

1 Supplementary Table 1

2 Primer sequences used for qPCR.

Target	Forward primer (5' to 3')	Reverse primer (5' to 3')	Amplicon size
<i>Abcg5</i>	CGCGAGACGTTGCGATACA	CTGCCAATCATTGGTCCGC	128
<i>Abcg8</i>	CTGTGGAATGGGACTGTACTTC	GTTGGACTGACCACTGTAGGT	108
<i>Acaca</i>	AATGAACGTGCAATCCGATTTG	ACTCCACATTGCGTAATTGTTG	136
<i>Aacb</i>	CGCTCACCAACAGTAAGGTGG	GCTTGGCAGGGAGTTCCTC	161
<i>Acot1</i>	GATGGTTTGGAGGTTGGGGAA	ATCCTGCATGCGCCAGTCAA	185
<i>Acox1</i>	CCGCCACCTTCAATCCAGAG	CAAGTTCTCGATTTCTCGACGG	86
<i>Adam10</i>	GGGCTGGGAGGTCAGTATGG	GTGAGACTGCTCGTTTGGCA	118
<i>Adipor2</i>	GGCCCATCATGCTATGGAAC	GTGAGGGATCACTCGCCATC	76
<i>Ahsg</i>	CCACATCCTGAAACAAGACGG	GCACAACCTACGAACGTCCTCT	91
<i>Apoa1</i>	TTGGCACGTATGGCAGCAAG	GGAGATTCAGGTTTCACTGTTGG	155
<i>Apoa4</i>	AGCAGCTCAGTACCCTCTTCCA	GTACGACAAAGGGCACCAGC	90
<i>Atg14</i>	AGCGGTGATTTTCGTCTATTTTCG	GCTGTTCAATCCTCATCTTGCAT	187
<i>Atg3</i>	ACACGGTGAAGGGAAAGGC	TGGTGGACTAAGTGATCTCCAG	130
<i>Atgl</i>	CAACGCCACTCACATCTACGG	GGACACCTCAATAATGTTGGCAC	106
<i>Cbr1</i>	GCTGCTCCCTCTAATAAAACCC	CCTCTGTGATGGTCTCGCTTC	125
<i>Cd36</i>	AGATGACGTGGCAAAGAACAG	CCTTGGCTAGATAACGAACCTCTG	83
<i>Chrebp</i>	GATCCGACACTCACCCACC	CCCGGCATAGCAACTTGAGG	106
<i>Cox7a1</i>	GCTCTGGTCCGGTCTTTTAGC	GTAAGGGAGGTCATTGTCCGG	100
<i>Cpt1a</i>	CTCCGCTGAGCCATGAAG	CACCAGTGATGATGCCATTCT	100
<i>Crebh</i>	CCTGTTTGATCGGCAGGAC	CGGGGGACCATAATGGAGA	167
<i>Csad</i>	GGAGAGGCAGATCATTCTGGC	GCTGGCAAACATCGGCAAT	122
<i>Cyp7a1</i>	GGGATTGCTGTGGTAGTGAGC	GGTATGGAATCAACCCGTTGTC	100
<i>Cyp8b1</i>	CCTCTGGACAAGGGTTTTGTG	GCACCGTGAAGACATCCCC	112
<i>Dgat1</i>	GCCTTACTGGTTGAGTCTATCAC	GCACCACAGGTTGACATCC	108
<i>Dgat2</i>	GCGCTACTTCCGAGACTACTT	GGGCCTTATGCCAGGAAACT	172
<i>Dio1</i>	AGAGACTCGTAGATGACTTTGCC	GCCGGATGTCCACGTTGTT	108
<i>Egfr</i>	CAATGTTCCCATCGCTGTCGT	TGTCTTTGCATGTGGCCTCAT	136
<i>Elovl3</i>	TTCTCACGCGGGTTAAAATGG	GAGCAACAGATAGACGACCAC	126
<i>Fasn</i>	AGGTGGTGATAGCCGGTATGT	TGGGTAATCCATAGAGCCAG	138

