

Appendix 2. Members of gut microbiome significantly correlated to fecal levels of indole-3-lactate (significance level = 3, $p \leq 0.001$) in obese patients

No	Members of the gut microbial population	Spearman's rank correlation coefficient
1	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Klebsiella; s__Klebsiella_pneumoniae</i>	0.378
2	<i>f__Pseudomonadaceae; g__Pseudomonas; s__metagenome</i>	0.364
3	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_1</i>	0.351
4	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_sp.</i>	0.339
5	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.334
6	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__metagenome</i>	0.331
7	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_2</i>	0.328
8	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_3</i>	0.328
9	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.326
10	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_4</i>	0.326
11	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Shigella_dysenteriae</i>	0.323
12	<i>f__Sutterellaceae; g__Parasutterella; OTU_1</i>	0.318
13	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.314
14	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.311
15	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_5</i>	0.306
16	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Cronobacter_sp.</i>	0.305
17	<i>f__Ruminococcaceae; g__Faecalibacterium; OTU_1</i>	0.304
18	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_6</i>	0.301
19	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.298
20	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_7</i>	0.295
21	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_8</i>	0.294
22	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_9</i>	0.293
23	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_10</i>	0.292
24	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_11</i>	0.292
25	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.291
26	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Enterobacter; s__Enterobacter_sp.</i>	0.291
27	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_12</i>	0.291
28	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.290
29	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_13</i>	0.287
30	<i>f__Muribaculaceae; g__Muribaculaceae; OTU_1</i>	0.286
31	<i>f__Streptococcaceae; g__Lactococcus; s__Leuconostoc_pseudomessenteroides</i>	0.286
32	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_14</i>	0.286
33	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.285
34	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__bacterium_enrichment</i>	0.285
35	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.284
36	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__bacterium_B7(2014)</i>	0.282
37	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.281
38	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_15</i>	0.280
39	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_16</i>	0.280
40	<i>f__Lactobacillaceae; g__Lactobacillus; OTU_17</i>	0.279
41	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_18</i>	0.278
42	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.275
43	<i>f__Streptococcaceae; g__Lactococcus; s__Lactococcus_garvieae</i>	0.274
44	<i>f__Streptococcaceae; g__Lactococcus; OTU_1</i>	0.273
45	<i>f__Eggerthellaceae; g__Senegalimassilia; s__Senegalimassilia_anaerobia</i>	0.273
46	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_19</i>	0.273
47	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_20</i>	0.272
48	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_21</i>	0.271
49	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_22</i>	0.271
50	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_23</i>	0.269
51	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_24</i>	0.269
52	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Oryza_sativa</i>	0.268
53	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.268
54	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.265
55	<i>f__Streptococcaceae; g__Lactococcus; OTU_2</i>	0.264
56	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.262
57	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.260
58	<i>f__Enterococcaceae; g__Enterococcus; s__Enterococcus_faecalis</i>	0.259
59	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__uncultured_Enterobacteriaceae</i>	0.259
60	<i>f__Bacteroidaceae; g__Bacteroides; OTU_1</i>	0.259
61	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.259
62	<i>f__Streptococcaceae; g__Lactococcus; OTU_3</i>	0.258
63	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.258
64	<i>f__Muribaculaceae; g__Muribaculaceae; OTU_2</i>	0.258
65	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__bacterium_28W121</i>	0.257
66	<i>f__Clostridiaceae; g__Clostridium_sensu_stricto_1; OTU_1</i>	0.257
67	<i>f__Lachnospiraceae; g__Blautia; OTU_1</i>	0.256
68	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_25</i>	0.256
69	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_fergusonii</i>	0.256
70	<i>f__Lachnospiraceae; g__Blautia; OTU_2</i>	0.255
71	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.255
72	<i>f__Bacteroidaceae; g__Bacteroides; OTU_2</i>	0.254
73	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_26</i>	0.254
74	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_27</i>	0.252
75	<i>f__Lachnospiraceae; g__Blautia; OTU_3</i>	0.251
