

668

Table S1. Effect of APE on the central and intestinal circadian rhythms of clock genes

SCN	AC			AF			DF			DP		
	Acrophase	Amplitude	<i>p</i>	Acrophase	Amplitude	<i>p</i>	Acrophase	Amplitude	<i>p</i>	Acrophase	Amplitude	<i>p</i>
<i>Clock</i>	NR	NR	0.30	NR	NR	0.22	NR	NR	1.00	NR	NR	1.00
<i>Bmal1</i>	3	0.15	<0.01	3	0.14	<0.01	9	0.34	<0.01	3	0.09	0.01
<i>Per1</i>	18	0.26	<0.01	12	0.16	0.04	NR	NR	0.25	NR	NR	0.22
<i>Per2</i>	15	0.34	<0.01	15	0.31	<0.01	15	0.44	<0.01	15	0.24	<0.01
<i>Cry1</i>	21	0.16	0.01	0	0.13	<0.01	NR	NR	0.28	21	0.05	0.04
<i>Cry2</i>	21	0.17	0.03	NR	NR	0.13	NR	NR	0.59	NR	NR	1.00
<i>Rev-erba</i>	9	0.43	<0.01	9	0.47	<0.01	9	0.55	<0.01	9	0.31	<0.01
<i>Rora</i>	9	0.20	0.03	6	0.18	0.02	NR	NR	0.70	6	0.13	0.02
ileum												
<i>Clock</i>	3	0.22	<0.01	NR	NR	0.08	NR	NR	0.53	3	0.32	<0.01
<i>Bmal1</i>	3	0.51	<0.01	0	0.40	<0.01	0	0.23	<0.01	0	0.34	<0.01
<i>Per1</i>	18	0.40	0.04	NR	NR	1.00	NR	NR	0.64	NR	NR	0.84
<i>Per2</i>	18	0.58	<0.01	15	0.81	<0.01	21	0.25	0.04	NR	NR	0.07
<i>Cry1</i>	3	0.20	<0.01	0	0.21	0.02	NR	NR	0.09	21	0.25	<0.01
<i>Cry2</i>	21	0.22	0.01	18	0.12	0.03	NR	NR	0.30	21	0.13	0.04
<i>Rev-erba</i>	12	6.20	<0.01	9	5.64	<0.01	9	3.19	<0.01	9	2.23	<0.01
<i>Rora</i>	NR	NR	0.28	NR	NR	0.28	NR	NR	0.13	NR	NR	1.00

669

670 Data was analyzed by JTK_CYCLE. Acrophase in ZT is only given for profiles that showed significantly rhythmic when $P<0.05$.

671 NR: no significant rhythm by JTK_CYCLE.

672

673

Table S2. Effects of APE on rhythms of genes related to bile acid metabolism in the ileum

ileum	AC			AF			DF			DP		
	Acrophase	Amplitude	<i>p</i>	Acrophase	Amplitude	<i>p</i>	Acrophase	Amplitude	<i>p</i>	Acrophase	Amplitude	<i>p</i>
<i>Fxr</i>	21	0.31	0.01	NR	NR	0.19	NR	NR	1.00	NR	NR	0.07
<i>Fgf15</i>	0	0.30	<0.01	3	0.17	<0.01	0	0.34	<0.01	NR	NR	0.08
<i>Shp</i>	NR	NR	0.62	0	2.22	0.02	NR	NR	0.45	18	1.70	<0.01
<i>Asbt</i>	18	0.71	0.03	NR	NR	0.24	NR	NR	0.86	NR	NR	0.07
<i>Osta</i>	15	0.70	<0.01	NR	NR	1.00	0	0.82	<0.01	NR	NR	0.27
<i>Ostβ</i>	NR	NR	1.00	NR	NR	0.07	3	0.21	<0.01	21	0.19	0.03

675 Data was analyzed by JTK_CYCLE. Acrophase in ZT is only given for profiles that showed significantly rhythmic when $P<0.05$.

