10.1127/0029-5035/2012/0038
- Oehl F., Sanchez-Castro I., Ferreira de Sousa N.M., Silva G., Palenzuela J. 2015. *Dominikia bernensis*, a new arbuscular mycorrhizal fungus from a Swiss no-till farming site, and *D. aurea*, *D. compressa* and *D. indica*, three new combinations in *Dominikia*. Nova Hedwigia 101(1–2), 65–76. doi: 10.1127/nova_hedwigia/2014/0235
- Oehl F., Sieverding, E. 2004. Pacispora, a New Vesicular Arbuscular Mycorrhizal Fungal Genus in the Glomeromycetes. J. Appl. Bot. 78, 72–82.
- Oehl F., Sieverding E., Ineichen K., Mäder P., Wiemken A., Boller T. 2009. Distinct sporulation dynamics of arbuscular mycorrhizal fungal communities from different agroecosystems in long-term microcosms. Agr. Ecosyst. Environ. 134, 257–268. doi:10.1016/j.agee.2009.07.008
- Oehl F., Sieverding E., Mäder P., Dubois D., Ineichen K., Boller T., Wiemken A. 2004. Impact of long-term conventional and organic farming on the diversity of arbuscular mycorrhizal fungi. Oecologia 138(4), 574–583. doi:10.1007/s00442-003-1458-2
- Omar M.B., Bollan, L., Heather, W.A. 1979. A permanent mounting medium for fungi. Bull. Br. Mycol. Soc. 13(1), 31–32.
- Peyrat J. 2007. Development, properties and classification of dune soils in the Curonian Spit National Park, Russian part. Geologija 59, 59–64. doi:10.6001/geologija.vi3.1500
- Pfleger F.L., Linderman R.G. 1994. Mycorrhizae and plant health. APS Press, St. Paul, 185 pp. ISBN-10: 0890541582.
- Pickart A.J. 2021. *Ammophila* Invasion Ecology and Dune Restoration on the West Coast of North America. Diversity 13(12), 629. doi: 10.3390/d13120629
- Posada D. 2008. jModelTest: phylogenetic model averaging. Mol. Biol. Evol. 25(7), 1253–1256. doi: 10.1093/molbev/msn083
- Ronquist F., Huelsenbeck J.P. 2003. MRBAYES 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. Bioinformatics 19(12), 1572–1574. doi: 10.1093/bioinformatics/btg180
- Schüßler A., Gehrig H., Schwarzott D., Walker C. 2001. Analysis of partial Glomales SSU rRNA gene sequences: implications for primer design and phylogeny. Mycol. Res. 105(1), 5–15. doi: 10.1017/S0953756200003725
- Schüßler A., Kluge M. 2001. *Geosiphon pyriforme*, an endocytosymbiosis between fungus and cyanobacteria, and its meaning as a model system for arbuscular mycorrhizal research. B. Hock (Ed.), The Mycota 9: Fungal Associations, Springer, Berlin/Heidelberg, 151–161. doi: 10.1007/978-3-662-07334-6_9
- Schüßler A., Walker C. 2010. The Glomeromycota. A species list with new families and new genera. Royal Botanic Garden Kew, Gloucester 56 pp. ISBN: 9781466388048.
- Sigüenza C., Espejel I., Allen E.B. 1996. Seasonality of mycorrhizae in coastal sand dunes of Baja California. Mycorrhiza 6(2), 151–157. doi:10.1007/s005720050120

