

Приложение 2. Представители микробиома кишечника, статистически значимо взаимосвязанные с содержанием индол-3-лактата в кале (significance level = 3, $p \leq 0,001$) у больных ожирением

| "№ пп" | Представители микробиотической популяции кишечника | Коэффициент корреляции Спирмена |
|--------|---|---------------------------------|
| 1 | f_Enterobacteriaceae; g_Klebsiella; s_Klebsiella_pneumoniae | 0,378 |
| 2 | f_Pseudomonadaceae; g_Pseudomonas; s_metagenome | 0,364 |
| 3 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_1 | 0,351 |
| 4 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_sp. | 0,339 |
| 5 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,334 |
| 6 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_metagenome | 0,331 |
| 7 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_2 | 0,328 |
| 8 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_3 | 0,328 |
| 9 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,326 |
| 10 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_4 | 0,326 |
| 11 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Shigella_dysenteriae | 0,323 |
| 12 | f_Sutterellaceae; g_Parasutterella; OTU_1 | 0,318 |
| 13 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,314 |
| 14 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,311 |
| 15 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_5 | 0,306 |
| 16 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Cronobacter_sp. | 0,305 |
| 17 | f_Ruminococcaceae; g_Faecalibacterium; OTU_1 | 0,304 |
| 18 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_6 | 0,301 |
| 19 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,298 |
| 20 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_7 | 0,295 |
| 21 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_8 | 0,294 |
| 22 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_9 | 0,293 |
| 23 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_10 | 0,292 |
| 24 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_11 | 0,292 |
| 25 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,291 |
| 26 | f_Enterobacteriaceae; g_Enterobacter; s_Enterobacter_sp. | 0,291 |
| 27 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_12 | 0,291 |
| 28 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,29 |
| 29 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_13 | 0,287 |
| 30 | f_Muribaculaceae; g_Muribaculaceae; OTU_1 | 0,286 |
| 31 | f_Streptococcaceae; g_Lactococcus; s_Leuconostoc_pseudomesenteroides | 0,286 |
| 32 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_14 | 0,286 |
| 33 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,285 |
| 34 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_bacterium_enrichment | 0,285 |
| 35 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,284 |
| 36 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_bacterium_B7(2014) | 0,282 |
| 37 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,281 |
| 38 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_15 | 0,28 |
| 39 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_16 | 0,28 |
| 40 | f_Lactobacillaceae; g_Lactobacillus; OTU_17 | 0,279 |
| 41 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_18 | 0,278 |
| 42 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,275 |
| 43 | f_Streptococcaceae; g_Lactococcus; s_Lactococcus_garvieae | 0,274 |
| 44 | f_Streptococcaceae; g_Lactococcus; OTU_1 | 0,273 |
| 45 | f_Eggerthellaceae; g_Senegalimassilia; s_Senegalimassilia_anaerobia | 0,273 |
| 46 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_19 | 0,273 |
| 47 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_20 | 0,272 |
| 48 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_21 | 0,271 |
| 49 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_22 | 0,271 |
| 50 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_23 | 0,269 |
| 51 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_24 | 0,269 |
| 52 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Oryza_sativa | 0,268 |
| 53 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,268 |
| 54 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,265 |
| 55 | f_Streptococcaceae; g_Lactococcus; OTU_2 | 0,264 |
| 56 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,262 |
| 57 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,26 |
| 58 | f_Enterococcaceae; g_Enterococcus; s_Enterococcus_faecalis | 0,259 |
| 59 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_uncultured_Enterobacteriaceae | 0,259 |
| 60 | f_Bacteroidaceae; g_Bacteroides; OTU_1 | 0,259 |
| 61 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,259 |
| 62 | f_Streptococcaceae; g_Lactococcus; OTU_3 | 0,258 |
| 63 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,258 |
| 64 | f_Muribaculaceae; g_Muribaculaceae; OTU_2 | 0,258 |
| 65 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_bacterium_28W121 | 0,257 |
| 66 | f_Clostridiaceae; g_Clostridium_sensu_stricto_1; OTU_1 | 0,257 |
| 67 | f_Lachnospiraceae; g_Blautia; OTU_1 | 0,256 |
| 68 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_25 | 0,256 |
| 69 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_fergusonii | 0,256 |
| 70 | f_Lachnospiraceae; g_Blautia; OTU_2 | 0,255 |
| 71 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,255 |
| 72 | f_Bacteroidaceae; g_Bacteroides; OTU_2 | 0,254 |
| 73 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_26 | 0,254 |
| 74 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_27 | 0,252 |
