

LEA_madre_b: elm correlation matrix

elm1: _	1.00	0.45	0.98	0.92	0.87	0.93	0.97	0.04	1.00	0.62	0.79	0.74	0.94	0.35	-0.81
elm2: *_Ruminococcus	0.45	1.00	0.25	0.08	-0.04	0.75	0.66	-0.87	0.40	0.98	-0.19	-0.27	0.73	0.99	0.16
elm3: _	0.98	0.25	1.00	0.99	0.96	0.83	0.89	0.26	0.99	0.43	0.90	0.87	0.84	0.13	-0.92
elm4: *_Bacteroides	0.92	0.08	0.99	1.00	0.99	0.72	0.80	0.42	0.94	0.28	0.96	0.94	0.74	-0.03	-0.97
elm5: _	0.87	-0.04	0.96	0.99	1.00	0.64	0.72	0.53	0.90	0.16	0.99	0.97	0.65	-0.15	-0.99
elm6: *_Ruminococcaceae;Other	0.93	0.75	0.83	0.72	0.64	1.00	0.99	-0.32	0.91	0.86	0.51	0.44	1.00	0.67	-0.54
elm7: *_Blautia	0.97	0.66	0.89	0.80	0.72	0.99	1.00	-0.21	0.95	0.80	0.60	0.54	1.00	0.57	-0.63
elm8: _	0.04	-0.87	0.26	0.42	0.53	-0.32	-0.21	1.00	0.10	-0.76	0.65	0.71	-0.30	-0.92	-0.62
elm9: *_Coprococcus	1.00	0.40	0.99	0.94	0.90	0.91	0.95	0.10	1.00	0.58	0.82	0.77	0.92	0.30	-0.84
elm10: *_Lachnospiraceae;Other	0.62	0.98	0.43	0.28	0.16	0.86	0.80	-0.76	0.58	1.00	0.00	-0.07	0.85	0.95	-0.04
elm11: *_Parabacteroides	0.79	-0.19	0.90	0.96	0.99	0.51	0.60	0.65	0.82	0.00	1.00	1.00	0.53	-0.30	-1.00
elm12: *_Collinsella	0.74	-0.27	0.87	0.94	0.97	0.44	0.54	0.71	0.77	-0.07	1.00	1.00	0.46	-0.38	-0.99
elm13: *_Erysipelotrichaceae;Other	0.94	0.73	0.84	0.74	0.65	1.00	1.00	-0.30	0.92	0.85	0.53	0.46	1.00	0.65	-0.56
elm14: *_Faecalibacterium	0.35	0.99	0.13	-0.03	-0.15	0.67	0.57	-0.92	0.30	0.95	-0.30	-0.38	0.65	1.00	0.27
elm15: *_Turicibacter	-0.81	0.16	-0.92	-0.97	-0.99	-0.54	-0.63	-0.62	-0.84	-0.04	-1.00	-0.99	-0.56	0.27	1.00
	elm1	elm2	elm3	elm4	elm5	elm6	elm7	elm8	elm9	elm10	elm11	elm12	elm13	elm14	elm15