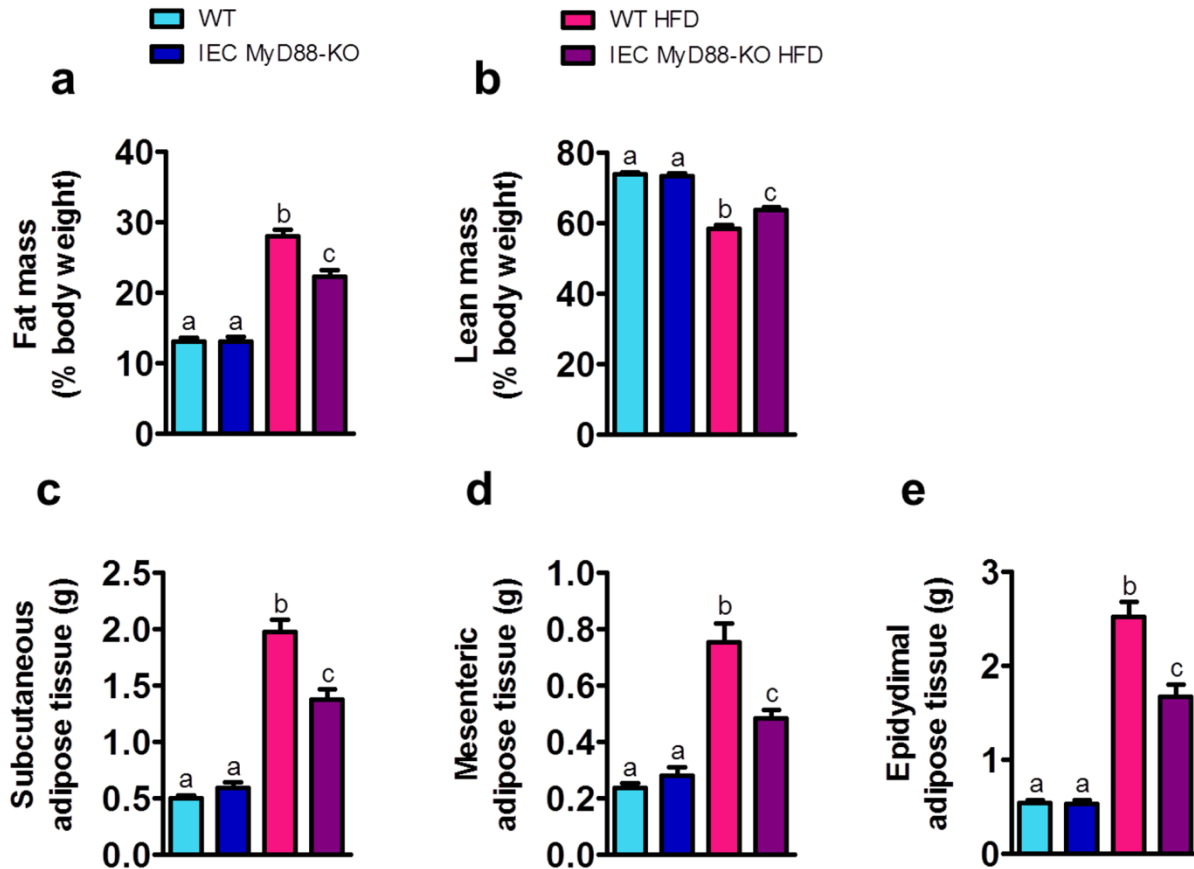
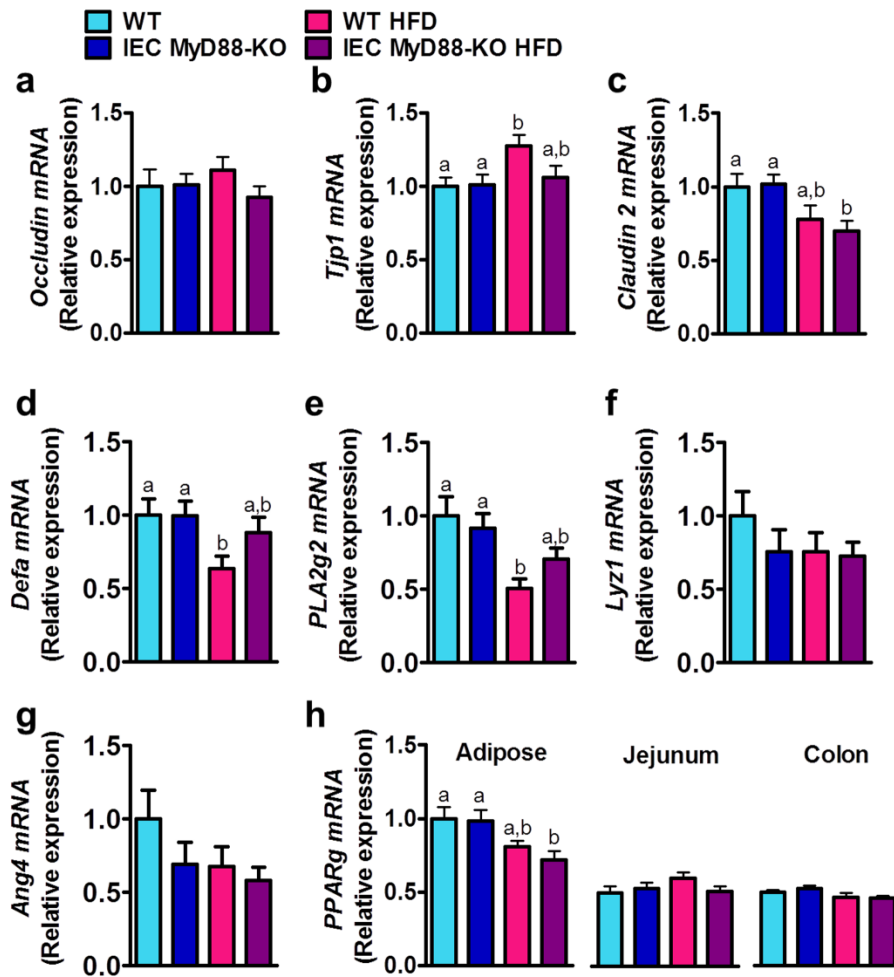


