

Figure 1-Figure Supplement 1. Distribution of cholesterol, protein, and triglycerides across size-exclusion fractions. (A-C) Colorimetric assays for **(A)** total cholesterol, **(B)** total protein, and **(C)** triglycerides.). Wild-type, WT (blue); Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1^{-/-}*), SR-BI KO (red). Size-exclusion chromatography fractions used to isolate HDL and APOB particles. mg, milligrams. HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7, APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

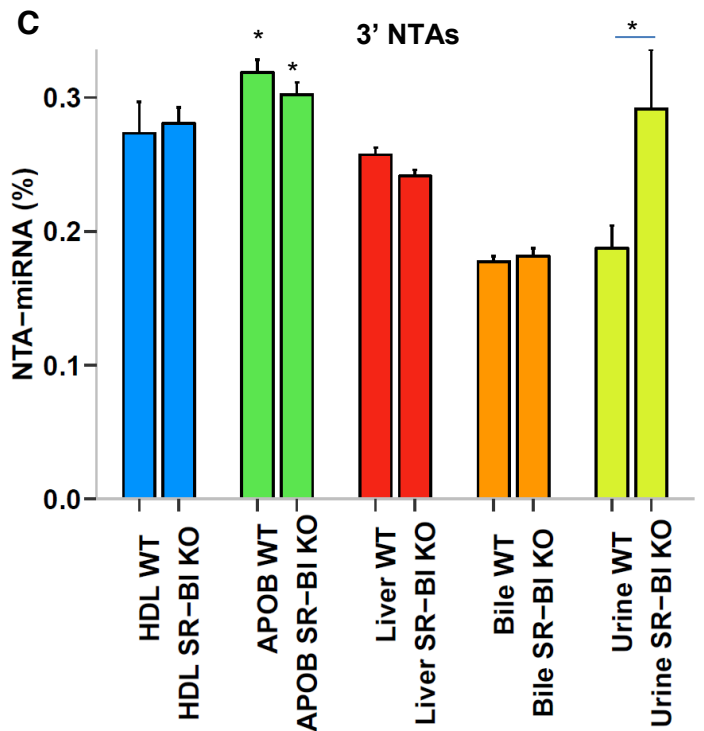
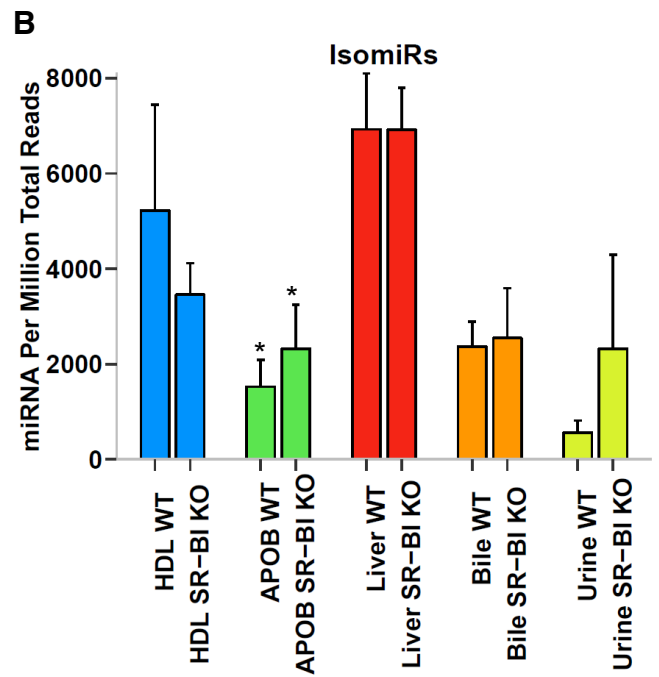
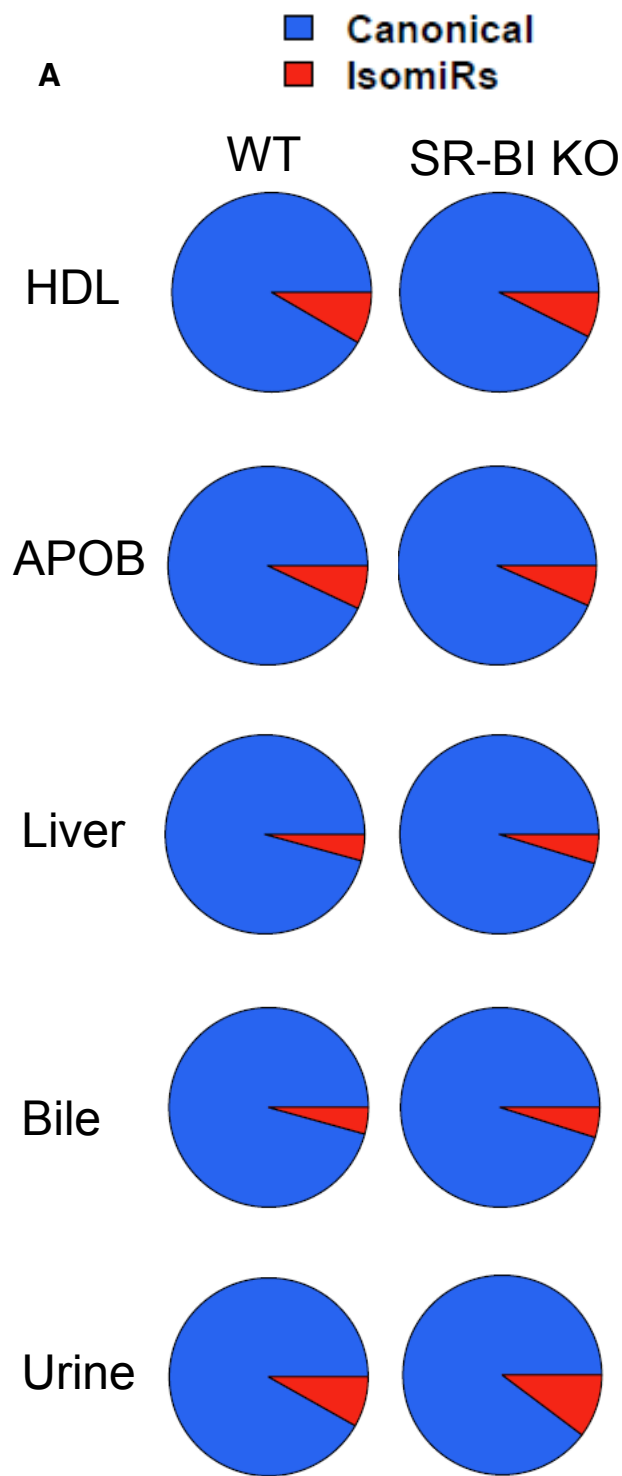


