## IBS\_h\_C1\_metatranscriptomes\_family\_CORE: elm correlation matrix

									<u> </u>						
elm1:uc_Bacteria	1.00	-0.36	-0.89	-0.31	0.26	-0.58	-0.47	-0.78	-0.78	0.44	-0.11	0.63	0.65	-0.81	-0.42
elm2:Lachnospiraceae	-0.36	1.00	0.06	-0.58	0.63	0.19	0.01	0.04	0.05	0.21	-0.39	-0.57	-0.44	0.08	0.88
elm3:Ruminococcaceae	-0.89	0.06	1.00	0.38	-0.47	0.64	0.29	0.82	0.62	-0.44	0.24	-0.54	-0.62	0.84	0.17
elm4:Bacteroidaceae	-0.31	-0.58	0.38	1.00	-0.47	-0.06	0.65	0.18	0.59	-0.34	0.41	-0.10	-0.22	0.28	-0.60
elm5:uc_Clostridiales	0.26	0.63	-0.47	-0.47	1.00	-0.54	-0.02	-0.62	-0.29	0.52	-0.34	-0.37	-0.14	-0.47	0.52
elm6:Prevotellaceae	-0.58	0.19	0.64	-0.06	-0.54	1.00	-0.30	0.84	0.09	-0.46	0.15	-0.27	-0.44	0.80	0.15
elm7:uc_Firmicutes	-0.47	0.01	0.29	0.65	-0.02	-0.30	1.00	0.04	0.84	-0.17	0.22	-0.30	-0.27	0.09	-0.02
elm8:Porphyromonadaceae	-0.78	0.04	0.82	0.18	-0.62	0.84	0.04	1.00	0.46	-0.73	0.32	-0.29	-0.40	0.94	0.17
elm9:uc_Bacteroidales	-0.78	0.05	0.62	0.59	-0.29	0.09	0.84	0.46	1.00	-0.38	0.03	-0.26	-0.25	0.42	0.19
elm10:uc_Clostridia	0.44	0.21	-0.44	-0.34	0.52	-0.46	-0.17	-0.73	-0.38	1.00	-0.47	0.09	0.19	-0.64	0.10
elm11:Puniceicoccaceae	-0.11	-0.39	0.24	0.41	-0.34	0.15	0.22	0.32	0.03	-0.47	1.00	-0.24	-0.36	0.44	-0.55
elm12:uc_Alphaproteobacteria	0.63	-0.57	-0.54	-0.10	-0.37	-0.27	-0.30	-0.29	-0.26	0.09	-0.24	1.00	0.96	-0.52	-0.40
elm13:uc_Proteobacteria	0.65	-0.44	-0.62	-0.22	-0.14	-0.44	-0.27	-0.40	-0.25	0.19	-0.36	0.96	1.00	-0.62	-0.21
elm14:Rikenellaceae	-0.81	0.08	0.84	0.28	-0.47	0.80	0.09	0.94	0.42	-0.64	0.44	-0.52	-0.62	1.00	0.11
elm15:Alcaligenaceae	-0.42	0.88	0.17	-0.60	0.52	0.15	-0.02	0.17	0.19	0.10	-0.55	-0.40	-0.21	0.11	1.00
	Tuys	<4/1/2	elm3	BU/S	ens	94/18	<4/1/2	841/8	64/18	OTUJO	Trup	?tup	elm13	eln14	stu <sub>lo</sub>