

LEA_gem_ob_g2: elm correlation matrix

elm1: *_Bacteroides	1.00	0.96	-0.18	0.81	0.28	-0.04	0.74	0.51	0.41	0.33	0.89	-0.13	0.54	0.83	0.98
elm2: *_Faecalibacterium	0.96	1.00	-0.10	0.92	0.39	0.03	0.72	0.44	0.57	0.31	0.80	-0.03	0.63	0.71	0.93
elm3: *_Lactobacillus	-0.18	-0.10	1.00	-0.26	0.88	0.99	-0.76	0.64	0.71	0.84	-0.59	1.00	0.72	-0.65	-0.39
elm4: *_	0.81	0.92	-0.26	1.00	0.21	-0.17	0.81	0.08	0.49	0.00	0.71	-0.18	0.44	0.62	0.83
elm5: *_Blautia	0.28	0.39	0.88	0.21	1.00	0.93	-0.35	0.78	0.95	0.90	-0.18	0.91	0.96	-0.28	0.08
elm6: *_Lachnospiraceae;Other	-0.04	0.03	0.99	-0.17	0.93	1.00	-0.67	0.73	0.77	0.90	-0.47	0.99	0.80	-0.54	-0.26
elm7: *_Ruminococcus	0.74	0.72	-0.76	0.81	-0.35	-0.67	1.00	-0.19	-0.10	-0.39	0.91	-0.70	-0.09	0.89	0.86
elm8: *_Erysipelotrichaceae;Other	0.51	0.44	0.64	0.08	0.78	0.73	-0.19	1.00	0.62	0.96	0.18	0.64	0.82	0.14	0.33
elm9: *_Roseburia	0.41	0.57	0.71	0.49	0.95	0.77	-0.10	0.62	1.00	0.75	-0.03	0.77	0.96	-0.15	0.24
elm10: *_Catenibacterium	0.33	0.31	0.84	0.00	0.90	0.90	-0.39	0.96	0.75	1.00	-0.07	0.84	0.88	-0.13	0.12
elm11: *_Ruminococcaceae;Other	0.89	0.80	-0.59	0.71	-0.18	-0.47	0.91	0.18	-0.03	-0.07	1.00	-0.55	0.10	0.99	0.96
elm12: *_	-0.13	-0.03	1.00	-0.18	0.91	0.99	-0.70	0.64	0.77	0.84	-0.55	1.00	0.76	-0.63	-0.34
elm13: *_Coprococcus	0.54	0.63	0.72	0.44	0.96	0.80	-0.09	0.82	0.96	0.88	0.10	0.76	1.00	-0.01	0.35
elm14: *_	0.83	0.71	-0.65	0.62	-0.28	-0.54	0.89	0.14	-0.15	-0.13	0.99	-0.63	-0.01	1.00	0.92
elm15: *_	0.98	0.93	-0.39	0.83	0.08	-0.26	0.86	0.33	0.24	0.12	0.96	-0.34	0.35	0.92	1.00
	elm1	elm2	elm3	elm4	elm5	elm6	elm7	elm8	elm9	elm10	elm11	elm12	elm13	elm14	elm15