

Table S2. The results of Metastats, non-parametric T-test showing significant differences ($P < 0.05$) in species abundance between the AMF communities associated with: the site contaminated with phenol and PAHs and the uncontaminated site (Table A), different plant species at the contaminated site (Table B), and different plant species at the uncontaminated site (Table C).

Table A

Species	Contaminated site			Uncontaminated site			P-value
	Mean	Variance	Std. Error	Mean	Variance	Std. Error	
Paraglomus_laccatum	0.347	0.125	0.058	0.133	0.027	0.024	0.001
Polonosporaceae_POL2_sp1	0.002	0.000	0.002	0.183	0.036	0.028	0.001
Polonosporaceae_POL2_sp5	0.000	0.000	0.000	0.116	0.038	0.029	0.001
Paraglomus_brasilianum	0.002	0.000	0.002	0.116	0.008	0.013	0.001
Rhizoglomus_irregulare	0.159	0.061	0.040	0.070	0.016	0.019	0.051
Nanoglomus_plukenetiae	0.003	0.000	0.002	0.150	0.051	0.034	0.001
Oehlia_diaphana	0.020	0.006	0.013	0.039	0.011	0.016	0.402
Claroideoglomus_luteum	0.075	0.019	0.023	0.000	0.000	0.000	0.001
Funneliformis_caledonium	0.095	0.053	0.038	0.000	0.000	0.000	0.001
Funneliformis_mosseae	0.086	0.041	0.033	0.000	0.000	0.000	0.001
Polonosporaceae_POL2	0.008	0.003	0.008	0.033	0.006	0.011	0.100
Polonospora_polonica	0.000	0.000	0.000	0.022	0.003	0.008	0.001
Microdominikia_litorea	0.000	0.000	0.000	0.017	0.002	0.007	0.001
Rhizoglomus	0.070	0.032	0.030	0.045	0.015	0.018	0.498
Polonospora	0.000	0.000	0.000	0.008	0.000	0.003	0.002
Claroideoglomus_walkerii	0.043	0.027	0.027	0.000	0.000	0.000	0.002
Polonosporaceae_POL2_sp6	0.000	0.000	0.000	0.003	0.000	0.001	0.001
Diversispora_sabulosa	0.000	0.000	0.000	0.004	0.000	0.001	0.001
Dominikia_aurea	0.014	0.002	0.007	0.003	0.000	0.001	0.114
Claroideoglomus_sp4	0.004	0.000	0.002	0.003	0.000	0.001	0.524
Dominikia_bonfanteae	0.000	0.000	0.000	0.006	0.000	0.001	0.001
Glomus_tetrastratosum	0.030	0.025	0.026	0.004	0.000	0.001	0.525
Claroideoglomus_claroideum	0.007	0.000	0.003	0.004	0.000	0.001	0.319
Polonosporaceae_POL2_sp8	0.000	0.000	0.000	0.002	0.000	0.001	0.002
Acaulospora_rugosa	0.000	0.000	0.000	0.003	0.000	0.001	0.001
Claroideoglomus_sp6	0.006	0.000	0.003	0.001	0.000	0.000	0.097
Cetraspora	0.000	0.000	0.000	0.006	0.000	0.002	0.001
Acaulospora_sp2	0.000	0.000	0.000	0.002	0.000	0.001	0.001
Glomeraceae	0.000	0.000	0.000	0.004	0.000	0.001	0.001
Cetraspora_nodosa	0.000	0.000	0.000	0.005	0.000	0.002	0.001
Archaeospora	0.000	0.000	0.000	0.002	0.000	0.000	0.001

Table C

Species	Contaminated site			Uncontaminated site			P-value
	Mean	Variance	Std. Error	Mean	Variance	Std. Error	
Paraglomus_laccatum	0.187	0.025	0.032	0.073	0.022	0.032	0.016
Polonosporaceae_POL2_sp1	0.276	0.045	0.044	0.078	0.004	0.014	0.001
Polonosporaceae_POL2_sp5	0.193	0.058	0.049	0.028	0.002	0.009	0.003
Paraglomus_brasilianum	0.123	0.005	0.015	0.107	0.011	0.023	0.556
Rhizoglomus_irregulare	0.042	0.013	0.024	0.103	0.018	0.030	0.107
Nanoglomus_plukenetiae	0.029	0.003	0.012	0.289	0.070	0.058	0.001
Oehlia_diaphana	0.071	0.019	0.028	0.001	0.000	0.000	0.001
Claroideoglomus_luteum	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.326
Funneliformis_caledonium	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000
Funneliformis_mosseae	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000
Polonosporaceae_POL2	0.011	0.000	0.004	0.057	0.011	0.023	0.041
Polonospora_polonica	0.020	0.005	0.014	0.023	0.001	0.007	0.851
Microdominikia_litorea	0.002	0.000	0.001	0.034	0.004	0.013	0.003
Rhizoglomus	0.003	0.000	0.002	0.093	0.028	0.036	0.002
Polonospora	0.007	0.001	0.005	0.008	0.000	0.004	0.901
Claroideoglomus_walkerii	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000
Polonosporaceae_POL2_sp6	0.004	0.000	0.001	0.002	0.000	0.001	0.300
Diversispora_sabulosa	0.004	0.000	0.001	0.004	0.000	0.003	0.915
Dominikia_aurea	0.000	0.000	0.000	0.005	0.000	0.002	0.034
Claroideoglomus_sp4	0.004	0.000	0.002	0.001	0.000	0.001	0.132
Dominikia_bonfanteae	0.002	0.000	0.001	0.010	0.000	0.003	0.001
Glomus_tetrastratosum	0.001	0.000	0.000	0.008	0.000	0.002	0.004
Claroideoglomus_claroideum	0.001	0.000	0.001	0.006	0.000	0.002	0.012
Polonosporaceae_POL2_sp8	0.004	0.000	0.002	0.000	0.000	0.000	0.040
Acaulospora_rugosa	0.004	0.000	0.002	0.001	0.000	0.001	0.650
Claroideoglomus_sp6	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000	0.001	0.164
Cetraspora	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.004	0.002
Acaulospora_sp2	0.003	0.000	0.001	0.002	0.000	0.001	0.531
Glomeraceae	0.001	0.000	0.000	0.007	0.000	0.002	0.001
Cetraspora_nodosa	0.000	0.000	0.000	0.011	0.000	0.004	0.001
Archaeospora	0.002	0.000	0.001	0.001	0.000	0.000	0.343
Archaeospora_trappei	0.001	0.000	0.000	0.001	0.000	0.001	0.899
Diversisporaceae	0.001	0.000	0.000	0.003	0.000	0.001	0.085
Rhizoglomus_sp	0.000	0.000	0.000	0.014	0.001	0.005	0.001
Claroideoglomus_cf_drummondii	0.000	0.000	0.000	0.004	0.000	0.001	0.002
Polonosporaceae	0.000	0.000	0.000	0.005	0.000	0.005	0.597

