

SUPPLEMENTAL MATERIALS

Table S1. Regression coefficients for associations given in Figure 3AB

Age related associations in pooled groups	Gut-CT caecum	Gut-CT colon	L-CT caecum	L-CT colon	VF-CT caecum	VF-CT colon	Gut-GE10 caecum	Gut-GE10 colon	Gut-GE60 caecum	Gut-GE60 colon	Gut-GU10 caecum	Gut-GU10 colon	Gut-GU60 caecum	Gut-GU60 colon	Steatosi Macro caecum	Steatosi Macro colon	Liver lobular inflamm. caecum	Liver lobular inflamm. colon	Portal inflamm. caecum	Portal inflamm. colon	Score tot colon (ns caecum)	L-GE10 caecum	L-GE10 colon	L-GU10 caecum (ns colon)	VF-GE10 caecum (ns colon)	VF-GE60 caecum (ns colon)	VF-GU10 caecum (ns colon)	VF-GU60 caecum	VF-GU60 colon
<i>g_Adlercreutzia</i>	0,5		0,6	0,5			-0,4	-0,4	-0,5		-0,4	-0,4	-0,4								-0,5			-0,4					
<i>g_Akkermansia</i>						0,5	-0,4				-0,3										-0,5	-0,4			-0,6		-0,5		
<i>g_Bacillus</i>	0,4	0,4		0,4						-0,4			-0,4						-0,5		-0,5								
<i>g_Bifidobacterium</i>			0,5	0,4																									
<i>g_Bilophila</i>		0,4		0,5																									
<i>g_Blautia</i>																0,6			-0,5										
<i>g_Burkholderiaceae_uncl</i>	0,4		0,4	0,4																									
<i>g_Clostridiales_uncl</i>	-0,5			-0,4																		0,3							
<i>g_Coprobaillus</i>							-0,3											0,6											
<i>g_Coproccoccus</i>	-0,5					0,4											0,5					0,4							
<i>g_Corynebacterium</i>			-0,4																	0,5									
<i>g_Dehalobacterium</i>	-0,5			-0,4																		0,4							
<i>g_Desulfovibrio</i>	0,4		0,5				-0,4															-0,5	-0,4		-0,4				
<i>g_Lactobacillus</i>	0,7	0,4	0,5																			-0,4							
<i>g_Planococaceae_uncl</i>	0,4																												
<i>g_Oscillospira</i>	-0,5					0,5	0,4	0,4														0,4			0,4	0,3			
<i>g_rc44</i>	-0,6	-0,4	-0,5	-0,4	-0,4	-0,4	0,4	0,3	0,4													0,5	0,5		0,3				
<i>g_RF39_uncl</i>	0,4	0,4	0,4	0,4			-0,4	-0,3	-0,5							0,6									-0,4	-0,4			
<i>g_Rikenellaceae_uncl</i>			0,4																			-0,4							
<i>g_Roseburia</i>	-0,4	-0,5	-0,6	-0,6	-0,4	-0,5																							
<i>g_Ruminococcaceae_uncl</i>	-0,6	-0,4	-0,4	-0,4	-0,4	-0,4	0,4			0,3												0,4	0,4						
<i>g_S247_uncl</i>	-0,7	-0,4	-0,5		-0,4	0,4	0,4															0,4	0,3						
<i>g_Streptococcus</i>			0,3																										-0,4
Adipocytokine.signaling.pathway	-0,7					0,3	0,4															0,4							
Arginine.and.proline.metabolism	-0,7	-0,4					0,4															0,4							
D.Alanine.metabolism	0,6	0,5		0,4			-0,3			-0,3																			
Energy.metabolism	-0,7						0,3	0,3																	0,4	0,4			
Glycine.serine.and.threonine.metabolism	-0,8	-0,4	-0,4				0,4			0,4												0,4							
Glycolysis..Gluconeogenesis	0,7																					-0,3			-0,4	-0,3			
Glycosaminoglycan.degradation	-0,7	-0,4								0,3												0,4	0,4						
Glycosphingolipid.biosynthesis..ganglio.series	-0,7	-0,4				0,4	0,4	0,3														0,5	0,4						
Glycosphingolipid.biosynthesis..globo.series	-0,7	-0,4	-0,4	-0,3	-0,4	0,4	0,4	0,4														0,5	0,4						
Lipoic.acid.metabolism	-0,6									0,3												0,3	0,3						
Lipopolysaccharide.biosynthesis	-0,6																												
Lipopolysaccharide.biosynthesis.proteins	-0,6																							0,3					
Lysine.biosynthesis	-0,5																								0,4	0,3	0,4		
MAPK.signaling.pathway..yeast	-0,8					0,4	0,4	0,4														0,4							
N.Glycan.biosynthesis	-0,7					0,4	0,4	0,4	0,5													0,4	0,5						
Nitrogen.metabolism (also 6 mo)																		-0,6											
Other.glycan.degradation	-0,7	-0,4	-0,4		0,4	0,3	0,3															0,4	0,3						
Oxidative.phosphorylation	-0,6								0,4		-0,6														0,4	0,3	0,4	0,5	
Pentose.phosphate.pathway	0,5																												
Peptidoglycan.biosynthesis	0,6	0,4																											
Peroxisome	-0,8	-0,4			0,4	0,4	0,4	0,4														0,5		0,3					
Phenylalanine.tyrosine.and.tryptophan.biosynthesis	-0,7	-0,4	-0,3																										
Phosphotransferase.system.PTS.	0,6																												
Primary.bile.acid.biosynthesis		-0,5	-0,5	-0,4						0,5	0,5									0,6									
Propanoate.metabolism	0,6				-0,3																								
Secondary.bile.acid.biosynthesis		-0,5	-0,5												0,7														
Sphingolipid.metabolism	-0,7	-0,4			0,4	0,4	0,4															0,4	0,4						
Starch.and.sucrose.metabolism (also 6 mo)	-0,4	-0,5	-0,4	-0,4			-0,4	-0,4														-0,5	-0,4						
Sulfur.relay.system	0,6			0,4	0,4	-0,4																							
Tyrosine.metabolism	0,7	0,3	0,4																										
Valine.leucine.and.isoleucine.biosynthesis	-0,7					0,3	0,4	0,3														0,3					0,3		

