

Приложение 1. Представители микробиома кишечника, статистически значимо взаимосвязанные с содержанием индол-3-лактата в кале (significance level = 3, $p \leq 0,001$) в норме

№ пп	Представители микробиотической популяции кишечника	Коэффициент корреляции Спирмена
1	<i>f__Ruminococcaceae; g__Faecalibacterium; s__OTU_1</i>	0,372
2	<i>f__Lachnospiraceae; g__Blautia; s__OTU_1</i>	0,369
3	<i>f__Lachnospiraceae; g__Lachnospiraceae_ND3007_group; s__OTU_2</i>	0,366
4	<i>f__Ruminococcaceae; g__Faecalibacterium; s__OTU_2</i>	0,362
5	<i>f__Ruminococcaceae; g__Faecalibacterium; s__OTU_3</i>	0,328
6	<i>f__Lachnospiraceae; g__Lachnoclostridium; s__OTU_1</i>	0,321
7	<i>f__Lachnospiraceae; g__OTU_1; s__OTU_1</i>	0,318
8	<i>f__Akkermansiaceae; g__Akkermansia; s__OTU_1</i>	0,315
9	<i>f__Lachnospiraceae; g__Lachnospiraceae_ND3007_group; s__OTU_1</i>	0,315
10	<i>f__Barnesiellaceae; g__Barnesiella; s__OTU_1</i>	0,312
11	<i>f__Lachnospiraceae; g__Lachnospiraceae_UCG-001; s__OTU_1</i>	0,306
12	<i>f__Lachnospiraceae; g__[Eubacterium]_hallii_group; s__OTU_1</i>	0,302
13	<i>f__Lachnospiraceae; g__Lachnospiraceae_UCG-010; s__OTU_5</i>	0,302
14	<i>f__Lachnospiraceae; g__Blautia; s__OTU_2</i>	0,302
15	<i>f__Lachnospiraceae; g__Lachnospiraceae_NK4A136_group; s__OTU_6</i>	0,297
16	<i>f__Lachnospiraceae; g__Fusicatenibacter; s__OTU_1</i>	0,296
17	<i>f__Monoglobaceae; g__Monoglobus; s__OTU_1</i>	0,295
18	<i>f__Ruminococcaceae; g__Faecalibacterium; s__OTU_4</i>	0,295
19	<i>f__Lachnospiraceae; g__Roseburia; s__OTU_1</i>	0,295
20	<i>f__Lachnospiraceae; g__Lachnospiraceae_ND3007_group; s__OTU_2</i>	0,293
21	<i>f__Tannerellaceae; g__Parabacteroides; s__OTU_1</i>	0,289
22	<i>f__Lachnospiraceae; g__Blautia; s__OTU_3</i>	0,289
23	<i>f__Bacteroidaceae; g__Bacteroides; s__OTU_1</i>	0,289
24	<i>f__Monoglobaceae; g__Monoglobus; s__OTU_2</i>	0,286
25	<i>f__Lachnospiraceae; g__Lachnospiraceae_NK4A136_group; s__OTU_7</i>	0,285
26	<i>f__Ruminococcaceae; g__Subdoligranulum; s__OTU_1</i>	0,285
27	<i>f__Pasteurellaceae; g__Haemophilus; s__OTU_1</i>	0,284
28	<i>f__Bacteroidaceae; g__Bacteroides; s__OTU_2</i>	0,283
29	<i>f__Monoglobaceae; g__Monoglobus; s__OTU_3</i>	0,282
30	<i>f__Lachnospiraceae; g__Blautia; s__OTU_4</i>	0,282
31	<i>f__Christensenellaceae; g__Christensenellaceae_R-7_group; s__OTU_1</i>	0,28
32	<i>f__Lachnospiraceae; g__Blautia; s__OTU_5</i>	0,28
33	<i>f__Bacteroidaceae; g__Bacteroides; s__OTU_2</i>	0,279
34	<i>f__Ruminococcaceae; g__Faecalibacterium; s__OTU_5</i>	0,278
35	<i>f__Lachnospiraceae; g__[Eubacterium]_eligans_group; s__OTU_1</i>	0,278
36	<i>f__Lachnospiraceae; g__Blautia; s__OTU_6</i>	0,276
37	<i>f__Lachnospiraceae; g__[Eubacterium]_hallii_group; s__OTU_2</i>	0,276
38	<i>f__Bacteroidaceae; g__Bacteroides; s__OTU_3</i>	0,276
39	<i>f__Lachnospiraceae; g__Anaerostipes; s__OTU_1</i>	0,275
40	<i>f__Ruminococcaceae; g__Faecalibacterium; s__OTU_6</i>	0,275
41	<i>f__Lachnospiraceae; g__Blautia; s__OTU_7</i>	0,275
42	<i>f__Ruminococcaceae; g__Faecalibacterium; s__OTU_7</i>	0,274
43	<i>f__Lachnospiraceae; g__Fusicatenibacter; s__OTU_2</i>	0,273
44	<i>f__Rikenellaceae; g__Alistipes; s__OTU_1</i>	0,273
45	<i>f__Lachnospiraceae; g__Lachnospiraceae_ND3007_group; s__OTU_3</i>	0,273
46	<i>f__Lachnospiraceae; g__OTU_1; s__OTU_1</i>	0,273
47	<i>f__Lachnospiraceae; g__[Ruminococcus]_torques_group; s__OTU_1</i>	0,272
48	<i>f__Lachnospiraceae; g__Fusicatenibacter; s__OTU_3</i>	0,27
49	<i>f__Bacteroidaceae; g__Bacteroides; s__OTU_4</i>	0,27
50	<i>f__Lachnospiraceae; g__Fusicatenibacter; s__OTU_4</i>	0,269
51	<i>f__Lachnospiraceae; g__Fusicatenibacter; s__OTU_5</i>	0,268
52	<i>f__Monoglobaceae; g__Monoglobus; s__OTU_4</i>	0,268
53	<i>f__Lachnospiraceae; g__Lachnospira; s__OTU_1</i>	0,268
54	<i>f__Lachnospiraceae; g__Lachnospiraceae_ND3007_group; s__OTU_4</i>	0,267