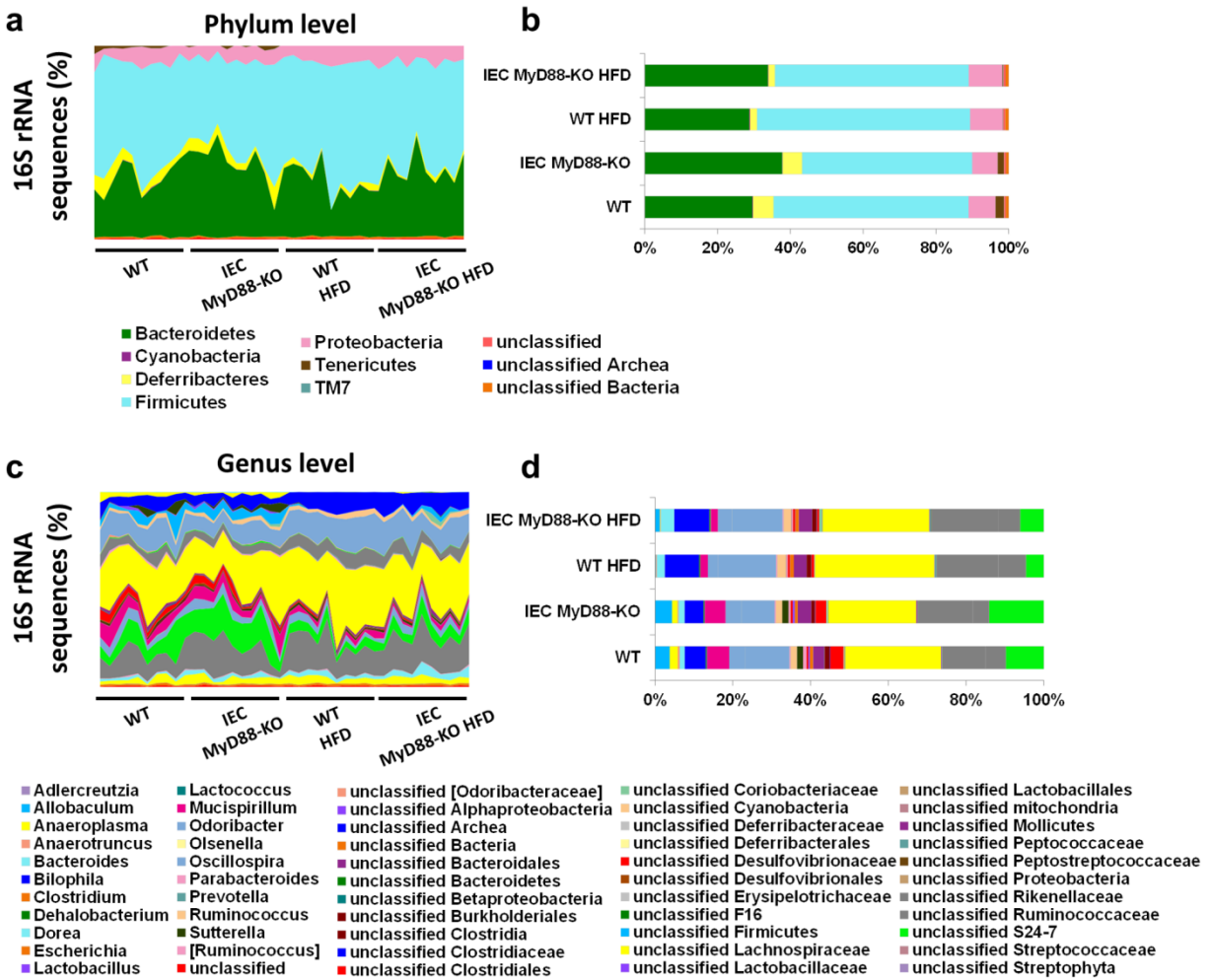
Supplementary Figures and Tables



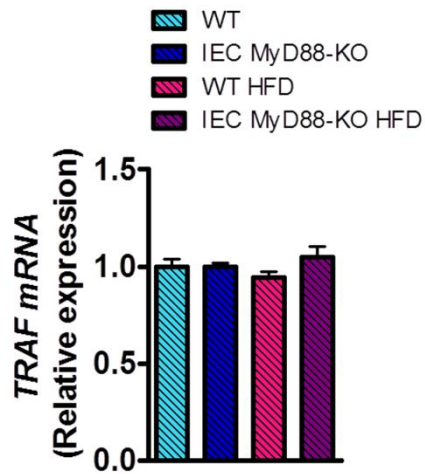
Supplementary Figure 1. Intestinal epithelial MyD88 deletion decreases fat mass under HFD. (a) Final fat mass expressed as a percentage of final body weight (n=25). (b) Final lean mass expressed as a percentage of the final body weight (n=25). Subcutaneous (c), mesenteric (d) and epididymal (e) fat depot weights (g). These data correspond to the results of three independent experiments. All the replicates represent biological replicates. Data are shown as the means \pm s.e.m. Data with different superscript letters are significantly different ($P < 0.05$) according to the ANOVA one-way statistical analysis followed by Newman-Keuls post hoc tests after normalization by Log transformation.



Supplementary Figure 2. Expression of *Occludin*, *Tjp-1*, *Claudin 2*, *Defa*, *PLA2g2*, *Lyz1*, *Ang4*, and *PPARg*. (a) Occludin mRNA expression (encoded by *occludin*) (n=10), (b) zonula occludens 1 (*Tjp-1*) mRNA expression (encoded by *ZO-1*) (n=10), (c) claudin 2 mRNA expression (encoded by *claudin 2*) (n=10) (d) α -defensins mRNA expression (encoded by *Defa*) (n=10), (e) Phospholipase A2 group IIA mRNA expression (encoded by *Pla2g2a*) (n=10), (f) Lysozyme C mRNA expression (encoded by *Lyz1*) (n=10) and (g) Angiogenin 4 mRNA expression (encoded by *Ang4*) (n=10) measured by RT-qPCR in the jejunum of mice. (h) Peroxisome proliferator-activated receptor gamma (*PPARg*) measured by RT-qPCR in the adipose tissue, jejunum and colon of mice (n=10). These data correspond to the results of one experiment. All the replicates represent biological replicates. Data are shown as the means \pm s.e.m. Data with different superscript letters are significantly different ($P < 0.05$) according to the ANOVA one-way statistical analysis followed by Newman-Keuls post hoc tests after normalization by Log transformation.



