

Supplement

Table 1: Rat Genome Database (RGD) accession numbers and primer sequences of genes selected for qRT-PCR

Gene	Accession number (RGDID)	Primer sequence (5'-3')
<i>TNF-α</i>	NM_012675.3	F 5'- CGTCAGCCGATTTGCCATTT -3' R5'- TCCCTCAGGGGTGTCCTTAG -3'
<i>Adiponectin</i>	NM_144744.3	F 5'- GCCGTTCTCTTCACCTACGACC -3' R 5'- GGTCTCCACCTCCAGATGG -3'
<i>Caveolin</i>	NM_031556.3	F 5'- CGCACACCAAGGAGATTGA -3' R 5'- CCATAGGGATGCCGAAGATG -3'
<i>MCP-1</i>	NM_031530.1	F 5'- TAGCATCCACGTGCTGTCTC -3' R 5'- CAGCCGACTCATTGGGATCA -3'
<i>TJP-1</i>	NM_001106266.1	F 5'- GCAATTCCGTATCGTTGGATTT -3' R 5'- CGGTTGTATGCTGGAGTGAT -3'
<i>IL-6</i>	NM_012589.2	F 5'- CATTTCACAAGTCGGAGGCT -3' R 5'- TCTGACAGTGCATCATCGCT -3'
<i>MyD-88</i>	NM_198130.1	F 5'- GACAGCAGTGTCCCACAGAC -3' R 5'- AGCAGATGAAGGCGTCGAAA -3'
<i>TLR-2</i>	NM_198769.2	F 5'- ATCACTGCACCCTCAATGATGGG -3' R 5'- TGTGCAGGCTCCGTATTGTT -3'
<i>TLR-4</i>	NM_019178.1	F 5'- TTTCTGAGTAGCCGCTCTGG -3' R 5'- CTCCCCTCGACGTAGGTGT -3'
<i>Hprt1</i>	NM_012583.2	F 5'- TAGGTCCATTCCATGACTGTAGA -3' R 5'- TGGCCTGTATCCAACACTTC -3'

Primers used (*Forward e Reverse*)

Table 2: Relative abundance (%) of bacterial families of F₂-G₀H offspring from progenitors (G₀H) who consumed a high-fat diet

	G ₀ C	G ₀ H	F ₂ -G ₀ C	F ₂ -G ₀ H
Bacterial do Filo Actinobacteria (-)				
<i>Desulfovibrionaceae</i> (-)	0,00	0,00	0,03	0,00
<i>Prochlorococcaceae</i> (-)	0,00	0,00	0,01	0,00
Subtotal	0,00%	0,00%	0,04%	0,00%
Bacterial do Filo Bacteroidetes (-)				
<i>Bacteroidaceae</i> (-)	0,92	13,28	0,65	7,96
<i>Porphyromonadaceae</i> (-)	4,83	6,32	2,69	0,23
<i>Prevotellaceae</i> (-)	69,58	20,92	81,63	78,16
<i>Prolixibacteraceae</i> (-)	0,22	0,34	0,37	1,14
<i>Rikenellaceae</i> (-)	0,00	0,00	0,00	0,36
Subtotal	75,56%	40,85%	85,40%	87,86%
Bacterial do Filo Cyanobacteria (-)				
<i>Aerococcaceae</i> (+)	0,00	0,00	0,00	0,02
Subtotal	0,00%	0,00%	0,00%	0,02%
Bacterial do Filo Fibrobacteres (-)				
<i>Fibrobacteraceae</i> (-)	0,00	0,00	0,02	0,01
Subtotal	0,00%	0,00%	0,02%	0,01%
Bacterial do Filo Firmicutes (+)				
<i>Bacillaceae</i> (+)	0,00	0,00	0,00	0,26
<i>Clostridiaceae</i> (+)	1,38	3,02	1,11	0,69
<i>Erysipelotrichaceae</i> (+)	0,39	0,68	0,28	0,20
<i>Eubacteraceae</i> (+)	6,77	22,48	2,90	0,83
<i>Lachospiraceae</i> (+)	0,86	3,33	1,57	2,51
<i>Lactobacillaceae</i> (+)	3,81	16,37	1,40	0,42
<i>Ruminococcaceae</i> (+)	0,55	2,50	0,91	1,69
Subtotal	13,76%	48,38%	8,30%	6,61%
Bacterial do Filo Firmicutes (-)				
<i>Veillonellaceae</i>	0,00	0,00	0,00	0,33
Subtotal	0,00%	0,00%	0,00%	0,33%
Bacterial do Filo Proteobacteria (-)				
<i>Enterococcaceae</i>	0,00	0,00	0,02	0,00
Subtotal	0,00%	0,00%	0,02%	0,00%
Bacterial do Filo Spirochaetes (-)				
<i>Spirochaetaceae</i> (-)	1,99	1,04	5,95	2,16
Subtotal	1,99%	1,04%	5,95%	2,16%
Bacterial do Filo Tenericutes (-)				
<i>Acholeplasmataceae</i> (-)	6,79	9,70	0,21	2,58
<i>Mycoplasmataceae</i> (-)	0,00	0,00	0,00	0,06
<i>Spiroplasmataceae</i> (-)	1,90	0,03	0,06	0,36
Subtotal	8,69%	9,73%	0,27%	3,01%
Total	100%	100%	100%	100%