Table S2. Regression coefficients for associations given in Figure 3C-F

1 month old offspring	L-CT caecum	L-CT colon	Steatosi Macro caecum	Portal inflamm. caecum	Liver lob. inflamm./score colon	Gut-GU60 colon	VF-GE10 colon	VF-GE60 colon	VF-GU10 colon	VF-GU60 caecum	VF-GU60 colon
f_Peptostreptococcaceae									0,5		0,5
f_Porphyromonadaceae								0,5	0,5		0,6
f_RF39_uncl					0,7						0,6
g_Anaerotruncus					-0,7				-0,5	-0,7	
g_Clostridium					0,5						
g_Parabacteroides								0,5	0,5		0,6
g_Peptostreptococcaceae											0,5
g_RF39_uncl					0,7					0,6	0,6
g_Rikenellaceae_uncl						0,6	0,6	0,6		0,6	
Butanoate.metabolism				-0,6							
Lysine.degradation	0,5	0,5									
Phenylalanine.metabolism			-0,7	-0,7							0,5
PPAR.signaling.pathway				-0,7							
Pyruvate.metabolism				-0,7							
Tryptophan.metabolism	0,5										
6 months old offspring	Liver lob. inflamm./score caecum	Liver lob. inflamm./score colon	L-GU60 caecum	L-GE60 colon	L-GU60 colon	Gut-GE60 caecum	Gut-GE60 colon	Gut-GU60 caecum	Gut-GU60 colon		
f_Clostridiales_uncl	0,8				-0,5			-0,6			
f_Coriobacteriaceae			0,6		0,5						
f_Peptococcaceae					-0,5			-0,5			
f_Turicibacteriaceae						-0,5	-0,6	-0,6			
g_Allobaculum					0,6						
g_Clostridiales_uncl	0,8				-0,5		-0,6				
g_Desulfovibrio			0,5								
g_rc44					-0,5		-0,5				
g_Ruminococcaceae_uncl					-0,6						
g_Turicibacter						-0,5	0,6	-0,6			
Arachidonic.acid.metabolism						0,5	0,5		0,6		
Butanoate.metabolism		-0,8									
Cyanoamino.acid.metabolism	0,9				-0,6						
Cysteine.and.methionine.metabolism				0,5				0,6			
Glycan.biosynthesis.and.metabolism					0,6						
Insulin.signaling.pathway	0,5	0,8									
Methane.metabolism	0,8				-0,6						
Nitrogen.metabolism	-0,8			0,6							
Phenylalanine.metabolism									0,6		
Phosphatidylinositol.signaling.system	-0,8	0,5									
Sulfur.metabolism							0,6	0,6	0,6		
Taurine.and.hypotaurine.metabolism		0,7									