Supplementary Figure 3. Intestinal MyD88 deletion affects gut bacterial community analyzed by 16S rRNA high-throughput sequencing. (a) Relative abundances (percentage of 16S rRNA sequences) of the different bacterial phyla in each sample among the WT, IEC MyD88-KO, WT HFD and IEC MyD88-KO HFD mice (n=10). (b) Percentage of each community contributed by the indicated phylum (n=10). (c) Relative abundances (percentage of 16S rRNA sequences) of the different bacterial genera in each sample among the WT, IEC MyD88-KO, WT HFD and IEC MyD88-KO HFD mice (n=10). (d) Percentage of each community contributed by the indicated genus (n=10). In all the figures the different phyla and genera are represented by different color codes. These data correspond to the results of one experiment. All the replicates represent biological replicates.



Supplementary Figure 4. Therapeutic effect of intestinal MyD88 deletion observed in obese and type 2 diabetic mice. *TRAF* mRNA measured in the colon at the end of the experiment (n=10). These data correspond to the results of one experiment. All the replicates represent biological replicates. Data are shown as the means \pm s.e.m. Data with different superscript letters are significantly different ($P < 0.05$) according to the ANOVA one-way statistical analysis followed by Newman-Keuls post hoc tests after normalization by Log transformation.

Supplementary Table 1: Relative abundance of the bacterial phyla found in the different groups (% of 16S rRNA sequences)

	WT		IEC MyD88-KO		changes (%)	p-value
	Mean	SEM	Mean	SEM		
Actinobacteria	0,13	0,08	0,34	0,15	151,89	0,24962
Bacteroidetes	29,94	2,51	38,22	3,40	27,65	0,06586
Cyanobacteria	0,00	0,00	0,00	0,00	-42,48	0,65350
Deferribacteres	5,62	0,85	5,25	0,90	-6,56	0,76811
Firmicutes	52,06	2,11	45,27	2,46	-13,04	0,05067
Proteobacteria	7,13	0,86	6,79	0,55	-4,80	0,73960
Tenericutes	2,15	0,44	1,40	0,34	-34,94	0,19231
TM7	0,07	0,01	0,06	0,01	-18,97	0,52643
Unclassified	0,50	0,07	0,57	0,05	15,14	0,35580
unclassified Bacteria	2,39	0,12	2,10	0,18	-12,27	0,18891

	WT		WT HFD		changes (%)	p-value
	Mean	SEM	Mean	SEM		
Actinobacteria	0,13	0,08	0,04	0,01	-71,07	0,22517
Bacteroidetes	29,94	2,51	29,25	2,95	-2,31	0,86032
Cyanobacteria	0,00	0,00	0,01	0,01	378,28	0,26689
Deferribacteres	5,62	0,85	1,94	0,39	-65,41	0,00094
Firmicutes	52,06	2,11	57,12	2,61	9,71	0,14947
Proteobacteria	7,13	0,86	8,75	0,54	22,75	0,12591
Tenericutes	2,15	0,44	0,01	0,01	-99,36	0,00013
TM7	0,07	0,01	0,03	0,01	-52,36	0,05468
Unclassified	0,50	0,07	0,48	0,04	-4,14	0,79150
unclassified Bacteria	2,39	0,12	2,36	0,25	-1,23	0,91611

	IEC MyD88-KO					
	WT HFD			HFD		
	Mean	SEM	Mean	SEM	changes (%)	p-value
Actinobacteria	0,01	0,01	0,71	0,37	1727,84	0,08552
Bacteroidetes	29,25	2,95	34,90	2,77	19,30	0,18011
Cyanobacteria	0,03	0,01	0,03	0,02	131,95	0,55076
Deferribacteres	0,01	0,01	1,71	0,21	-12,17	0,59917
Firmicutes	0,04	0,01	50,99	2,27	-10,73	0,09286
Proteobacteria	1,94	0,39	8,56	0,80	-2,16	0,84616
Tenericutes	57,12	2,61	0,14	0,07	933,24	0,09244
TM7	8,75	0,54	0,07	0,04	99,46	0,44034
unclassified	2,36	0,25	0,51	0,05	7,32	0,60274
unclassified Bacteria	0,48	0,04	2,39	0,23	1,13	0,93842

All the phyla detected by pyrosequencing are presented in the tables. P-values are based on Student *t*-test. Student *t*-test results were corrected by an FDR test according to the Benjamini-Hochberg procedure, with an α of < 0.05.

Supplementary Table 2: Relative abundance of the bacterial families found in the different groups (% of 16S rRNA sequences)