Figure 2-Figure Supplement 1. Expression of miRNA 5' isomiRs and 3' NTAs across sample types. WT, wild-type mice; SR-BI KO, Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1*^{-/-}). (A) Pie charts illustrating the fraction of miRNA 5' isomiRs (red) per total miRNA reads. (B-C) sRNA-seq analysis of miRNA (B) 5' isomiRs and (C) 3' non-templated additions (NTA). Mean \pm S.E.M. Student's t-tests. * $p < 0.05$. Unless noted, groups are compared to liver. HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7; APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

Figure 2 - Source Data 1. HDL-miRNA levels (mean) by real-time PCR TaqMan assays, as reported by relative quantitative values (RQV).

	miR-181a	miR-10b	miR-26a	miR-146a	miR-338-5p	miR-92a	miR-223	miR-375	miR-451
WT	0.10	0.07	0.49	7.51	5.74	13.14	11.77	1.25	76.91
SR-BI KO	0.09	0.08	0.39	7.81	5.47	20.54	13.09	2.12	102.21

Figure 2 - Source Data 2. Multivariate analysis of sRNA profiles compared to liver profiles (WT only).

Group	Class	Level	Dispersion_Fvalue	Dispersion_pvalue	Permanova_FValue	Permanova_pvalue
APOB	All_host	Parent	39.59	7.33E-12	9.82	1.00E-03
HDL	All_host	Parent	32.11	4.43E-10	8.71	1.00E-03
Bile	All_host	Parent	41.74	2.87E-12	12.53	1.00E-03
Urine	All_host	Parent	30.31	6.01E-10	7.03	1.00E-03
APOB	lincRNA	Parent	7.72	1.01E-03	9.24	1.00E-03
HDL	lincRNA	Parent	7.95	8.33E-04	7.48	1.00E-03
Bile	lincRNA	Parent	16.21	2.10E-06	9.23	1.00E-03
Urine	lincRNA	Parent	8.37	5.99E-04	9.50	1.00E-03
APOB	miRNA	Parent	31.03	4.18E-10	9.57	1.00E-03
HDL	miRNA	Parent	23.20	2.82E-08	7.11	1.00E-03
Bile	miRNA	Parent	17.09	1.78E-06	5.56	1.00E-03
Urine	miRNA	Parent	15.47	3.42E-06	8.42	1.00E-03
APOB	miscRNA	Parent	15.91	2.55E-06	7.05	1.00E-03
HDL	miscRNA	Parent	7.85	9.07E-04	6.44	1.00E-03
Bile	miscRNA	Parent	18.50	4.77E-07	9.17	1.00E-03
Urine	miscRNA	Parent	11.66	4.91E-05	7.47	1.00E-03
APOB	rRNA	Parent	12.03	3.75E-05	17.19	1.00E-03
HDL	rRNA	Parent	7.20	1.53E-03	15.67	1.00E-03
Bile	rRNA	Parent	10.48	1.18E-04	15.39	1.00E-03
Urine	rRNA	Parent	5.40	6.85E-03	5.47	1.00E-03
APOB	snoRNA	Parent	27.03	3.34E-09	7.70	1.00E-03
HDL	snoRNA	Parent	28.49	1.54E-09	8.05	1.00E-03
Bile	snoRNA	Parent	34.82	6.53E-11	9.36	1.00E-03
Urine	snoRNA	Parent	23.99	1.80E-08	6.96	1.00E-03
APOB	snRNA	Parent	10.01	1.68E-04	2.85	2.70E-02
HDL	snRNA	Parent	15.64	3.06E-06	8.91	1.00E-03
Bile	snRNA	Parent	14.68	5.83E-06	3.58	1.00E-02
Urine	snRNA	Parent	10.15	1.51E-04	2.94	2.80E-02
APOB	tRNA	Parent	42.41	2.15E-12	3.50	3.40E-02
HDL	tRNA	Parent	34.77	6.68E-11	0.74	4.95E-01
Bile	tRNA	Parent	29.00	1.18E-09	14.42	1.00E-03
Urine	tRNA	Parent	20.52	1.37E-07	9.50	1.00E-03
APOB	All_host	Fragment	78.26	<2.2e-16	7.81	1.00E-03
HDL	All_host	Fragment	79.02	<2.2e-16	7.29	1.00E-03
Bile	All_host	Fragment	68.60	<2.2e-16	8.88	1.00E-03
Urine	All_host	Fragment	50.33	<2.2e-16	7.77	1.00E-03
APOB	miRNA	Fragment	35.96	3.82E-11	8.85	1.00E-03
HDL	miRNA	Fragment	29.30	1.01E-09	7.12	1.00E-03
Bile	miRNA	Fragment	22.15	5.19E-08	5.42	1.00E-03
Urine	miRNA	Fragment	20.13	1.74E-07	7.65	1.00E-03
APOB	miscRNA	Fragment	146.61	<2.2e-16	4.32	1.00E-03
HDL	miscRNA	Fragment	123.10	<2.2e-16	5.89	1.00E-03
Bile	miscRNA	Fragment	79.49	<2.2e-16	5.66	1.00E-03
Urine	miscRNA	Fragment	137.23	<2.2e-16	4.23	1.00E-03
APOB	rDR	Fragment	379.50	<2.2e-16	6.27	1.00E-03
HDL	rDR	Fragment	335.62	<2.2e-16	6.67	1.00E-03
Bile	rDR	Fragment	209.64	<2.2e-16	8.07	1.00E-03
Urine	rDR	Fragment	243.10	<2.2e-16	7.26	1.00E-03
APOB	snoDR	Fragment	95.54	<2.2e-16	5.76	1.00E-03
HDL	snoDR	Fragment	97.85	<2.2e-16	6.45	1.00E-03
Bile	snoDR	Fragment	71.98	<2.2e-16	7.26	1.00E-03
Urine	snoDR	Fragment	82.83	<2.2e-16	5.64	1.00E-03
APOB	snDR	Fragment	56.19	9.85E-15	4.73	1.00E-03
HDL	snDR	Fragment	68.87	<2.2e-16	5.72	1.00E-03
Bile	snDR	Fragment	37.79	1.64E-11	4.89	1.00E-03
Urine	snDR	Fragment	50.18	9.25E-14	3.44	1.00E-03
APOB	tDR	Fragment	41.70	2.92E-12	5.32	1.00E-03
HDL	tDR	Fragment	33.55	1.20E-10	2.94	1.40E-02
Bile	tDR	Fragment	22.95	3.15E-08	10.22	1.00E-03
Urine	tDR	Fragment	16.27	2.01E-06	7.08	1.00E-03