76	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_28</i>	0.251
77	<i>f__Oscillospiraceae; g__Colidextribacter; OTU_1</i>	0.250
78	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_29</i>	0.249
79	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Shigella_flexneri</i>	0.249
80	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.249
81	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU30</i>	0.248
82	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.248
83	<i>f__Christensenellaceae; g__Christensenellaceae_R-7_group; OTU_1</i>	0.248
84	<i>f__Streptococcaceae; g__Streptococcus; OTU_1</i>	0.247
85	<i>f__Lachnospiraceae; g__CAG-56; OTU_1</i>	0.247
86	<i>f__Lachnospiraceae; g__Blautia; OTU_4</i>	0.247
87	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__uncultured_Klebsiella</i>	0.247
88	<i>f__Lachnospiraceae; g__[Ruminococcus]_torques_group; OTU_1</i>	0.247
89	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_sp.</i>	0.246
90	<i>f__Streptococcaceae; g__Lactococcus; OTU_1</i>	0.246
91	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_31</i>	0.246
92	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.245
93	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_32</i>	0.244
94	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.244
95	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_33</i>	0.244
96	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_34</i>	0.244
97	<i>f__Muribaculaceae; g__Muribaculaceae; OTU_1</i>	0.243
98	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_35</i>	0.243
99	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_36</i>	0.242
100	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_37</i>	0.242
101	<i>f__Bacteroidaceae; g__Bacteroides; OTU_3</i>	0.240
102	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_38</i>	0.240
103	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.240
104	<i>f__Chloroplast; g__Chloroplast; s__uncultured_Oscillatoria</i>	0.239
105	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_39</i>	0.239
106	<i>f__Ruminococcaceae; g__Faecalibacterium; OTU_1</i>	0.239
107	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_40</i>	0.239
108	<i>f__Lachnospiraceae; g__Blautia; OTU_4</i>	0.238
109	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_41</i>	0.238
110	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Shigella_boydii</i>	0.238
111	<i>f__Lachnospiraceae; g__Fusicatenibacter; OTU_1</i>	0.237
112	<i>f__Lachnospiraceae; g__Coprococcus; OTU_1</i>	0.237
113	<i>f__Streptococcaceae; g__Lactococcus; OTU_2</i>	0.236
114	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.236
115	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.236
116	<i>f__Oscillospiraceae; g__UCG-005; OTU_1</i>	0.235
117	<i>f__Ruminococcaceae; g__Ruminococcus; OTU_1</i>	0.235
118	<i>f__Lactobacillaceae; g__Lactobacillus; s__Lactobacillus_oris</i>	0.235
119	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Shigella_dysenteriae</i>	0.234
120	<i>f__Tannerellaceae; g__Parabacteroides; s__Parabacteroides_gordonii</i>	0.234
121	<i>f__Bacteroidaceae; g__Bacteroides; OTU_4</i>	0.233
122	<i>f__Lachnospiraceae; g__Anaerostipes; OTU_1</i>	0.233
123	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.233
124	<i>f__Clostridiaceae; g__Clostridium_sensu_stricto_1; OTU_1</i>	0.232
125	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_42</i>	0.231
126	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.231
127	<i>f__Eggerthellaceae; g__Enterorhabdus; OTU_1</i>	0.231
128	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_43</i>	0.231
129	<i>f__Ruminococcaceae; g__Faecalibacterium; OTU_2</i>	0.231
130	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Klebsiella; s__Klebsiella_sp.</i>	0.230
131	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.230
132	<i>f__Enterococcaceae; g__Enterococcus; s__Enterococcus_faecalis</i>	0.230
133	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.230
134	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_43</i>	0.229
135	<i>f__Ruminococcaceae; g__Faecalibacterium; OTU_3</i>	0.229
136	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Escherichia_coli</i>	0.229
137	<i>f__Lachnospiraceae; g__Blautia; OTU_5</i>	0.228
138	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; s__Citrobacter_freundii</i>	0.228
139	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_44</i>	0.228
140	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_45</i>	0.228
141	<i>f__Streptococcaceae; g__Lactococcus; OTU_2</i>	0.228
142	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Salmonella; s__Salmonella_enterica</i>	0.228
143	<i>f__Prevotellaceae; g__Prevotella; OTU_1</i>	0.228
144	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_46</i>	0.227
145	<i>f__Enterococcaceae; g__Enterococcus; s__Enterococcus_faecalis</i>	0.227
146	<i>f__Lachnospiraceae; g__Lachnospiraceae_UCG-004; OTU_1</i>	0.226
147	<i>f__Enterococcaceae; g__Enterococcus; s__Enterococcus_faecalis</i>	0.226
148	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Enterobacter; s__Enterobacter_sp.</i>	0.226
149	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_46</i>	0.226
150	<i>f__Lachnospiraceae; g__OTU_1; OTU_1</i>	0.226
151	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_47</i>	0.226
152	<i>f__Enterobacteriaceae; g__Escherichia-Shigella; OTU_48</i>	0.225
153	<i>f__Bacteroidaceae; g__Bacteroides; OTU_5</i>	0.225
154	<i>f__Bacteroidaceae; g__Bacteroides; OTU_6</i>	0.225