## LEA h gem del a1 elm correlation matrix

_		LE <i>F</i>	<u> </u>	<u>_ge</u>	<u>m_</u>	<u>aei_</u>	<u>aı:</u>	eir	eim correia			<u>on</u>	ma	ITIX	
elm1:_*_	1.00	0.01	0.47	0.70	0.82	-0.02	0.16	0.03	0.69	0.71	0.02	0.42	-0.26	0.47	0.43
elm2:_*_Bacteroides	0.01	1.00	0.59	-0.51	0.29	0.83	0.63	0.60	-0.24	-0.10	0.91	0.50	0.93	-0.35	0.59
elm3:_*_Faecalibacterium	0.47	0.59	1.00	-0.05	0.53	0.51	0.59	0.69	- <b>0.1</b> 3	0.02	0.51	0.46	0.35	-0.18	0.64
elm4:_*_Blautia	0.70	-0.51	-0.05	1.00	0.47	-0.54	-0.47	-0.29	0.70	0.80	-0.46	0.25	-0.67	0.85	0.01
elm5:_*_Lachnospiraceae;Other	0.82	0.29	0.53	0.47	1.00	0.06	0.35	0.17	0.62	0.69	0.30	0.48	-0.04	0.20	0.50
elm6:_*_Parabacteroides	-0.02	0.83	0.51	-0.54	0.06	1.00	0.44	0.37	-0.27	-0.28	0.73	0.17	0.88	-0.35	0.39
elm7:_*_Dialister	0.16	0.63	0.59	-0.47	0.35	0.44	1.00	0.54	-0.18	-0.15	0.51	0.23	0.49	-0.62	0.51
elm8:_*_Lachnospira	0.03	0.60	0.69	-0.29	0.17	0.37	0.54	1.00	-0.22	-0.22	0.36	0.32	0.49	-0.32	0.38
elm9:_*_	0.69	-0.24	-0.13	0.70	0.62	-0.27	-0.18	-0.22	1.00	0.68	-0.26	0.02	-0.37	0.44	0.02
elm10:_*_Brevibacillus	0.71	-0.10	0.02	0.80	0.69	-0.28	-0.15	-0.22	0.68	1.00	-0.10	0.45	-0.29	0.70	0.11
elm11:_*_Ruminococcaceae;Other	0.02	0.91	0.51	-0.46	0.30	0.73	0.51	0.36	-0.26	-0.10	1.00	0.60	0.81	-0.27	0.72
elm12:_*_	0.42	0.50	0.46	0.25	0.48	0.17	0.23	0.32	0.02	0.45	0.60	1.00	0.30	0.43	0.72
elm13:_*_Sutterella	-0.26	0.93	0.35	-0.67	-0.04	0.88	0.49	0.49	-0.37	-0.29	0.81	0.30	1.00	-0.40	0.36
elm14:_*_Streptococcus	0.47	-0.35	-0.18	0.85	0.20	-0.35	-0.62	-0.32	0.44	0.70	-0.27	0.43	-0.40	1.00	0.04
elm15:_*_	0.43	0.59	0.64	0.01	0.50	0.39	0.51	0.38	0.02	0.11	0.72	0.72	0.36	0.04	1.00
•	tu <sub>s</sub>	¿w»	em3	suna	elms	94/10	<u></u>	84/18	64/10	Orups	Trups	em2	elm <sub>13</sub>	e/m <sub>24</sub>	elm <sub>15</sub>
	=	=	-	-	-	-	-	-	-	Ø	©	©`	©	Ø`	©