

**Table S1. Relative abundance of genera in CHOW, HFHS and CE groups.**

		Relative abundance (%)											
Taxon Phylum	Treatment Week Genus*	CHOW				HFHS				CE			
		0	1	5	9	0	1	5	9	0	1	5	9
Actinobacteria	<i>Propionibacterium</i>	0,00	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00	0,04
Actinobacteria	<i>Adlercreutzia</i>	0,04	0,12	0,16	0,08	0,39	0,19	0,12	0,51	0,19	0,16	0,23	0,23
Bacteroidetes	<i>Phocaeicola</i>	0,08	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00
Bacteroidetes	<i>Barnesiella</i>	17,07	9,82	20,03	13,21	10,52	13,45	1,44	1,36	14,30	11,22	1,44	0,70
Bacteroidetes	<i>unclassified</i>	43,22	33,09	22,92	27,28	27,01	24,90	4,64	12,82	34,65	26,66	5,53	8,85
Bacteroidetes	<i>unclassified</i>	0,31	0,19	0,00	0,04	0,16	0,04	0,00	0,04	0,16	0,08	0,00	0,16
Bacteroidetes	<i>unclassified</i>	0,19	0,23	0,00	0,00	0,04	0,04	0,04	0,00	0,00	0,04	0,04	0,00
Firmicutes	<i>Bacillus</i>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,08
Firmicutes	<i>Staphylococcus</i>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,04	0,00
Firmicutes	<i>Melissococcus</i>	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Firmicutes	<i>Lactobacillus</i>	1,71	2,30	2,49	2,96	8,46	6,12	1,05	0,31	2,65	1,79	1,33	0,12
Firmicutes	<i>unclassified</i>	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,08	0,00	0,00
Firmicutes	<i>Turicibacter</i>	3,66	2,34	0,94	3,55	10,17	4,29	0,31	0,04	4,83	4,56	0,00	0,00
Firmicutes	<i>unclassified</i>	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Firmicutes	<i>unclassified</i>	0,00	0,16	0,47	0,74	0,39	0,12	0,12	0,12	0,58	0,51	0,58	0,90
Firmicutes	<i>Clostridium</i>	0,00	0,00	0,04	0,04	0,12	0,35	1,75	0,19	0,12	0,00	0,00	0,00
Firmicutes	<i>Acidaminobacter</i>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Firmicutes	<i>Anaerovorax</i>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Firmicutes	<i>Eubacterium</i>	0,82	2,38	1,29	1,05	2,14	0,23	0,19	0,35	0,08	5,81	0,19	0,27
Firmicutes	<i>Dehalobacterium</i>	0,00	0,00	0,16	0,12	0,12	0,00	0,00	0,12	0,19	0,00	0,08	0,16
Firmicutes	<i>Eubacterium</i>	0,16	0,19	0,04	0,12	0,27	0,19	0,16	2,49	0,12	0,00	0,39	1,17
Firmicutes	<i>Anaerostipes</i>	0,00	0,00	0,16	0,12	0,00	0,16	0,04	0,00	0,12	0,00	0,00	0,00
Firmicutes	<i>Bacteroides</i>	0,08	0,08	0,19	0,08	0,00	0,00	0,00	0,00	0,04	0,08	0,00	0,00



