

LEA_madre_ob_c: elm correlation matrix

elm1: *_Bacteroidales;Other;Other	1.00	-0.58	-0.88	-0.71	-0.78	-0.81	-0.90	-0.79	-0.90	-1.00	-0.52	-0.63	-0.90	-0.96	-0.95
elm2: *_Bacteroides	-0.58	1.00	0.89	0.99	-0.05	0.94	0.88	-0.04	0.18	0.59	-0.40	1.00	0.87	0.33	0.31
elm3: *_	-0.88	0.89	1.00	0.96	0.40	0.99	1.00	0.41	0.60	0.89	0.05	0.92	1.00	0.72	0.70
elm4: *_Faecalibacterium	-0.71	0.99	0.96	1.00	0.12	0.99	0.95	0.13	0.34	0.72	-0.24	0.99	0.94	0.48	0.47
elm5: *_Erysipelotrichaceae;Other	-0.78	-0.05	0.40	0.12	1.00	0.28	0.43	1.00	0.97	0.77	0.94	0.02	0.44	0.93	0.93
elm6: *_Roseburia	-0.81	0.94	0.99	0.99	0.28	1.00	0.99	0.29	0.49	0.82	-0.08	0.96	0.98	0.62	0.60
elm7: *_Lachnospiraceae;Other	-0.90	0.88	1.00	0.95	0.43	0.99	1.00	0.44	0.63	0.91	0.09	0.91	1.00	0.74	0.73
elm8: *_Blautia	-0.79	-0.04	0.41	0.13	1.00	0.29	0.44	1.00	0.98	0.78	0.93	0.03	0.45	0.93	0.94
elm9: *_Veillonellaceae;Other	-0.90	0.18	0.60	0.34	0.97	0.49	0.63	0.98	1.00	0.90	0.83	0.24	0.64	0.99	0.99
elm10: *_Catenibacterium	-1.00	0.59	0.89	0.72	0.77	0.82	0.91	0.78	0.90	1.00	0.50	0.64	0.91	0.96	0.95
elm11: *_Lactobacillus	-0.52	-0.40	0.05	-0.24	0.94	-0.08	0.09	0.93	0.83	0.50	1.00	-0.33	0.10	0.73	0.75
elm12: *_Streptococcus	-0.63	1.00	0.92	0.99	0.02	0.96	0.91	0.03	0.24	0.64	-0.33	1.00	0.90	0.39	0.37
elm13: *_Dorea	-0.90	0.87	1.00	0.94	0.44	0.98	1.00	0.45	0.64	0.91	0.10	0.90	1.00	0.75	0.73
elm14: *_	-0.96	0.33	0.72	0.48	0.93	0.62	0.74	0.93	0.99	0.96	0.73	0.39	0.75	1.00	1.00
elm15: *_Sutterella	-0.95	0.31	0.70	0.47	0.93	0.60	0.73	0.94	0.99	0.95	0.75	0.37	0.73	1.00	1.00
	elm1	elm2	elm3	elm4	elm5	elm6	elm7	elm8	elm9	elm10	elm11	elm12	elm13	elm14	elm15