	WT		IEC MyD88-KO		changes (%)	p-value
	Mean	SEM	Mean	SEM		
<i>Alcaligenaceae</i>	1,528	0,731	1,627	0,521	6,47	0,91354
<i>Anaeroplasmataceae</i>	2,151	0,442	1,400	0,336	-34,89	0,19319
<i>Bacteroidaceae</i>	1,318	0,169	1,605	0,263	21,76	0,37042
<i>Chloroplast</i>	0,002	0,002	0,001	0,001	-42,48	0,65350
<i>Clostridiaceae</i>	0,013	0,010	0,003	0,002	-77,65	0,34955
<i>Coriobacteriaceae</i>	0,135	0,075	0,339	0,155	151,89	0,24962
<i>Deferribacteraceae</i>	5,617	0,845	5,249	0,895	-6,56	0,76811
<i>Desulfovibrionaceae</i>	5,230	0,649	4,662	0,619	-10,86	0,53435
<i>Erysipelotrichaceae</i>	3,900	1,131	4,465	0,487	14,47	0,65220
<i>Incertae Sedis XIII</i>	0,109	0,028	0,091	0,013	-16,16	0,58190
<i>Incertae Sedis XIV</i>	0,001	0,001	0,000	0,000	WT	0,33056
<i>Lachnospiraceae</i>	22,792	1,483	20,488	1,782	-10,11	0,33353
<i>Lactobacillaceae</i>	0,120	0,029	0,065	0,021	-46,32	0,14159
<i>Porphyromonadaceae</i>	11,702	1,239	14,866	1,216	27,03	0,08511
<i>Prevotellaceae</i>	0,016	0,014	0,000	0,000	WT	0,26360
<i>Rikenellaceae</i>	11,380	1,191	14,509	2,064	27,49	0,20578
<i>Ruminococcaceae</i>	18,036	1,377	13,974	0,779	-22,52	0,01940
<i>Streptococcaceae</i>	0,002	0,001	0,003	0,002	19,90	0,85406
<i>TM7</i>	0,070	0,015	0,057	0,014	-18,97	0,52643
<i>u "Bacteroidales"</i>	4,005	0,431	5,510	0,376	37,56	0,01702
<i>u "Bacteroidetes"</i>	1,519	0,226	1,733	0,133	14,06	0,42615
<i>u "Clostridia"</i>	0,362	0,057	0,242	0,050	-32,99	0,13418
<i>u "Firmicutes"</i>	1,958	0,147	1,722	0,234	-12,06	0,40432
<i>u "Proteobacteria"</i>	0,124	0,054	0,174	0,045	40,03	0,48661
<i>u Alphaproteobacteria</i>	0,247	0,113	0,320	0,082	29,58	0,60587
<i>u Bacteria</i>	2,392	0,120	2,099	0,178	-12,27	0,18891
<i>u Burkholderiales</i>	0,000	0,000	0,002	0,001	IEC MyD88-KO	0,15575
<i>u Clostridiales</i>	4,768	0,464	4,220	0,487	-11,50	0,42589
<i>u Desulfovibrionales</i>	0,001	0,001	0,003	0,002	226,32	0,27844
<i>u Mollicutes</i>	0,001	0,001	0,000	0,000	WT	0,16487
<i>Unclassified</i>	0,498	0,066	0,574	0,045	15,14	0,35580

FDR: non-significant.

	WT		WT HFD		changes (%)	p-value
	Mean	SEM	Mean	SEM		
<i>Alcaligenaceae</i>	1,528	0,731	0,063	0,051	-95,85	0,06092
<i>Anaeroplasmataceae</i>	2,151	0,442	0,013	0,007	-99,40	0,00013*
<i>Bacteroidaceae</i>	1,318	0,169	2,024	0,213	53,58	0,01819
<i>Chloroplast</i>	0,002	0,002	0,011	0,007	378,28	0,26689
<i>Clostridiaceae</i>	0,013	0,010	0,000	0,000	WT	0,22358
<i>Coriobacteriaceae</i>	0,135	0,075	0,039	0,012	-71,07	0,22517
<i>Deferribacteraceae</i>	5,617	0,845	1,943	0,390	-65,41	0,00094*
<i>Desulfovibrionaceae</i>	5,230	0,649	8,612	0,591	64,66	0,00116*
<i>Enterobacteriaceae</i>	0,000	0,000	0,007	0,003	WT HFD	0,02626
<i>Erysipelotrichaceae</i>	3,900	1,131	0,187	0,095	-95,21	0,00424*
<i>Incertae Sedis XIII</i>	0,109	0,028	0,041	0,005	-62,61	0,03006
<i>Incertae Sedis XIV</i>	0,001	0,001	0,001	0,001	-0,42	0,99765
<i>Lachnospiraceae</i>	22,792	1,483	25,612	2,457	12,37	0,33889
<i>Lactobacillaceae</i>	0,120	0,029	0,029	0,011	-75,75	0,00963*
<i>Peptococcaceae</i>	0,000	0,000	0,001	0,001	WT HFD	0,15293
<i>Peptostreptococcaceae</i>	0,000	0,000	0,035	0,012	WT HFD	0,00714*
<i>Porphyromonadaceae</i>	11,702	1,239	5,741	0,692	-50,94	0,00054*
<i>Prevotellaceae</i>	0,016	0,014	0,051	0,020	213,52	0,17635
<i>Rikenellaceae</i>	11,380	1,191	16,333	1,695	43,52	0,02796
<i>Ruminococcaceae</i>	18,036	1,377	23,710	1,238	31,46	0,00669*
<i>Streptococcaceae</i>	0,002	0,001	0,006	0,002	178,14	0,15706
<i>TM7</i>	0,070	0,015	0,033	0,010	-52,36	0,05468
<i>u "Bacteroidales"</i>	4,005	0,431	3,874	0,453	-3,29	0,83570
<i>u "Bacteroidetes"</i>	1,519	0,226	1,227	0,129	-19,22	0,27691
<i>u "Clostridia"</i>	0,362	0,057	0,126	0,024	-65,12	0,00130*
<i>u "Firmicutes"</i>	1,958	0,147	2,443	0,388	24,77	0,25767
<i>u "Proteobacteria"</i>	0,124	0,054	0,023	0,009	-81,90	0,07839
<i>u Alphaproteobacteria</i>	0,247	0,113	0,046	0,019	-81,36	0,09536
<i>u Bacteria</i>	2,392	0,120	2,363	0,248	-1,23	0,91607
<i>u Burkholderiales</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	WT HFD	
<i>u Clostridiales</i>	4,768	0,464	4,925	0,280	3,29	0,77567
<i>u Desulfovibrionales</i>	0,001	0,001	0,001	0,001	31,51	0,81634
<i>u Mollicutes</i>	0,001	0,001	0,001	0,001	-41,90	0,64804
<i>Unclassified</i>	0,498	0,066	0,478	0,040	-4,14	0,79147

*: significant p-values after FDR correction.