Figure S1

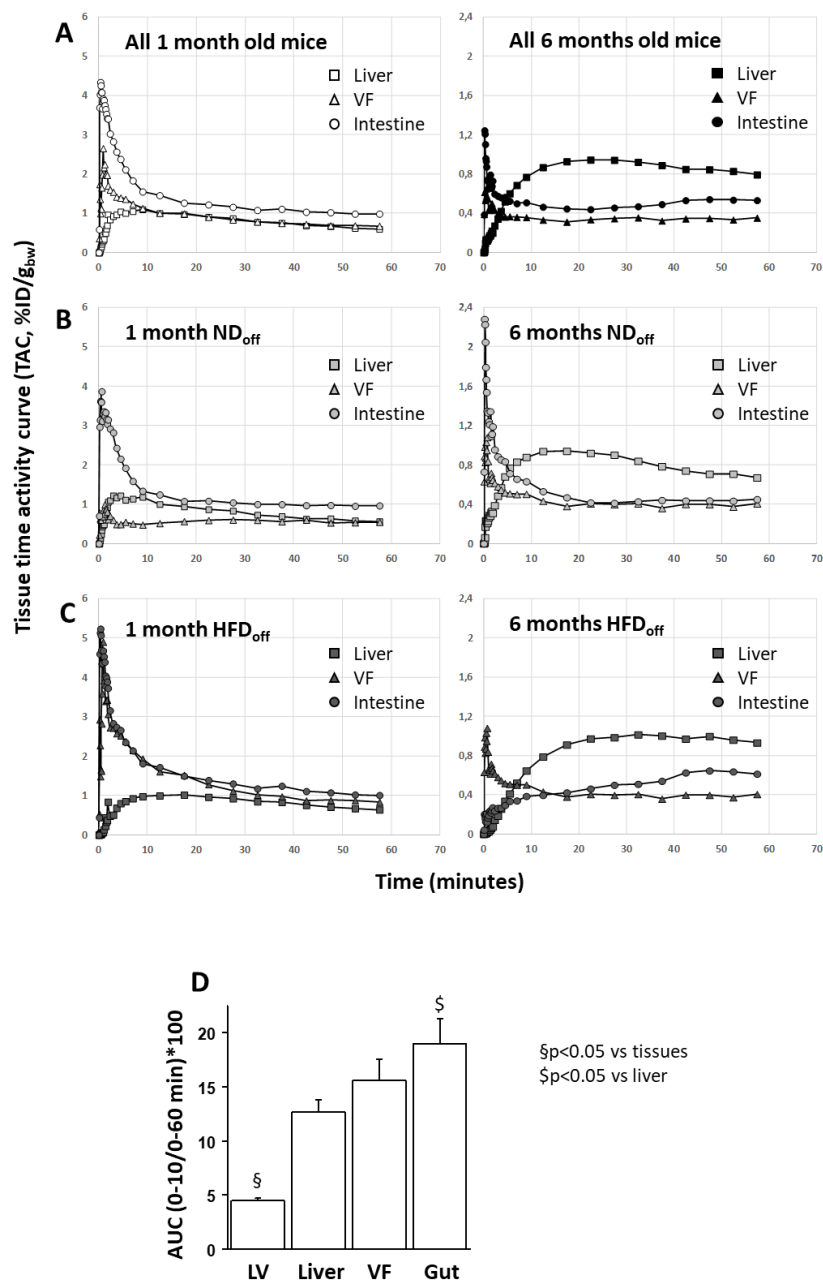


Figure S1. Radiotracer distribution between tissues. Top panels depict the time-course and relative proportions of ^{18}F FDG reaching the visceral organs, in weaning vs adult mice (A), and in maternal diet*age groups (B-C). Panel D shows the relative amount of