

IBS_P2 Metatranscriptores_CORE: elm correlation matrix

elm1:Bacteroidaceae	1.00	-0.67	-0.63	0.52	-0.81	0.07	0.16	-0.27	0.74	0.49	0.07	0.71	-0.12	0.09	-0.01
elm2:uc_Bacteria	-0.67	1.00	0.34	-0.62	0.75	0.06	0.06	0.01	-0.52	-0.45	-0.17	-0.43	0.28	0.10	0.05
elm3:uc_Alphaproteobacteria	-0.63	0.34	1.00	-0.47	0.73	-0.62	-0.39	-0.31	-0.50	-0.29	-0.26	-0.64	-0.53	-0.29	-0.38
elm4:Lachnospiraceae	0.52	-0.62	-0.47	1.00	-0.48	0.26	0.14	-0.14	0.08	-0.05	0.32	0.02	-0.05	0.20	0.10
elm5:uc_Proteobacteria	-0.81	0.75	0.73	-0.48	1.00	-0.35	-0.20	-0.22	-0.61	-0.45	-0.24	-0.68	-0.04	0.11	-0.32
elm6:uc_Clostridiales	0.07	0.06	-0.62	0.26	-0.35	1.00	0.11	0.56	-0.16	-0.30	0.11	0.16	0.64	0.28	0.72
elm7:Ruminococcaceae	0.16	0.06	-0.39	0.14	-0.20	0.11	1.00	-0.23	0.28	0.30	0.53	0.32	0.22	-0.22	-0.26
elm8:Clostridiaceae	-0.27	0.01	-0.31	-0.14	-0.22	0.56	-0.23	1.00	-0.17	-0.25	-0.13	-0.01	0.52	0.05	0.78
elm9:uc_Bacteroidales	0.74	-0.52	-0.50	0.08	-0.61	-0.16	0.28	-0.17	1.00	0.66	-0.02	0.90	0.05	-0.05	-0.25
elm10:Porphyromonadaceae	0.49	-0.45	-0.29	-0.05	-0.45	-0.30	0.30	-0.25	0.66	1.00	0.35	0.66	-0.30	-0.33	-0.39
elm11:Rikenellaceae	0.07	-0.17	-0.26	0.32	-0.24	0.11	0.53	-0.13	-0.02	0.35	1.00	-0.03	-0.11	-0.22	-0.26
elm12:uc_Bacteroidetes	0.71	-0.43	-0.64	0.02	-0.68	0.16	0.32	-0.01	0.90	0.66	-0.03	1.00	0.22	-0.02	-0.03
elm13:uc_Firmicutes	-0.12	0.28	-0.53	-0.05	-0.04	0.64	0.22	0.52	0.05	-0.30	-0.11	0.22	1.00	0.61	0.37
elm14:Erysipelotrichaceae	0.09	0.10	-0.29	0.20	0.11	0.28	-0.22	0.05	-0.05	-0.33	-0.22	-0.02	0.61	1.00	0.05
elm15:Peptostreptococcaceae	-0.01	0.05	-0.38	0.10	-0.32	0.72	-0.26	0.78	-0.25	-0.39	-0.26	-0.03	0.37	0.05	1.00
	elm1	elm2	elm3	elm4	elm5	elm6	elm7	elm8	elm9	elm10	elm11	elm12	elm13	elm14	elm15