tDRs

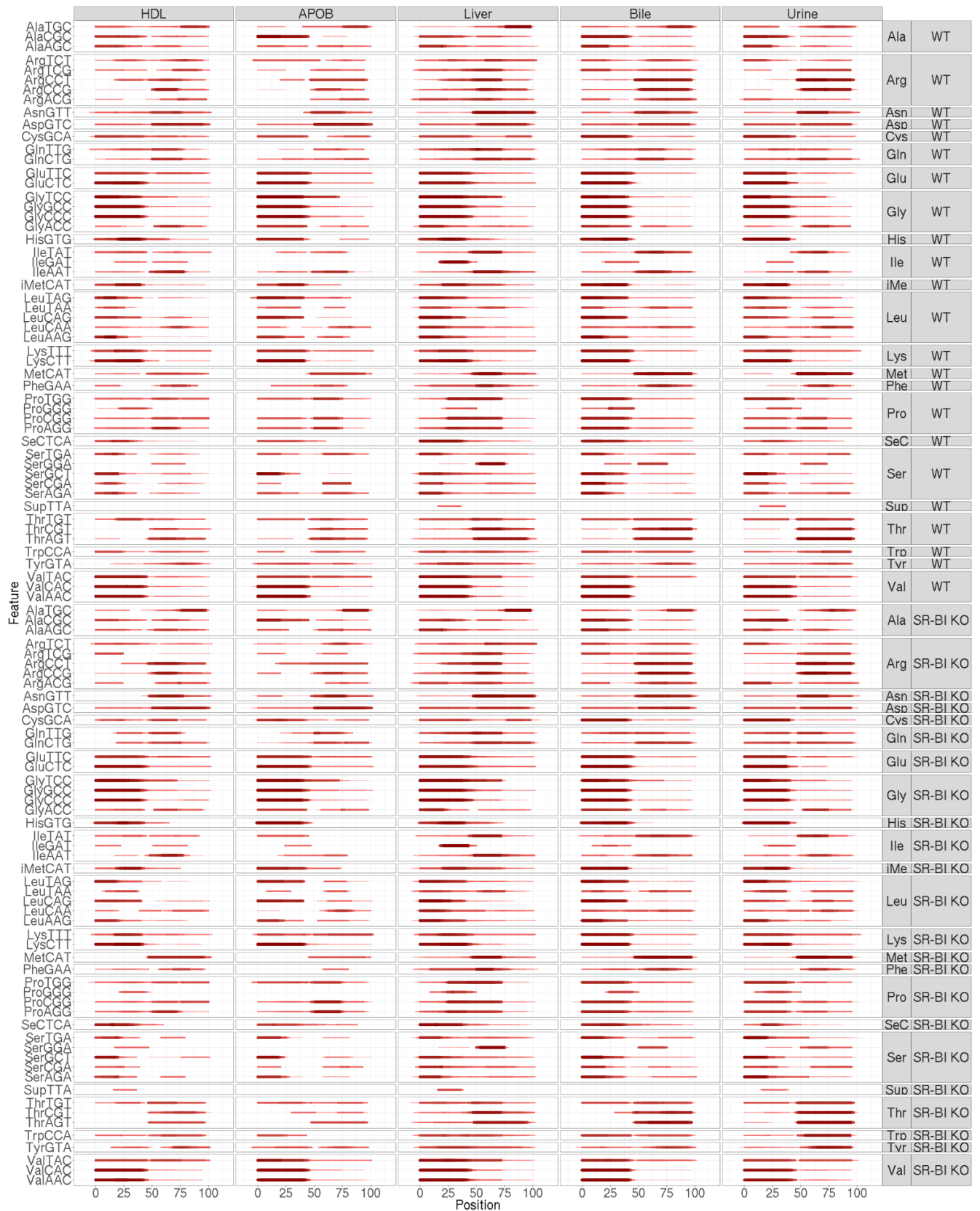
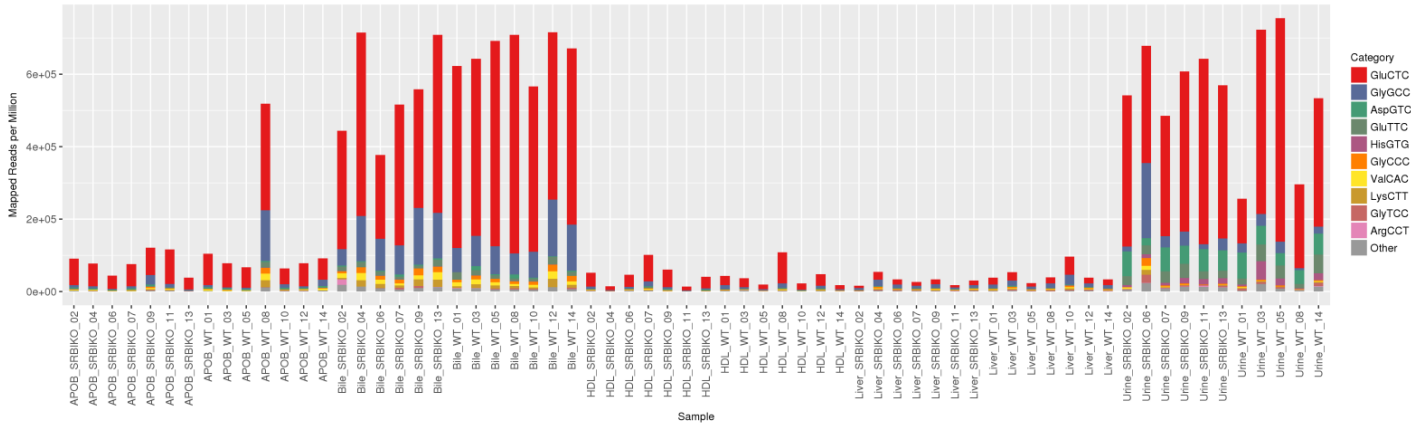