<i>Fatp2</i>	TCGTGGAGGTCTGAAGTCACT	GATGGTTGCCGCTTTTGAA	87
<i>Fgf21</i>	GTGTCAAAGCCTCTAGGTTTCTT	GGTACACATTGTAACCGTCCTC	123
<i>Fgfr2</i>	GCTATAAGGTACGAAACCAGCAC	GGTTGATGGACCCGTATTCATTC	108
<i>Fgfr4</i>	CCTTCCACGGGGAGAATCG	CTCCACAAGGCATGTGTATGT	113
<i>Foxa2</i>	TCCGACTGGAGCAGCTACTAC	GCGCCACATAGGATGACA	176
<i>Fxr</i>	GCTGAGACTGGGTACCAGGG	TCGGAAGAAACCTTTGCAGCC	183
<i>G6pc3</i>	TGCATGAATCCGGGTACTCCA	GGCCGTCATTACAGGCCAAA	134
<i>Gapdh</i>	AGGTCGGTGTGAACGGATTTG	TGTAGACCATGTAGTTGAGGTCA	123
<i>Gcgr</i>	ATGCCACCACAACCTAAGCC	GCCCACACCTCTTGAACACT	179
<i>Gck</i>	AGGAGGCCAGTGTAAAGATGT	CTCCAGGTCTAAGGAGAGAAA	90
<i>Ghr</i>	CTGCAAAGAATCAATCCAAGCC	CAGTTCAGGGGAACGACACTT	78
<i>Glut2</i>	ACTTGGAAAGGATCAAAGCAATGT	CAGTCTGAAATTAGCCCACAA	151
<i>Gpam</i>	CTTGGCCGATGTAAACACACC	CTCCGGCTCATAAGGCTCTC	108
<i>Gys2</i>	CGCTCCTTGTGCGGTGACATC	CATCGGCTGTGCTTTTGGC	160
<i>Hmgcl</i>	CCGGCATCAACTACCCAGTC	GCGCTGGAAACTCTCCTCTAT	152
<i>Hmgcr</i>	AGAGCGAGTGCATTAGCAAAG	GATTGCCATTCCACGAGCTAT	84
<i>Hnf4a</i>	CACGCGGAGGTCAAGCTAC	CCCAGAGATGGGAGAGGTGAT	100
<i>Hprt</i>	TCAGTCAACGGGGACATAAA	GGGGCTGTACTGCTTAACCAG	122
<i>Hspa5</i>	ACTTGGGGACCACCTATTCT	ATCGCCAATCAGACGCTCC	134
<i>Igf1</i>	CACATCATGTGCTTTCACACC	GGAAGCAACACTCATCCACAATG	220
<i>Igfbp1</i>	ATCAGCCCATCCTGTGGAAC	TGCAGCTAATCTCTAGCACTT	128
<i>Igfbp2</i>	CAGACGCTACGCTGCTATCC	CCCTCAGAGTGGTCGTCATCA	140
<i>Igfbp3</i>	TCTAAGCGGGAGACAGAATACG	CTCTGGGACTCAGCACATTGA	91
<i>Ikbke</i>	GCGGAGGCTGAATCACCAG	GAAAGCCCGAACGTGTTCTCA	147
<i>Il18</i>	GACTCTTGCCTCAACTTCAAGG	CAGGCTGTCTTTTGTCAACGA	169
<i>Il1b</i>	GCAACTGTTTCTGAACTCAACT	ATCTTTTGGGGTCCGTCAACT	89
<i>Il6</i>	CTGCAAGAGACTTCCATCCAG	AGTGGTATAGACAGGTCTGTTGG	131
<i>Insig2</i>	TAAATCACGCCAGTGCTAAAGT	GGTGACAACGGTTGCTAAGAAAG	155
<i>Insr</i>	ATGGGCTTCGGGAGAGGAT	GGATGTCCATAACCAGGGCAC	121
<i>Kiss1</i>	CTCTGTGTCGCCACCTATGG	TCCCAGGCATTAACGAGTTC	96
<i>Klb</i>	GACACAACCTGATCAAGGCACA	CCCAAGGTGATGGAGAGCCA	94
<i>Lcn2</i>	TCTGTCCCCACCGACCAATG	TGGCTCTCTGGCAACAGGAA	132