IEC MyD88-KO						
	WT HFD		HFD			
	Mean	SEM	Mean	SEM	changes (%)	p-value
<i>Alcaligenaceae</i>	0,06	0,05	0,12	0,06	84,85	0,51937
<i>Anaeroplasmataceae</i>	0,01	0,01	0,14	0,07	996,67	0,09163
<i>Bacteroidaceae</i>	2,02	0,21	3,23	0,52	59,84	0,04638
<i>Chloroplast</i>	0,01	0,01	0,03	0,02	131,95	0,55076
<i>Clostridiaceae</i>	0,00	0,00	0,01	0,00	IEC MyD88-KO HFD	0,05148
<i>Coriobacteriaceae</i>	0,04	0,01	0,71	0,37	1727,85	0,08552
<i>Deferribacteraceae</i>	1,94	0,39	1,71	0,21	-12,17	0,59918
<i>Desulfovibrionaceae</i>	8,61	0,59	8,37	0,79	-2,78	0,81155
<i>Enterobacteriaceae</i>	0,01	0,00	0,01	0,01	62,54	0,58657
<i>Erysipelotrichaceae</i>	0,19	0,10	1,12	0,33	500,20	0,01359
<i>Incertae Sedis XIII</i>	0,04	0,01	0,08	0,02	97,96	0,03597
<i>Incertae Sedis XIV</i>	0,00	0,00	0,00	0,00	WT HFD	0,33056
<i>Lachnospiraceae</i>	25,61	2,46	24,52	1,73	-4,25	0,72170
<i>Lactobacillaceae</i>	0,03	0,01	0,07	0,02	133,91	0,09718
<i>Peptococcaceae</i>	0,00	0,00	0,00	0,00	74,07	0,58792
<i>Peptostreptococcaceae</i>	0,04	0,01	0,12	0,06	250,81	0,17726
<i>Porphyromonadaceae</i>	5,74	0,69	7,01	0,59	22,19	0,17904
<i>Prevotellaceae</i>	0,05	0,02	0,03	0,01	-49,00	0,28999
<i>Rikenellaceae</i>	16,33	1,69	18,59	1,36	13,84	0,31235
<i>Ruminococcaceae</i>	23,71	1,24	19,12	1,50	-19,37	0,02992
<i>Streptococcaceae</i>	0,01	0,00	0,01	0,00	35,40	0,48599
<i>TM7</i>	0,03	0,01	0,07	0,04	99,46	0,44034
<i>u "Bacteroidales"</i>	3,87	0,45	4,76	0,43	22,76	0,17453
<i>u "Bacteroidetes"</i>	1,23	0,13	1,27	0,11	3,61	0,79786
<i>u "Clostridia"</i>	0,13	0,02	0,07	0,01	-48,09	0,02826
<i>u "Firmicutes"</i>	2,44	0,39	1,15	0,12	-52,75	0,00540
<i>u "Proteobacteria"</i>	0,02	0,01	0,03	0,01	34,50	0,56704
<i>u Alphaproteobacteria</i>	0,05	0,02	0,03	0,01	-34,00	0,49409
<i>u Bacteria</i>	2,36	0,25	2,39	0,23	1,13	0,93839
<i>u Clostridiales</i>	4,92	0,28	4,71	0,45	-4,37	0,68821
<i>u Desulfovibrionales</i>	0,00	0,00	0,00	0,00	15,20	0,88838
<i>u Mollicutes</i>	0,00	0,00	0,00	0,00	-17,79	0,89222
<i>Unclassified</i>	0,48	0,04	0,51	0,05	7,32	0,60271

All the families detected by pyrosequencing are presented in the tables. Indication WT, IEC MyD88-KO, WT HFD or IEC MyD88-KO HFD in the column 'changes (%)' corresponds to the group of mice for which the given phylotype was found exclusively. P-values are based on Student *t*-test.

u=unclassified

FDR: non-significant.

Supplementary Table 3: Relative abundance of bacterial genera found in the different groups (% of 16S rRNA sequences)