FDG reaching arterial blood (left ventricular cardiac cavity, LV) and target organs in the first 10 min from i.p. injection, defining the pre-systemic phase, in which §p<0.05 LV vs all tissues, and \$p<0.05 gut vs liver.

Figure S2

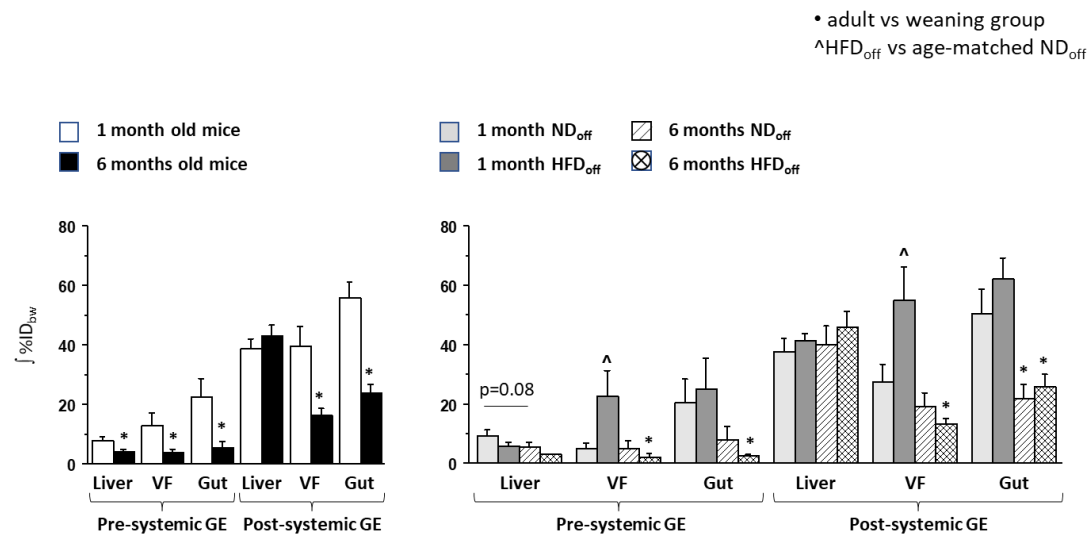
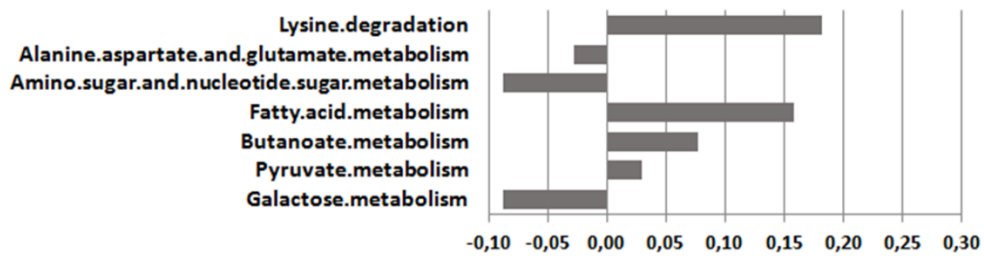