Figure 4-Figure Supplement 1. Positional coverage analysis of host tDRs based on parent tRNA amino acid anticodons. Signal (red) represents mean coverage percentage across parent length. WT, wild-type mice; SR-BI KO, Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1*^{-/-}). HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7, APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

A**B**

Category ■ GluCTC ■ AspGTC ■ GlyCCC ■ Other
■ GlyGCC ■ GluTTC ■ ValCAC

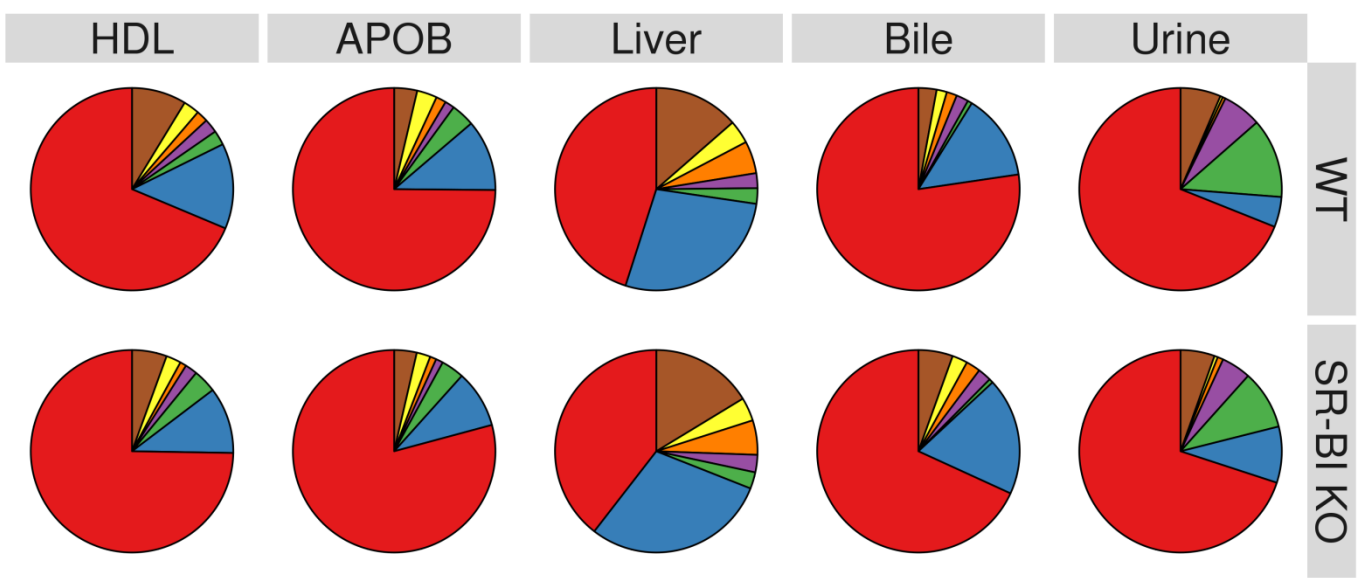


Figure 4-Figure Supplement 2. Classification of host tDRs based on parent tRNA amino acid anticodons. WT, wild-type mice; SR-BI KO, Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1^{-/-}*). **(A)** Normalized read counts for host tDRs (per million total reads) based parent tRNA amino acid anticodons. **(B)** Pie charts illustrating the percent of host tDRs per total tDR counts for parent tRNA amino acid anticodons. HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7, APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