	WT		IEC MyD88-KO		changes (%)	p-value
	Mean	SEM	Mean	SEM		
<i>Alistipes</i>	11,374	1,192	14,505	2,064	27,52	0,20561
<i>Allobaculum</i>	3,292	0,957	3,812	0,421	15,80	0,62494
<i>Anaeroplasma</i>	2,151	0,442	1,400	0,336	-34,89	0,19319
<i>Anaerostipes</i>	0,001	0,001	0,000	0,000	WT	0,16487
<i>Anaerotruncus</i>	0,742	0,100	0,460	0,116	-38,08	0,08181
<i>Anaerovorax</i>	0,109	0,028	0,091	0,013	-16,16	0,58190
<i>Asaccharobacter</i>	0,013	0,006	0,008	0,004	-38,06	0,51239
<i>Bacteroides</i>	1,318	0,169	1,605	0,263	21,76	0,37042
<i>Barnesiella</i>	0,004	0,002	0,010	0,004	179,98	0,17593
<i>Blautia</i>	0,001	0,001	0,000	0,000	WT	0,33056
<i>Butyricoccus</i>	0,046	0,007	0,033	0,008	-29,62	0,22342
<i>Butyrivibrio</i>	0,186	0,058	0,087	0,021	-53,13	0,12683
<i>Clostridium</i>	0,013	0,010	0,003	0,002	-77,65	0,34955
<i>Coprococcus</i>	0,055	0,008	0,027	0,004	-51,57	0,00687
<i>Dorea</i>	0,218	0,030	0,140	0,018	-35,64	0,03896
<i>Enterorhabdus</i>	0,000	0,000	0,001	0,001	IEC MyD88-KO	0,33056
<i>Lactobacillus</i>	0,120	0,029	0,065	0,021	-46,32	0,14159
<i>Lactococcus</i>	0,001	0,001	0,003	0,002	363,00	0,34235
<i>Lactonifactor</i>	0,001	0,001	0,000	0,000	WT	0,33056
<i>Lawsonia</i>	0,241	0,040	0,211	0,034	-12,26	0,57891
<i>Marvinbryantia</i>	0,025	0,011	0,004	0,003	-84,17	0,08241
<i>Mucispirillum</i>	5,617	0,845	5,249	0,895	-6,56	0,76811
<i>Odoribacter</i>	4,172	0,464	4,160	0,509	-0,29	0,98619
<i>Olsenella</i>	0,098	0,057	0,285	0,141	191,05	0,23413
<i>Oscillibacter</i>	10,097	0,982	7,779	0,394	-22,96	0,04194
<i>Parabacteroides</i>	0,281	0,044	0,255	0,037	-9,26	0,65742
<i>Parasutterella</i>	1,528	0,731	1,627	0,521	6,47	0,91354
<i>Prevotella</i>	0,015	0,013	0,000	0,000	WT	0,25929
<i>Rikenella</i>	0,001	0,001	0,000	0,000	WT	0,33056
<i>Robinsoniella</i>	0,001	0,001	0,000	0,000	WT	0,15335
<i>Roseburia</i>	0,003	0,001	0,001	0,001	-57,34	0,27252
<i>Streptococcus</i>	0,002	0,001	0,000	0,000	WT	0,15605
<i>Streptophyta</i>	0,002	0,002	0,001	0,001	-42,48	0,65350
<i>Syntrophococcus</i>	0,016	0,005	0,012	0,004	-25,19	0,53447
<i>TM7_genera_incertae_sedis</i>	0,070	0,015	0,057	0,014	-18,97	0,52643
<i>u "Bacteroidales"</i>	4,005	0,431	5,510	0,376	37,56	0,01702
<i>u "Bacteroidetes"</i>	1,519	0,226	1,733	0,133	14,06	0,42615
<i>u "Clostridia"</i>	0,362	0,057	0,242	0,050	-32,99	0,13418
<i>u "Firmicutes"</i>	1,958	0,147	1,722	0,234	-12,06	0,40432
<i>u "Lachnospiraceae"</i>	22,287	1,432	20,217	1,762	-9,29	0,37392
<i>u "Porphyromonadaceae"</i>	7,245	1,305	10,440	0,940	44,10	0,06238
<i>u "Prevotellaceae"</i>	0,001	0,001	0,000	0,000	WT	0,33056
<i>u "Proteobacteria"</i>	0,124	0,054	0,174	0,045	40,03	0,48661
<i>u "Rikenellaceae"</i>	0,005	0,002	0,004	0,002	-23,75	0,67833
<i>u "Ruminococcaceae"</i>	7,150	0,530	5,703	0,413	-20,23	0,04511
<i>u Alphaproteobacteria</i>	0,247	0,113	0,320	0,082	29,58	0,60587
<i>u Bacteria</i>	2,392	0,120	2,099	0,178	-12,27	0,18891
<i>u Burkholderiales</i>	0,000	0,000	0,002	0,001	IEC MyD88-KO	0,15575
<i>u Clostridiales</i>	4,768	0,464	4,220	0,487	-11,50	0,42589
<i>u Coriobacteriaceae</i>	0,024	0,016	0,046	0,016	89,13	0,35231
<i>u Desulfovibrionaceae</i>	4,989	0,615	4,451	0,587	-10,79	0,53441
<i>u Desulfovibrionales</i>	0,001	0,001	0,003	0,002	226,32	0,27844
<i>u Erysipelotrichaceae</i>	0,608	0,175	0,652	0,070	7,27	0,81745
<i>u Mollicutes</i>	0,001	0,001	0,000	0,000	WT	0,16487

Unclassified	0,498	0,066	0,574	0,045	15,14	0,35580
u "Bacteroidales"	4,005	0,431	5,510	0,376	37,56	0,01702

All the genera detected by pyrosequencing are presented in the tables. Indication WT, IEC MyD88-KO, WT HFD or IEC MyD88-KO HFD in the column 'changes (%)' corresponds to the group of mice for which the given phylotype was found exclusively. P-values are based on Student *t*-test. u=unclassified. Significant P-values (≤ 0.05) are indicated in red. FDR: non-significant.