- Silva F.S.P., Ignácio I.G., Orivaldo J.S.J., Patreze, C.M. 2019. Arbuscular mycorrhizal fungal diversity in tropical sand dune and restinga at Però Beach in Rio de Janeiro state, Brazil. *Fungal Ecol.* 40, 150–158. doi:10.1016/j.funeco.2018.12.003
- Silvestro D., Michalak I. 2012. raxmlGUI: a graphical front-end for RAxML. *Org. Divers. Evol.* 12, 335–337. doi:10.1007/s13127-011-0056-0
- Simmons M.P., Ochoterena H., Carr T.G. 2001. Incorporation, relative homoplasy, and effect of gap characters in sequence-based phylogenetic analyses. *Syst. Biol.* 50(3), 454–462. doi:10.1080/106351501300318049
- Sivakumar N. 2013. Effect of edaphic factors and seasonal variation on spore density and root colonization of arbuscular mycorrhizal fungi in sugarcane fields. *Ann. Microbiol.* 63, 151–160. doi:10.1007/s13213-012-0455-2
- Smith S.E., Read D.J. 2008. *Mycorrhizal symbiosis*. Academic Press, London. ISBN: 9780123705266.
- Sridhar K.R., Beena K.R. 2001. Arbuscular mycorrhizal research in coastal sand dunes: a review. *Proc. Natl. Acad. Sci. India* 71, 179–205.
- Stamatakis A. 2014. RAxML Version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics* 30, 1312–1313. doi:10.1093/bioinformatics/btu033
- Stockinger H., Peyret-Guzzon M., Koegel S., Bouffaud M.L., Redecker D. 2014. The largest subunit of RNA polymerase II as a new marker gene to study assemblages of arbuscular mycorrhizal fungi in the field. *PLoS ONE* 9(10), e107783. doi:10.1371/journal.pone.0107783
- Stutz J.C., Morton J.B. 1996. Successive pot cultures reveal high species richness of arbuscular endomycorrhizal fungi in arid ecosystems. *Can. J. Bot.* 74(12), 1883–1889. doi:10.1139/b96-225.
- Stürmer S.L., Kimmelmeier K. 2021. The Glomeromycota in the Neotropics. *Front. Microbiol.* 11, 553679. doi: 10.3389/fmicb.2020.553679
- Stürmer S.L., Oliveira L.Z., Morton J.B. 2018. Gigasporaceae versus Glomeraceae (phylum Glomeromycota): A biogeographic tale of dominance in maritime sand dunes. *Fungal Ecol.* 32, 49–56. doi:10.1016/j.funeco.2017.11.008
- Symanczik S., Al-Yahya'ei M., Kozłowska A., Ryszka P., Błaszowski J. 2018. A new genus, *Desertispora*, and a new species, *Diversispora sabulosa*, in the family Diversisporaceae (order Diversisporales, subphylum Glomeromycotina). *Mycol. Prog.* 17(4), 437–449. doi: 10.1007/s11557-017-1369-y
- Symanczik S., Błaszowski J., Koegel S., Boller T., Wiemken A., Al-Yahya'ei M. 2014. Isolation and identification of desert habituated arbuscular mycorrhizal fungi newly reported from the Arabian Peninsula. *J. Arid Land* 6(4), 488. doi: 10.1007/s40333-013-0213-8
- Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipski A., Kumar S. 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Mol. Biol. Evol.* 30, 2725–2729. doi: 10.1093/molbev/mst197
- Treseder K.K., Turner K.M. 2007. Glomalin in Ecosystems. *Soil Sci. Soc. of Am. J.* 71(4), 1257–1266. doi:10.2136/sssaj2006.0377
- Turrini A., Avio L., Bedini S., Giovanetti M. 2008. In situ collection of endangered arbuscular mycorrhizal fungi in a Mediterranean UNESCO Biosphere Reserve. *Biodivers. Conserv.* 17(3), 643–657. doi: 10.1007/s10531-007-9288-x
- Walker C., Błaszowski J., Schwarzott D., Schüßler A. 2004. *Gerdemannia* gen. nov., a genus separated from *Glomus*, and Gerdemanniaceae fam. nov., a new family in the Glomeromycota. *Mycol. Res.* 108(6), 707–718. doi 10.1017/S0953756204000346

