IBS_P1_metatranscriptomes_family: elm correlation matrix

	_	•						_		,					
elm1:Lachnospiraceae	1.00	-0.10	-0.45	0.12	-0.53	-0.17	-0.23	-0.10	-0.06	0.24	0.17	-0.27	0.30	-0.65	-0.47
elm2:Bacteroidaceae	-0.10	1.00	0.07	0.25	0.77	-0.53	-0.66	-0.48	- 0.1 5	-0.12	-0.01	-0.54	0.15	0.41	0.02
elm3:Ruminococcaceae	-0.45	0.07	1.00	0.13	-0.01	0.67	-0.38	-0.35	0.45	-0.73	-0.70	-0.54	-0.48	0.58	0.66
elm4:uc_Clostridiales	0.12	0.25	0.13	1.00	0.33	-0.16	-0.25	-0.82	0.46	-0.69	-0.61	-0.44	0.05	-0.09	0.27
elm5:uc_Bacteria	-0.53	0.77	-0.01	0.33	1.00	-0.51	-0.20	-0.33	-0.09	-0.21	-0.10	-0.08	0.09	0.39	0.20
elm6:Prevotellaceae	-0.17	-0.53	0.67	-0.16	-0.51	1.00	-0.03	0.05	0.26	-0.40	-0.49	-0.17	-0.58	0.01	0.65
elm7:uc_Bacteroidales	-0.23	-0.66	-0.38	-0.25	-0.20	-0.03	1.00	0.46	0.20	0.28	0.22	0.92	-0.07	-0.04	-0.38
elm8:Porphyromonadaceae	-0.10	-0.48	-0.35	-0.82	-0.33	0.05	0.46	1.00	-0.59	0.71	0.63	0.66	0.14	-0.26	-0.26
elm9:uc_Firmicutes	-0.06	-0.15	0.45	0.46	-0.09	0.26	0.20	-0.59	1.00	-0.74	-0.76	- 0.1 3	-0.24	0.39	0.01
elm10:uc_Alphaproteobacteria	0.24	-0.12	-0.73	-0.69	-0.21	-0.40	0.28	0.71	-0.74	1.00	0.98	0.52	0.29	-0.31	-0.57
elm11:uc_Proteobacteria	0.17	-0.01	-0.70	-0.61	-0.10	-0.49	0.22	0.63	-0.76	0.98	1.00	0.47	0.32	-0.22	-0.55
elm12:uc_Bacteroidetes	-0.27	-0.54	-0.54	-0.44	-0.08	-0.17	0.92	0.66	-0.13	0.52	0.47	1.00	0.17	-0.14	-0.39
elm13:Clostridiaceae	0.30	0.15	-0.48	0.05	0.09	-0.58	-0.07	0.14	-0.24	0.29	0.32	0.17	1.00	-0.36	-0.41
elm14:Puniceicoccaceae	-0.65	0.41	0.58	-0.09	0.39	0.01	-0.04	-0.26	0.39	-0.31	-0.22	-0.14	-0.36	1.00	0.06
elm15:Alcaligenaceae	-0.47	0.02	0.66	0.27	0.20	0.65	-0.38	-0.26	0.01	-0.57	-0.55	-0.39	-0.41	0.06	1.00
	tu _{lo}	24/10	eln3	6/174	elms	94/10	<4/1/0	84/18	64/10	oru ₁ 0	elm ₁	6/W12>	elm23	6/11/4	elm15