	WT		WT HFD		changes (%)	p-value
	Mean	SEM	Mean	SEM		
<i>Alistipes</i>	11,374	1,192	16,329	1,694	43,56	0,02789
<i>Allobaculum</i>	3,292	0,957	0,151	0,079	-95,42	0,00425*
<i>Anaeroplasma</i>	2,151	0,442	0,013	0,007	-99,40	0,00013*
<i>Anaerostipes</i>	0,001	0,001	0,000	0,000	WT	0,16487
<i>Anaerotruncus</i>	0,742	0,100	0,437	0,047	-41,16	0,01259
<i>Anaerovorax</i>	0,109	0,028	0,041	0,005	-62,61	0,03006
<i>Asaccharobacter</i>	0,013	0,006	0,006	0,004	-50,78	0,37722
<i>Bacteroides</i>	1,318	0,169	2,024	0,213	53,58	0,01819
<i>Barnesiella</i>	0,004	0,002	0,000	0,000	WT	0,05274
<i>Blautia</i>	0,001	0,001	0,001	0,001	-0,42	0,99765
<i>Butyricoccus</i>	0,046	0,007	0,089	0,010	90,81	0,00250*
<i>Butyrivibrio</i>	0,186	0,058	0,033	0,013	-82,18	0,01970
<i>Clostridium</i>	0,013	0,010	0,000	0,000	WT	0,22358
<i>Coprococcus</i>	0,055	0,008	0,038	0,010	-31,39	0,19430
<i>Dorea</i>	0,218	0,030	0,078	0,028	-64,16	0,00296*
<i>Enterorhabdus</i>	0,000	0,000	0,001	0,001	WT HFD	0,33056
<i>Escherichia/Shigella</i>	0,000	0,000	0,007	0,003	WT HFD	0,02626
<i>Hydrogenoanaerobacterium</i>	0,000	0,000	0,001	0,001	WT HFD	0,33056
<i>Lactobacillus</i>	0,120	0,029	0,029	0,011	-75,75	0,00963*
<i>Lactococcus</i>	0,001	0,001	0,005	0,002	865,21	0,05097
<i>Lactonifactor</i>	0,001	0,001	0,002	0,001	260,89	0,23772
<i>Lawsonia</i>	0,241	0,040	0,374	0,043	55,19	0,03570
<i>Marvinbryantia</i>	0,025	0,011	0,003	0,002	-89,83	0,05905
<i>Mucispirillum</i>	5,617	0,845	1,943	0,390	-65,41	0,00094*
<i>Odoribacter</i>	4,172	0,464	2,672	0,474	-35,96	0,03644
<i>Olsenella</i>	0,098	0,057	0,014	0,009	-85,96	0,16086
<i>Oscillibacter</i>	10,097	0,982	12,931	0,600	28,07	0,02415
<i>Parabacteroides</i>	0,281	0,044	0,245	0,048	-12,78	0,58903
<i>Parasutterella</i>	1,528	0,731	0,063	0,051	-95,85	0,06092
<i>Prevotella</i>	0,015	0,013	0,046	0,018	202,63	0,18335
<i>Rikenella</i>	0,001	0,001	0,000	0,000	WT	0,33056
<i>Robinsoniella</i>	0,001	0,001	0,000	0,000	WT	0,15335
<i>Roseburia</i>	0,003	0,001	0,000	0,000	WT	0,02822
<i>Sporacetigenium</i>	0,000	0,000	0,028	0,010	WT HFD	0,01161
<i>Streptococcus</i>	0,002	0,001	0,001	0,001	-61,95	0,43463
<i>Streptophyta</i>	0,002	0,002	0,011	0,007	378,28	0,26689
<i>Syntrophococcus</i>	0,016	0,005	0,010	0,004	-34,57	0,36835
<i>TM7_genera_incertae_sedis</i>	0,070	0,015	0,033	0,010	-52,36	0,05468
<i>u "Bacteroidales"</i>	4,005	0,431	3,874	0,453	-3,29	0,83570
<i>u "Bacteroidetes"</i>	1,519	0,226	1,227	0,129	-19,22	0,27691
<i>u "Clostridia"</i>	0,362	0,057	0,126	0,024	-65,12	0,00130*
<i>u "Firmicutes"</i>	1,958	0,147	2,443	0,388	24,77	0,25767
<i>u "Lachnospiraceae"</i>	22,287	1,432	25,450	2,416	14,19	0,27491
<i>u "Porphyromonadaceae"</i>	7,245	1,305	2,823	0,263	-61,03	0,00379*
<i>u "Prevotellaceae"</i>	0,001	0,001	0,005	0,003	377,64	0,21316
<i>u "Proteobacteria"</i>	0,124	0,054	0,023	0,009	-81,90	0,07839
<i>u "Rikenellaceae"</i>	0,005	0,002	0,003	0,002	-36,95	0,54513
<i>u "Ruminococcaceae"</i>	7,150	0,530	10,249	0,680	43,36	0,00207*
<i>u Alphaproteobacteria</i>	0,247	0,113	0,046	0,019	-81,36	0,09536
<i>u Bacteria</i>	2,392	0,120	2,363	0,248	-1,23	0,91607
<i>u Clostridiales</i>	4,768	0,464	4,925	0,280	3,29	0,77567
<i>u Coriobacteriaceae</i>	0,024	0,016	0,018	0,006	-24,38	0,73570
<i>u Desulfovibrionaceae</i>	4,989	0,615	8,239	0,554	65,12	0,00099*
<i>u Desulfovibrionales</i>	0,001	0,001	0,001	0,001	31,51	0,81634
<i>u Erysipelotrichaceae</i>	0,608	0,175	0,036	0,016	-94,06	0,00447*
<i>u Mollicutes</i>	0,001	0,001	0,001	0,001	-41,90	0,64804

Unclassified	0,498	0,066	0,478	0,040	-4,14	0,79147
---------------------	-------	-------	-------	-------	-------	---------

All the genera detected by pyrosequencing are presented in the tables. Indication WT, IEC MyD88-KO, WT HFD or IEC MyD88-KO HFD in the column 'changes (%)' corresponds to the group of mice for which the given phylotype was found exclusively. P-values are based on Student *t*-test. u=unclassified. Significant P-values (≤ 0.05 are indicated in red).
*: significant p-values after FDR correction.