Firmicutes	<i>Oscillibacter</i>	0,66	1,71	2,49	2,92	0,78	1,05	2,49	3,86	1,87	2,34	4,48	3,12
Firmicutes	<i>Oscillospira</i>	0,94	1,05	1,75	1,64	1,75	1,64	1,17	1,56	0,82	1,13	1,29	1,99
Firmicutes	<i>Papillibacter</i>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,08	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00	0,19	0,00
Firmicutes	<i>Pseudoflavonifractor</i>	0,27	1,17	0,74	1,25	1,05	0,62	1,29	1,68	0,94	0,35	2,26	1,44
Firmicutes	<i>Ruminococcus</i>	0,04	0,04	0,47	0,39	0,19	0,16	0,19	0,04	0,39	0,16	0,04	0,00
Firmicutes	<i>Sporobacter</i>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00
Firmicutes	unclassified*	0,82	1,33	1,21	1,01	0,47	0,66	0,66	1,48	0,94	0,82	2,22	1,75
Firmicutes	unclassified*	0,43	1,56	1,60	0,94	0,62	0,31	1,91	4,60	0,86	1,09	2,18	1,75
Firmicutes	unclassified*	0,04	0,04	0,12	0,16	0,00	0,16	0,04	0,08	0,08	0,00	0,00	0,00
Firmicutes	unclassified*	1,05	0,51	0,23	0,70	2,49	1,17	0,04	0,08	1,01	0,90	0,19	0,12
Proteobacteria	<i>Methylobacterium</i>	0,00	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,04	0,00
Proteobacteria	<i>Enterobacter</i>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,39
Proteobacteria	unclassified*	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,08
Proteobacteria	<i>Acinetobacter</i>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Proteobacteria	<i>Pseudomonas</i>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,04
Tenericutes	<i>Allobaculum</i>	0,04	0,00	0,08	0,04	0,00	0,08	12,12	3,51	0,04	0,00	0,00	0,00
Tenericutes	<i>Clostridium</i>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,08	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00
Tenericutes	<i>Coprobacillus</i>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00	0,08	0,00
Tenericutes	unclassified*	0,04	0,00	0,00	0,04	0,04	0,08	0,12	0,00	0,12	0,04	0,00	0,08
Tenericutes	<i>Anaeroplasma</i>	0,08	1,01	1,21	0,74	0,08	0,27	0,04	0,00	0,39	0,47	0,04	0,00
Tenericutes	unclassified*	0,90	0,78	0,97	1,13	0,47	2,03	0,27	0,43	1,48	0,27	0,04	0,04
Verrucomicrobia	<i>Akkermansia</i>	1,09	4,56	0,78	0,19	3,27	5,03	10,64	7,76	3,08	1,44	21,51	30,16
unclassified	unclassified	0,43	0,70	0,70	0,23	0,94	0,58	0,55	0,39	0,55	0,94	0,35	0,27

<sup>a</sup>Taxa marked with asterisk could not be assigned to any of the genera and are shown at the lowest common taxon

**Table S2. Proportion of sequences assigned to a given bacterial genus in metagenomic samples between week 1 and 9 for Chow, HFHS and CE treatments**

Treatment	Genus*	Proportion (%)	
		Week 1	Week 9
Chow	Unclassified <i>Porphyromonadaceae</i> *	43,2	27,2
	Unclassified <i>Lachnospiraceae</i> *	12,3	16,8
	<i>Clostridium</i>	8,7	12,9
	<i>Barnesiella</i>	17,1	13,3
	<i>Oscillibacter</i>	3,1	6,8
	<i>Acetivibrio</i>	0,5	1,9
	<i>Lactobacillus</i>	1,7	3,0
	<i>Pseudoflavonifractor</i>	0,2	1,2
HFHS	<i>Oscillibacter</i>	2,5	25,4
	Unclassified <i>Porphyromonadaceae</i> *	27,0	12,9
	<i>Turicibacter</i>	10,0	0,04
	<i>Barnesiella</i>	10,4	1,3
	<i>Lactobacillus</i>	8,5	0,3
	<i>Akkermansia</i>	3,3	7,8
	Unclassified <i>Clostridiales</i> *	0,5	4,8
	<i>Allobaculum</i>	0,0	3,5
	<i>Ruminococcus</i>	0,4	3,7
	<i>Clostridium</i>	10,1	13,3
	Unclassified <i>Firmicutes</i> *	2,6	0,1
CE	<i>Akkermansia</i>	3,1	30,2
	Unclassified <i>Porphyromonadaceae</i> *	34,6	8,9
	<i>Oscillibacter</i>	3,9	18,0
	<i>Barnesiella</i>	14,3	0,7
	<i>Turicibacter</i>	4,7	0
	<i>Ruminococcus</i>	0,5	3,5
	<i>Lactobacillus</i>	2,7	0,1
	<i>Acetivibrio</i>	2,1	0,1
	Unclassified RF39 ( <i>Mollicutes</i> )*	1,5	0,04
	<i>Eubacterium</i>	0,2	1,4
	Unclassified <i>Firmicutes</i> *	1,3	0,1
	<i>Oscillospira</i>	0,8	2,0

\*Taxa marked with asterisk could not be assigned to any of the genera and are shown at the lowest common taxon

**Table S3. Primer Sequences**

Gene	Forward sequence	Reverse sequence
Hprt	CCCCAAAATGGTTAAGGTTGC	AACAAAGTCTGGCCTGTATCC
Muc2	ACGTGTCATATTTGCACCTCT	TCAACATTGAGAGTGCCAACT
Klf4	GTAGTGCCTGGTCAGTTCATC	AACCTATACCAAGAGTTCTCATCTC
Reg3g	TTCCTGTCCTCCATGATCAAA	CATCCACCTCTGTTGGGTTTC