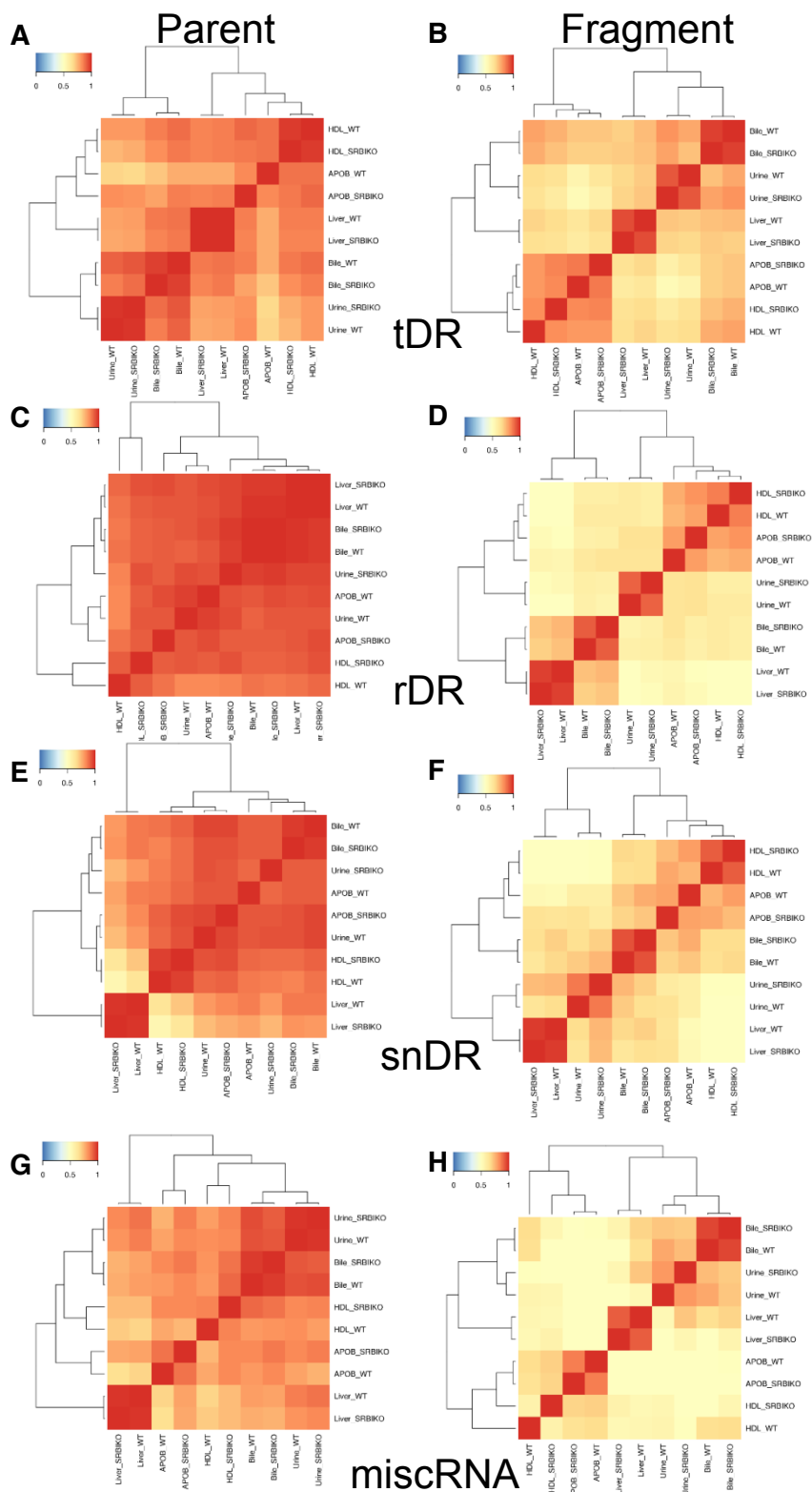


Figure 4-Figure Supplement 3. Groups are defined by the profile of individual fragments, not parent RNAs. (A-H) Heatmap of hierarchical clustered pairwise correlation (Spearman, R) coefficients between group means for host sRNAs. (A) Parent tDR (B) Fragment tDR (C) Parent rDR (D) Fragment rDR (E) Parent snDR (F) Fragment snDR (G) Parent miscRNA (H) Fragment miscRNA. WT, wild-type mice; SR-BI KO, Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1*^{-/-}). HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7, APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