IEC MyD88-KO						
	WT HFD		HFD		changes (%)	p-value
	Mean	SEM	Mean	SEM		
<i>Alistipes</i>	16,329	1,694	18,589	1,363	13,84	0,31245
<i>Allobaculum</i>	0,151	0,079	0,916	0,269	507,80	0,01373
<i>Anaeroplasma</i>	0,013	0,007	0,142	0,072	996,67	0,09163
<i>Anaerotruncus</i>	0,437	0,047	0,257	0,043	-41,26	0,01094
<i>Anaerovorax</i>	0,041	0,005	0,081	0,017	97,96	0,03597
<i>Asaccharobacter</i>	0,006	0,004	0,013	0,006	109,78	0,34893
<i>Bacteroides</i>	2,024	0,213	3,235	0,524	59,84	0,04638
<i>Blautia</i>	0,001	0,001	0,000	0,000	WT HFD	0,33056
<i>Butyrivibrio</i>	0,089	0,010	0,056	0,014	-36,70	0,06957
<i>Butyrivibrio</i>	0,033	0,013	0,026	0,008	-22,51	0,63422
<i>Clostridium</i>	0,000	0,000	0,010	0,005	IEC MyD88-KO HFD	0,05148
<i>Coprococcus</i>	0,038	0,010	0,024	0,007	-37,57	0,25336
<i>Dorea</i>	0,078	0,028	0,051	0,015	-34,71	0,39969
<i>Enterorhabdus</i>	0,001	0,001	0,000	0,000	WT HFD	0,33056
<i>Escherichia/Shigella</i>	0,007	0,003	0,011	0,007	62,54	0,58657
<i>Hydrogenoanaerobacterium</i>	0,001	0,001	0,000	0,000	WT HFD	0,33056
<i>Lactobacillus</i>	0,029	0,011	0,068	0,019	133,91	0,09718
<i>Lactococcus</i>	0,005	0,002	0,007	0,002	29,46	0,60137
<i>Lactonifactor</i>	0,002	0,001	0,002	0,002	-19,91	0,83743
<i>Lawsonia</i>	0,374	0,043	0,319	0,053	-14,69	0,42958
<i>Marvinbryantia</i>	0,003	0,002	0,000	0,000	WT HFD	0,16043
<i>Mucispirillum</i>	1,943	0,390	1,706	0,209	-12,17	0,59918
<i>Odoribacter</i>	2,672	0,474	3,382	0,340	26,57	0,23954
<i>Olsenella</i>	0,014	0,009	0,645	0,343	4593,30	0,08225
<i>Oscillibacter</i>	12,931	0,600	10,788	0,862	-16,57	0,05621
<i>Parabacteroides</i>	0,245	0,048	0,230	0,057	-6,20	0,84128
<i>Parasutterella</i>	0,063	0,051	0,117	0,064	84,85	0,51937
<i>Prevotella</i>	0,046	0,018	0,025	0,011	-45,20	0,33386
<i>Sporacetigenium</i>	0,028	0,010	0,102	0,052	261,55	0,17634
<i>Streptococcus</i>	0,001	0,001	0,001	0,001	88,12	0,68404
<i>Streptophyta</i>	0,011	0,007	0,026	0,023	131,95	0,55076
<i>Syntrophococcus</i>	0,010	0,004	0,009	0,004	-9,58	0,85312
<i>TM7_genera_incertae_sedis</i>	0,033	0,010	0,066	0,041	99,46	0,44034
<i>u "Bacteroidales"</i>	3,874	0,453	4,756	0,428	22,76	0,17453
<i>u "Bacteroidetes"</i>	1,227	0,129	1,271	0,111	3,61	0,79786
<i>u "Clostridia"</i>	0,126	0,024	0,066	0,009	-48,09	0,02826
<i>u "Firmicutes"</i>	2,443	0,388	1,154	0,124	-52,75	0,00540
<i>u "Lachnospiraceae"</i>	25,450	2,416	24,414	1,729	-4,07	0,73151
<i>u "Porphyromonadaceae"</i>	2,823	0,263	3,402	0,320	20,50	0,17933
<i>u "Prevotellaceae"</i>	0,005	0,003	0,001	0,001	-85,30	0,16828
<i>u "Proteobacteria"</i>	0,023	0,009	0,030	0,010	34,50	0,56704
<i>u "Rikenellaceae"</i>	0,003	0,002	0,004	0,002	21,44	0,80630
<i>u "Ruminococcaceae"</i>	10,249	0,680	8,015	0,742	-21,80	0,03947
<i>u Alphaproteobacteria</i>	0,046	0,019	0,030	0,012	-34,00	0,49409
<i>u Bacteria</i>	2,363	0,248	2,389	0,232	1,13	0,93839
<i>u Clostridiales</i>	4,925	0,280	4,710	0,447	-4,37	0,68821
<i>u Coriobacteriaceae</i>	0,018	0,006	0,054	0,023	196,91	0,15296
<i>u Desulfovibrionaceae</i>	8,239	0,554	8,054	0,763	-2,24	0,84701
<i>u Desulfovibrionales</i>	0,001	0,001	0,001	0,001	15,20	0,88838
<i>u Erysipelotrichaceae</i>	0,036	0,016	0,205	0,065	468,48	0,02080
<i>u Mollicutes</i>	0,001	0,001	0,001	0,001	-17,79	0,89222
<i>Unclassified</i>	0,478	0,040	0,513	0,052	7,32	0,60271

All the genera detected by pyrosequencing are presented in the tables. Indication WT, IEC MyD88-KO, WT HFD or IEC MyD88-KO HFD in the column 'changes (%)' corresponds to the group of mice for which the given phylotype was found exclusively. P-values are based on Student t-test. u=unclassified. Significant P-values (≤ 0.05) are indicated in red. FDR: non-significant.

Supplementary Table 4: Primers sequences

Primers	Forward Sequence	Reverse Sequence
<i>RPL-19</i>	GAAGGTCAAAGGGAATGTGTTCA	CCTGTTGCTCACTTGT
<i>CD11c</i>	ACGTCACTACAAGGAGATGTTGGA	ATCCTATTGCAGAATGCTTCTTTACC
<i>MCP1</i>	GCAGTTAACGCCCACTCA	CCCAGCCTACTCATTGGGATCA
<i>CB1</i>	CTGATGTTCTGGATCGGAGTC	TCTGAGGTGTGAATGATGATGC
<i>GPR119</i>	AGCTCTGCTCAGCACACACAG	GAATGCCATCCGAAGGCTAC
<i>Reg3g</i>	TTCCTGTCTCCATGATCAAA	CATCCACCTCTGTTGGGTTT
<i>Lyz1</i>	GCCAAGGTCTACAATCGTTGTGAGTTG	CAGTCAGCCAGCTTGACACCACG
<i>Pla2g2a</i>	AGGATTCCCCAAGGATGCCAC	CAGCCGTTTCTGACAGGAGTTCTGG
<i>Defa</i>	GGTGATCATCAGACCCAGCATCAGT	AAGAGACTAAAAGTGGAGCAGC
<i>Ang 4</i>	CTCTGGCTCAGAATGTAAGGTACGA	GAAATCTTTAAAGGCTCGGTACCC
<i>Foxp3</i>	TCCTCCCAGAGTTCTTCCA	CGAACATGCGAGTAAACCAA
<i>Myd88</i>	CGGAACCTTTTCGATGCCTTT	TAGTTGCCGGATCATCTCCT
<i>PPARg</i>	CTGCTCAAGTATGGTGTCCATGA	TGAGATGAGGACTCCATCTTTATTCA
<i>FIAF</i>	CAATGCCAAATTGCTCCAATT	TGGCCGTGGGCTCAGT
<i>IL18</i>	ACAACTTTGGCCGACTTCAC	CTGGGGTTCACTGGCACTTT
<i>IL1b</i>	TCGCTCAGGGTCACAAGAAA	CATCAGAGGCAAGGAGGAAAAC
<i>TRAF</i>	TGGCATTCTACCATCCTTT	TCGGAAGGCTTCATATGCTC
<i>Tjp1</i>	TTTTTGACAGGGGGAGTGG	TGCTGCAGAGGTCAAAGTTCAAG
<i>Claudin2</i>	AAGGTGCTGCTGAGGGTAGA	AGTGGCAGAGATGGGATTTG
<i>Occludin</i>	ATGTCCGGCCGATGCTCTC	TTTGCTGCTCTTGGGTCTGTAT