

LEA_madre_ob_e: elm correlation matrix

elm1: *_Bacteroides	1.00	0.95	0.90	0.81	0.87	0.86	-0.29	0.94	-0.76	0.99	0.86	0.75	1.00	0.05	-0.18
elm2: *_	0.95	1.00	0.73	0.59	0.67	0.66	0.02	0.78	-0.93	0.90	0.66	0.50	0.97	0.36	0.13
elm3: *_Lactobacillus	0.90	0.73	1.00	0.98	1.00	1.00	-0.67	1.00	-0.41	0.95	1.00	0.96	0.87	-0.38	-0.59
elm4: *_	0.81	0.59	0.98	1.00	0.99	1.00	-0.80	0.96	-0.24	0.88	1.00	1.00	0.77	-0.55	-0.72
elm5: *_Blautia	0.87	0.67	1.00	0.99	1.00	1.00	-0.72	0.99	-0.35	0.93	1.00	0.98	0.83	-0.45	-0.64
elm6: *_Erysipelotrichaceae;Other	0.86	0.66	1.00	1.00	1.00	1.00	-0.74	0.98	-0.33	0.92	1.00	0.98	0.82	-0.47	-0.66
elm7: *_Ruminococcaceae;Other	-0.29	0.02	-0.67	-0.80	-0.72	-0.74	1.00	-0.61	-0.40	-0.41	-0.74	-0.85	-0.22	0.94	0.99
elm8: *_Lachnospiraceae;Other	0.94	0.78	1.00	0.96	0.99	0.98	-0.61	1.00	-0.49	0.97	0.99	0.93	0.91	-0.31	-0.52
elm9: *_	-0.76	-0.93	-0.41	-0.24	-0.35	-0.33	-0.40	-0.49	1.00	-0.67	-0.33	-0.14	-0.81	-0.68	-0.50
elm10: *_Roseburia	0.99	0.90	0.95	0.88	0.93	0.92	-0.41	0.97	-0.67	1.00	0.92	0.83	0.98	-0.08	-0.31
elm11: *_Catenibacterium	0.86	0.66	1.00	1.00	1.00	1.00	-0.74	0.99	-0.33	0.92	1.00	0.98	0.82	-0.46	-0.66
elm12: *_	0.75	0.50	0.96	1.00	0.98	0.98	-0.85	0.93	-0.14	0.83	0.98	1.00	0.70	-0.62	-0.79
elm13: *_Coprococcus	1.00	0.97	0.87	0.77	0.83	0.82	-0.22	0.91	-0.81	0.98	0.82	0.70	1.00	0.12	-0.11
elm14: *_Faecalibacterium	0.05	0.36	-0.38	-0.55	-0.45	-0.47	0.94	-0.31	-0.68	-0.08	-0.46	-0.62	0.12	1.00	0.97
elm15: *_Veillonellaceae;Other	-0.18	0.13	-0.59	-0.72	-0.64	-0.66	0.99	-0.52	-0.50	-0.31	-0.66	-0.79	-0.11	0.97	1.00
	elm1	elm2	elm3	elm4	elm5	elm6	elm7	elm8	elm9	elm10	elm11	elm12	elm13	elm14	elm15