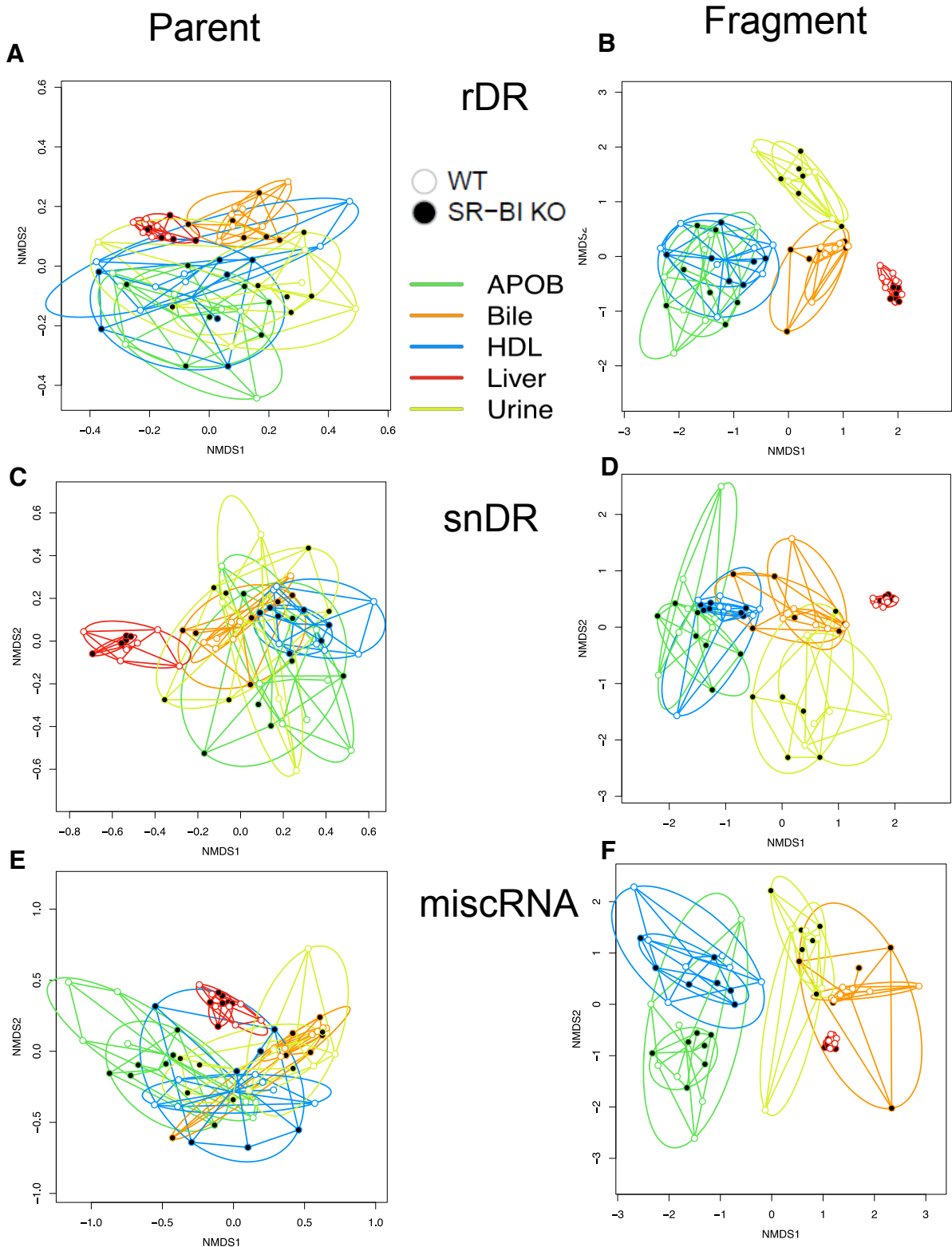


Figure 4-Figure Supplement 4. Lipoprotein host sRNA profiles are distinct from liver and biofluids. (A-F) Principal Coordinate Analysis (PCoA) of host sRNA profiles based on (A) parent rRNAs, (B) individual fragment rDRs, (C) parent snRNAs, (D) individual fragment snDRs, (E) parent miscellaneous RNAs (miscRNA), and (F) individual fragment miscRNAs for samples from WT (empty circles) and SR-BI KO (filled circles) mice. NMDS1, Non-metric multidimensional scaling. WT, wild-type mice; SR-BI KO, Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1*^{-/-}). HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7, APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