676 NR: no significant rhythm by JTK_CYCLE.

Table S3. Effects of APE on the abundance of gut microbiota at the genus level

Genus	ZT0_AC	ZT0_AF	ZT0_DF	ZT0_DP	ZT0_AC	ZT0_AF	ZT0_DF	ZT0_DP
Muribaculaceae	46.53±5.02	8.69±4.99	1.19±0.16	0.00±0.00	47.30±6.16	4.15±0.69	2.89±1.15	0.01±0.01
Akkermansia	7.58±1.55	12.71±3.61	9.56±3.68	60.84±6.97	0.10±0.04	3.78±1.15	5.63±1.99	44.85±13.79
Lactobacillus	1.81±0.94	3.12±0.85	10.19±2.62	0.10±0.04	20.65±5.81	4.50±1.05	13.90±3.48	0.66±0.21
Bilophila	0.95±0.36	11.37±0.98	11.28±4.38	8.83±2.34	0.60±0.16	10.63±3.64	7.36±2.34	13.53±3.71
Erysipelatoclostridium	0.04±0.02	2.91±0.20	17.66±2.65	1.82±0.54	0.08±0.04	5.46±2.07	9.76±1.83	18.25±5.46
Lachnospiraceae	2.69±0.69	10.53±3.21	4.62±1.29	0.58±0.17	1.17±0.23	6.24±0.67	5.53±1.11	0.82±0.20
Bacteroides	0.43±0.13	6.64±2.06	1.81±0.63	4.47±1.98	0.44±0.06	5.05±1.74	4.26±2.26	2.01±0.69
Muribaculum	4.10±0.50	1.05±0.60	0.30±0.11	0.00±0.00	4.26±0.34	1.95±0.35	0.59±0.21	0.00±0.00
Eubacterium	0.00±0.00	1.41±0.65	2.91±1.71	0.07±0.04	0.07±0.05	5.83±2.68	10.20±1.75	0.12±0.05
Mucispirillum	0.31±0.17	2.19±0.75	3.11±2.03	0.27±0.15	0.07±0.07	0.40±0.14	0.55±0.43	4.13±1.16
Alistipes	2.57±0.14	1.37±0.40	0.83±0.27	0.45±0.28	2.29±0.51	1.22±0.49	0.97±0.31	0.15±0.06
Lachnospiraceae_NK4A136_group	5.38±1.74	1.19±0.51	0.71±0.20	0.71±0.34	2.45±0.78	0.80±0.45	0.69±0.20	0.33±0.10
Helicobacter	1.21±0.43	1.95±1.15	0.81±0.24	0.93±0.39	1.18±0.76	0.40±0.09	0.90±0.57	2.50±1.28
Clostridiales	1.86±0.47	1.72±0.44	2.75±0.43	0.72±0.20	1.60±0.31	1.70±0.48	1.56±0.53	0.25±0.06
Roseburia	0.04±0.03	3.07±0.69	2.80±0.84	1.90±0.37	0.11±0.06	3.65±0.76	3.07±0.71	2.24±0.91
Desulfovibrio	3.08±0.98	1.27±0.30	1.71±0.54	0.10±0.05	0.86±0.37	1.57±0.19	0.90±0.32	0.13±0.04
Alloprevotella	2.68±0.64	2.26±1.10	0.56±0.17	0.00±0.00	2.36±1.01	1.09±0.86	0.98±0.25	0.00±0.00
Parabacteroides	0.86±0.19	2.76±1.50	0.57±0.19	3.95±0.94	0.46±0.04	1.06±0.52	1.07±0.45	1.97±0.63
Ruminiclostridium_9	0.63±0.15	2.64±0.86	2.30±0.80	0.61±0.37	0.32±0.13	2.01±0.46	2.49±0.98	0.34±0.10
Dubosiella	0.39±0.19	1.11±0.18	0.49±0.43	0.03±0.01	0.13±0.07	8.84±3.06	2.17±0.74	0.00±0.00
Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia	0.56±0.16	1.88±0.40	1.93±0.70	0.31±0.11	0.41±0.08	1.30±0.22	2.76±0.71	0.23±0.14
UBA1819	0.01±0.00	0.15±0.06	0.03±0.01	4.37±1.01	0.00±0.00	0.21±0.07	0.01±0.00	6.99±1.60
Eubacterium]_coprostanoligenes_group	0.73±0.61	0.75±0.66	0.07±0.04	0.26±0.18	0.49±0.37	1.74±1.72	3.34±2.10	0.86±0.24
Intestinimonas	0.57±0.16	1.09±0.53	0.97±0.43	0.22±0.16	0.25±0.09	1.02±0.30	1.73±0.88	0.03±0.01
Ruminococcaceae_UCG-014	2.12±0.69	1.18±0.93	0.30±0.25	0.00±0.00	1.27±0.47	0.57±0.34	0.39±0.12	0.00±0.00

Olsenella	0.02±0.01	1.22±0.38	0.43±0.15	0.13±0.05	0.05±0.03	4.47±1.78	2.33±0.87	0.09±0.08
Anaerotruncus	0.17±0.07	1.11±0.32	1.13±0.33	0.03±0.02	0.06±0.02	0.77±0.20	0.79±0.19	0.06±0.02
Enterorhabdus	0.46±0.18	0.72±0.18	0.60±0.12	0.62±0.15	0.66±0.16	0.85±0.20	0.66±0.12	0.27±0.04
Rikenellaceae_RC9_gut_group	0.61±0.15	0.87±0.59	0.14±0.08	0.06±0.06	0.29±0.11	0.29±0.13	0.36±0.14	0.00±0.00
Streptococcus	0.09±0.05	1.53±0.57	1.29±0.33	0.19±0.09	0.01±0.01	0.99±0.32	0.90±0.12	0.45±0.11
Others	11.52±1.11	9.55±1.24	9.83±1.59	7.46±1.62	10.02±1.42	17.44±1.64	11.25±2.54	9.49±2.33