<i>Ldlr</i>	TGACTCAGACGAACAAGGCTG	ATCTAGGCAATCTCGGTCTCC	118
<i>Lepr (all)</i>	GTCTTCGGGGATGTGAATGTC	ACCTAAGGGTGGATCGGGTTT	158
<i>Lepra</i>	TCTTGTGTCCTACTGCTCGGA	AAGAGTGTCCGTTCTCTTTTGGAA	135
<i>Leprb</i>	GACAAGCAGCAGAATGACGCA	TGCTCAAATGTTTTCAGGCTTTTGGAA	191
<i>Lipc</i>	CTCAGCACCCGGAAACACT	CGCACTCACTATCTTCCAGATCC	122
<i>Lpl</i>	GGGAGTTTGGCTCCAGAGTTT	TGTGTCTTCAGGGGTCCTTAG	115
<i>Map1lc3b</i>	TAATCAGACGGCGCTTGCA	GCCATTGCTGTCCCGAATGT	175
<i>Mif</i>	CAAGCCCGCACAGTACATCG	GTAGTTGCGGTTCTGGGCAC	133
<i>Mpc2</i>	GCCACCTACCACCGACTCA	AGCACACACCAATCCCCATTT	135
<i>Mtp</i>	AGCCAGTGGGCATAGAAAATC	GGTCACTTTACAATCCCCAGAG	110
<i>Myca</i>	GTGGTCTTTCCCTACCCGCT	GCTCTTCTTCAGAGTCGCTGC	187
<i>Nucb2</i>	TGGCATGAATCACCACCTTCT	CCGAGTCCGGTCATATTGCT	136
<i>Pcp4l1</i>	GAAAAAGGGAAGCCTGGCAGC	CCGGAACTTGCCCTGGATTG	114
<i>Pcsk9</i>	GAGACCCAGAGGCTACAGATT	AATGTACTCCACATGGGGCAA	177
<i>Pdhh</i>	GTGGAAGAAATACGGTGACAAGA	ACCTGGTCAATAGCTTGCATAGA	150
<i>Pdk4</i>	CCGCTTAGTGAACACTCCTTC	TGACCAGCGTGTCTACAACT	134
<i>Pepck</i>	AGCATTCAACGCCAGGTTC	CGAGTCTGTCAGTTCAATACCAA	118
<i>Pklr</i>	TCAAGGCAGGGATGAACATTG	CACGGGTCTGTAGCTGAGTG	131
<i>Ppara</i>	AACATCGAGTGTCGAATATGTGG	CCGAATAGTTCGCCGAAAGAA	99
<i>Pparg</i>	GGAAGACCACTCGCATTCCCTT	GTAATCAGCAACCATTGGGTCA	121
<i>Ppargc1a</i>	AAGTGGTGTAGCGACCAATCG	AATGAGGGCAATCCGTCTTCA	161
<i>Ppp1r3c</i>	GAGCTGCACCAGAATGATCCA	GGTGGTGAATGAGCCAAGCA	102
<i>Ptpn1</i>	GGAAGTGGGCGGCTATTTACC	CAAAAGGGCTGACATCTCGGT	117
<i>Pygl</i>	CCGAGAGGGATGGCAGGTAG	AAATGCACGGGCAGCATGAA	96
<i>Scarb1</i>	TGTACTGCCTAACATCTTGGTCC	ACTGTGCGGTTCATAAAAGCA	126
<i>Scd1</i>	TTCTTGCGATACTCTGGTGC	CGGGATTGAATGTTCTTGTCTGT	98
<i>Sdha</i>	ATTGCTACTGGGGGCTACGG	GTCCTGGCAAGGCAAACCAG	108
<i>Sirt1</i>	TGATTGGCACCGATCCTCG	CCACAGCGTCATATCATCCAG	86
<i>Socs3</i>	ATGGTCACCCACAGCAAGTTT	TCCAGTAGAATCCGCTCTCCT	145
<i>Sqstm1</i>	GAACTCGCTATAAGTGCAGTGT	AGAGAAGCTATCAGAGAGGTGG	131
<i>Srebfl</i>	GATGTGCGAACTGGACACAG	CATAGGGGGCGTCAAACAG	104
<i>Stat3</i>	CACCTTGGATTGAGAGTCAAGAC	AGGAATCGGCTATATTGCTGGT	112

<i>Thrb</i>	ACACCAGCAATTACCAGAGTG	GCAGCTCGAAGGGACATGA	125
<i>Tlr4</i>	CTCTCATGGCCTCCACTGGT	TTAGGAACTACCTCTATGCAGGGAT	137
<i>Tnf</i>	TCCGGGCAGGTCTACTTTGG	CAGAGTTGGACCCTGAGCCA	177
<i>Ucp2</i>	GTGGTGGTCGGAGATAACCAGA	GGGCAACATTGGGAGAAGTCC	102
<i>Uqcrh</i>	GGACTAGAGGACGAACGAAAGA	GGCCTTTACACACTTCTCCAG	129
<i>Usmg5</i>	TGGGGTTCGGACGAAGATTG	GCCTCCATATGTGGCCAGGA	136
<i>Ywhaz</i>	GAAAAGTTCTTGATCCCCAATGC	TGTGACTGGTCCACAATTCCTT	134

3