| 75 | f_Lachnospiraceae; g_Blautia; OTU_3 | 0,251 |
| 76 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_28 | 0,251 |
| 77 | f_Oscillospiraceae; g_Colidextribacter; OTU_1 | 0,25 |
| 78 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_29 | 0,249 |
| 79 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Shigella_flexneri | 0,249 |
| 80 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,249 |
| 81 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU30 | 0,248 |
| 82 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,248 |
| 83 | f_Christensenellaceae; g_Christensenellaceae_R-7_group; OTU_1 | 0,248 |
| 84 | f_Streptococcaceae; g_Streptococcus; OTU_1 | 0,247 |
| 85 | f_Lachnospiraceae; g_CAG-56; OTU_1 | 0,247 |
| 86 | f_Lachnospiraceae; g_Blautia; OTU_4 | 0,247 |
| 87 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_uncultured_Klebsiella | 0,247 |
| 88 | f_Lachnospiraceae; g_Ruminococcus_torques_group; OTU_1 | 0,247 |
| 89 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_sp. | 0,246 |
| 90 | f_Streptococcaceae; g_Lactococcus; OTU_1 | 0,246 |
| 91 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_31 | 0,246 |
| 92 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,245 |
| 93 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_32 | 0,244 |
| 94 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,244 |
| 95 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_33 | 0,244 |
| 96 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_34 | 0,244 |
| 97 | f_Muribaculaceae; g_Muribaculaceae; OTU_1 | 0,243 |
| 98 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_35 | 0,243 |
| 99 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_36 | 0,242 |
| 100 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_37 | 0,242 |
| 101 | f_Bacteroidaceae; g_Bacteroides; OTU_3 | 0,24 |
| 102 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_38 | 0,24 |
| 103 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,24 |
| 104 | f_Chloroplast; g_Chloroplast; s_uncultured_Oscillatoria | 0,239 |
| 105 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_39 | 0,239 |
| 106 | f_Ruminococcaceae; g_Faecalibacterium; OTU_1 | 0,239 |
| 107 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_40 | 0,239 |
| 108 | f_Lachnospiraceae; g_Blautia; OTU_4 | 0,238 |
| 109 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_41 | 0,238 |
| 110 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Shigella_boydii | 0,238 |
| 111 | f_Lachnospiraceae; g_Fusicatenibacter; OTU_1 | 0,237 |
| 112 | f_Lachnospiraceae; g_Coproccoccus; OTU_1 | 0,237 |
| 113 | f_Streptococcaceae; g_Lactococcus; OTU_2 | 0,236 |
| 114 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,236 |
| 115 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,236 |
| 116 | f_Oscillospiraceae; g_UCG-005; OTU_1 | 0,235 |
| 117 | f_Ruminococcaceae; g_Ruminococcus; OTU_1 | 0,235 |
| 118 | f_Lactobacillaceae; g_Lactobacillus; s_Lactobacillus_oris | 0,235 |
| 119 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Shigella_dysenteriae | 0,234 |
| 120 | f_Tannerellaceae; g_Parabacteroides; s_Parabacteroides_gordonii | 0,234 |
| 121 | f_Bacteroidaceae; g_Bacteroides; OTU_4 | 0,233 |
| 122 | f_Lachnospiraceae; g_Anaerostipes; OTU_1 | 0,233 |
| 123 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,233 |
| 124 | f_Clostridiaceae; g_Clostridium_sensu_stricto_1; OTU_1 | 0,232 |
| 125 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_42 | 0,231 |
| 126 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,231 |
| 127 | f_Eggerthellaceae; g_Enterohabdus; OTU_1 | 0,231 |
| 128 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_43 | 0,231 |
| 129 | f_Ruminococcaceae; g_Faecalibacterium; OTU_2 | 0,231 |
| 130 | f_Enterobacteriaceae; g_Klebsiella; s_Klebsiella_sp. | 0,23 |
| 131 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,23 |
| 132 | f_Enterococcaceae; g_Enterococcus; s_Enterococcus_faecalis | 0,23 |
| 133 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,23 |
| 134 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_43 | 0,229 |
| 135 | f_Ruminococcaceae; g_Faecalibacterium; OTU_3 | 0,229 |
| 136 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Escherichia_coli | 0,229 |
| 137 | f_Lachnospiraceae; g_Blautia; OTU_5 | 0,228 |
| 138 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; s_Citrobacter_freundii | 0,228 |
| 139 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_44 | 0,228 |
| 140 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_45 | 0,228 |
| 141 | f_Streptococcaceae; g_Lactococcus; OTU_2 | 0,228 |
| 142 | f_Enterobacteriaceae; g_Salmonella; s_Salmonella_enterica | 0,228 |
| 143 | f_Prevotellaceae; g_Prevotella; OTU_1 | 0,228 |
| 144 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_46 | 0,227 |
| 145 | f_Enterococcaceae; g_Enterococcus; s_Enterococcus_faecalis | 0,227 |
| 146 | f_Lachnospiraceae; g_Lachnospiraceae_UCG-004; OTU_1 | 0,226 |
| 147 | f_Enterococcaceae; g_Enterococcus; s_Enterococcus_faecalis | 0,226 |
| 148 | f_Enterobacteriaceae; g_Enterobacter; s_Enterobacter_sp. | 0,226 |
| 149 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_46 | 0,226 |
| 150 | f_Lachnospiraceae; g_OTU_1; OTU_1 | 0,226 |
| 151 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_47 | 0,226 |
| 152 | f_Enterobacteriaceae; g_Escherichia-Shigella; OTU_48 | 0,225 |
| 153 | f_Bacteroidaceae; g_Bacteroides; OTU_5 | 0,225 |
| 154 | f_Bacteroidaceae; g_Bacteroides; OTU_6 | 0,225 |