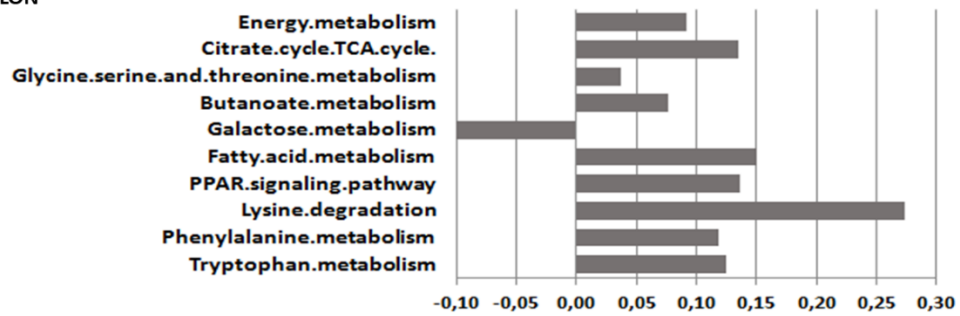
Figure S2: Glucose fractional extraction. GE in liver, VF and gut in the offspring, according to age (top panels), or to maternal diet*age (bottom panels). *p<0.05 adult vs weaning group, ^p<0.05 age-matched HFD_{off} vs ND_{off}; relevant borderline differences are also shown (text).

Figure S3

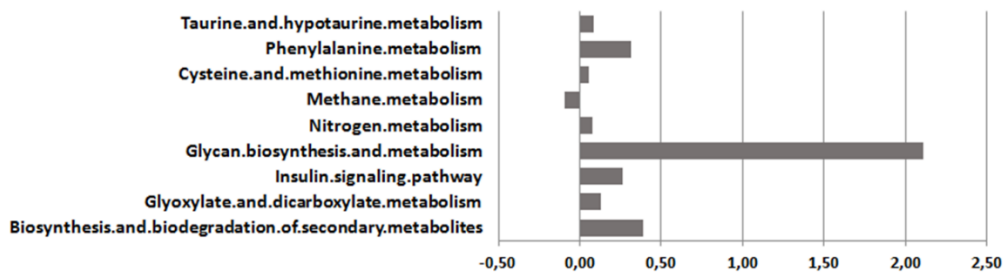
1 month CAECUM



1 month COLON



6 months CAECUM



6 months COLON

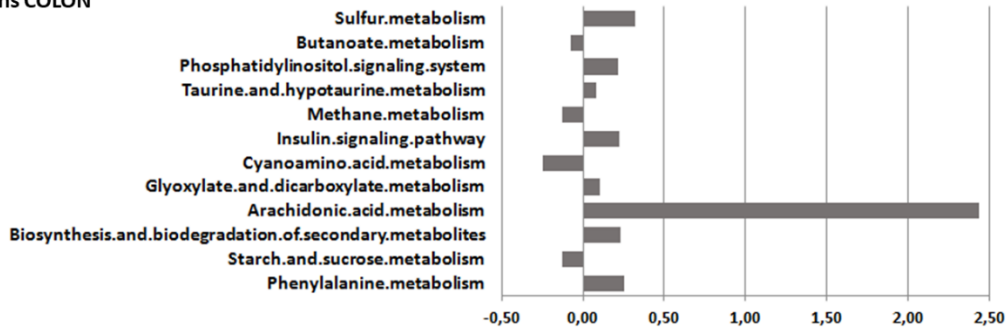


Figure S3: Colon and caecum KEGG analyses according to maternal diet*age. Analyses show significantly different metabolic pathways, here expressed as HFD_{off}/ND_{off} ratios in weaning mice (top panels) and adult mice (bottom panels); positive values identify dominant pathways in HFD_{off}, whereas negative values indicate dominance in ND_{off} and deficiency in HFD_{off}.