- Wijayawardene N.N., Hyde K.D., Dai D.Q., Tang L.Z., Aptroot A., CastañedaRuiz R.F., et al. 2020. Outline of Fungi and fungi-like taxa. *Mycosphere* 11(1), 1060–1456. doi 10.5943/mycosphere/11/1/8
- Willis A., Błaszowski J., Prabhu T., Chwat G., Górska A., Sashidhar B., Harris P., D'souza J., Vaingankar J., Adholeya A. 2016. *Sacculospora felinonii*, a novel arbuscular mycorrhizal fungal species (Glomeromycota) from dunes on the west coast of India. *Mycol. Prog.* 15, 791–798. doi:10.1007/s11557-016-1208-6.
- Vogelsang K.M., Bever J.D., Griswold M.S.P., Schultz P.A. 2004. The use of mycorrhizal fungi in erosion control applications. Sacramento, CA, USA, California Department of Transportation. <https://dot.ca.gov/-/media/dot-media/programs/design/documents/final-report-65a070-a11y.pdf>
- Young N.D., Healy J. 2003. GapCoder automates the use of indel characters in phylogenetic analysis. *BMC Bioinformatics* 4, 6. doi: 10.1186/1471-2105-4-6
- Zhang Z., Schwartz S., Wagner L., Miller W. 2000. A Greedy Algorithm for Aligning DNA Sequences. *J. Comput. Biol.* 7(1-2), 203–214. doi: 10.1089/10665270050081478
- Zubek S., Błaszowski J., Delimat A., Turnau K. 2009. Arbuscular mycorrhizal and dark septate endophyte colonization along altitudinal gradients in the Tatra Mountains. *Arct. Antarct. Alp. Res.* 41(2), 272–279. doi:10.1657/1938-4246-41.2.272

<http://www.nerija.lt/en>

<http://whc.unesco.org/en/list/994>

<https://www.atlas-roslin.pl>

<http://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>

<http://www.lgcgenomics.com>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/vecscreen/>

<https://www.latvijasdaba.lv/augi/viola-littoralis-spreng/>

<https://invam.wvu.edu/methods/recipes>

<http://www.indexfungorum.org/AuthorsOfFungalNames.html>

<http://www.barcodeoflife.org/content/about/what-dna-barcoding>

<http://www.mycobank.org>

<https://www.gbif.org/>

http://daugenis.mch.mii.lt/apsamogitia/LANKYTINOS_VIETOS/nerija.en.htm

<http://www.ars-grin.gov/cgi-bin/npgs/html/taxon.pl?430241>

Tabela 15. Nazwiska autorów nazw roślin, kolejność według występowania w tekście pracy.

Nr	Nazwa polska i łacińska rośliny	Nazwiska autorów nazw roślin
1	Bodziszek lśniący <i>Geranium lucidum</i>	L.
2	Mikołajek nadmorski <i>Eryngium maritimum</i>	L.
3	Wyka lędźwianowata <i>Vicia lathyroides</i>	L.
4	Piaskownica zwyczajna <i>Ammophila arenaria</i>	(L.) Link
5	Szczotlicha siwa <i>Corynephorus canescens</i>	L.
6	Wydmuchrzyca piaskowa <i>Leymus arenarius</i>	(L.) Hochst.
7.	Kostrzewa kosmata <i>Festuca rubra ssp. arenaria</i>	L. (Osbeck) Syme
8.	Jastrzębiec baldaszkowy <i>Hieracium umbellatum</i>	L.
9.	Groszek nadmorski <i>Lathyrus japonicus ssp. maritimus</i>	P.W. Ball
10.	Lnica wonna <i>Linaria odora</i>	(M. Bieb) Fisch.
11.	<i>Viola littoralis. syn. Viola tricolor ssp. curtisii</i>	Spreng (E. Forster)
12	<i>Andropogon virginicus</i>	L.
13.	Żywotnik zachodni <i>Thuja occidentalis</i>	L.
14.	Konwalijka dwulistna <i>Maianthemum bifolium</i>	(L.) F. W. Schmidt
15.	Limonka <i>Citrus x aurantiifolia</i>	(Christm.) Swingle
16.	Granat właściwy <i>Punica granatum</i>	L.
17.	Winorośl właściwa <i>Vitis vinifera</i>	L.
18.	Rzpień Kolczasty <i>Xanthium spinosum</i>	L.
19.	Turzyca piaskowa <i>Carex arenaria</i>	L.
20.	Szczotlicha siwa <i>Corynephorus canescens</i>	(L.) P. Beauv.
21.	Sit członowaty <i>Juncus articulatus</i>	L.
22.	<i>Tabernaemontana divaricata</i>	(L.) R. Br. ex Roem. et Schult
23.	Drzewo arakowe <i>Salvadora persica</i>	L.
24.	<i>Alphitonia neocaledonica</i>	(Schltr.) Guillaumin
25.	Róża pomarszczona <i>Rosa rugosa</i>	(Thunb.)