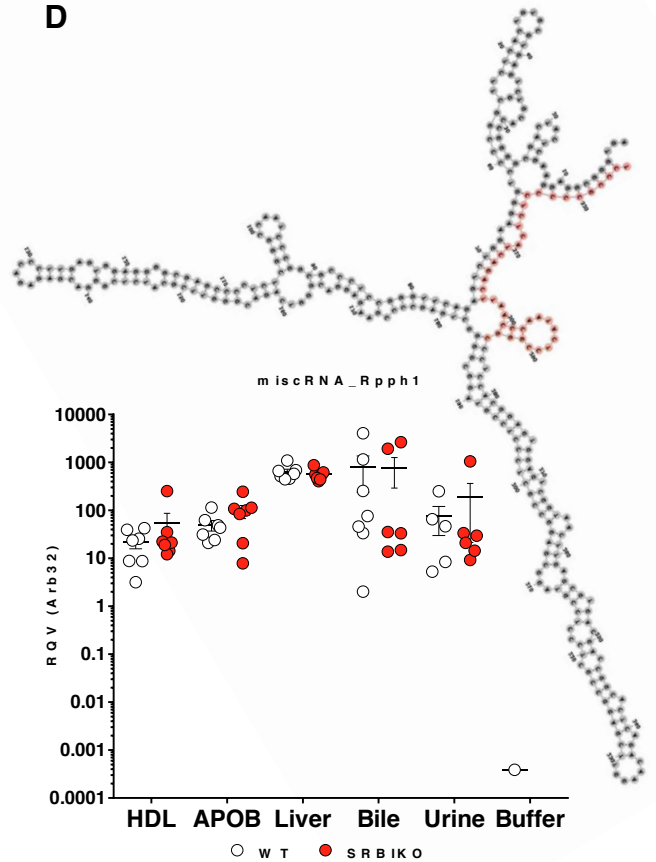
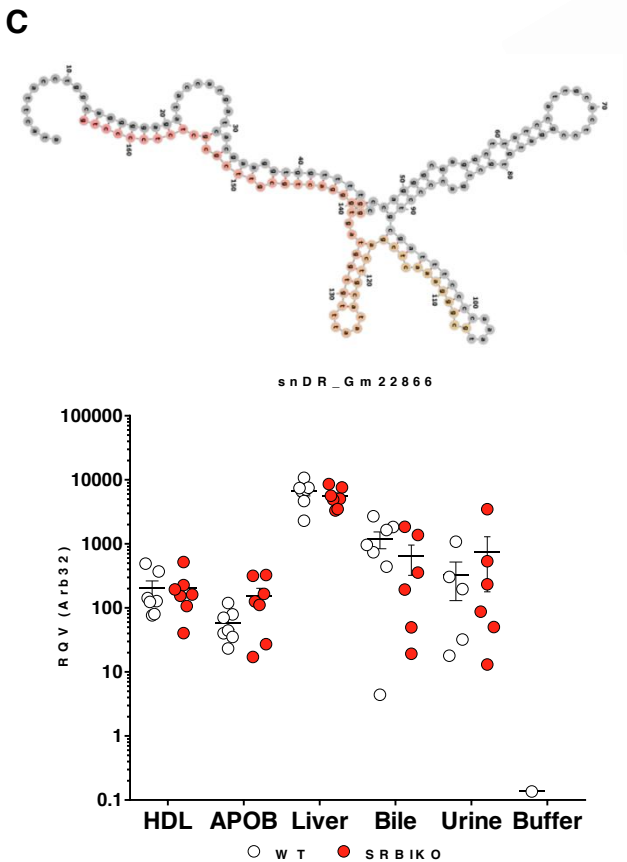
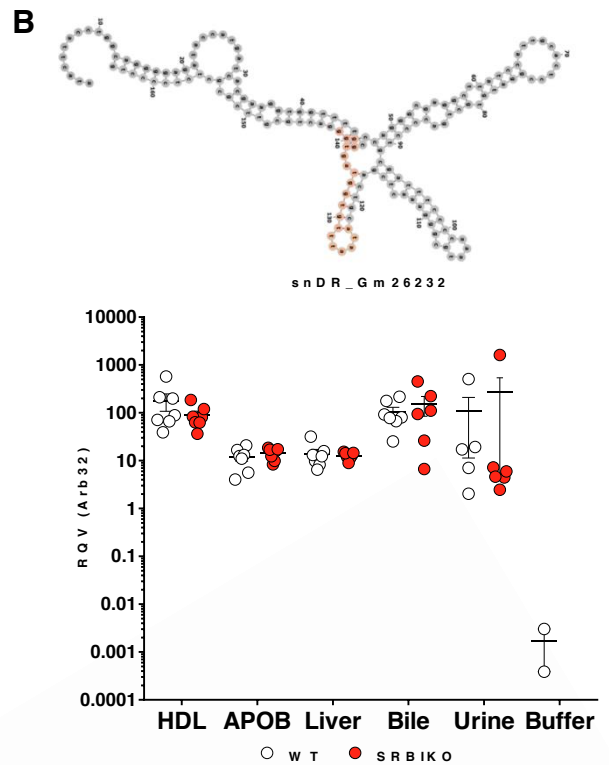
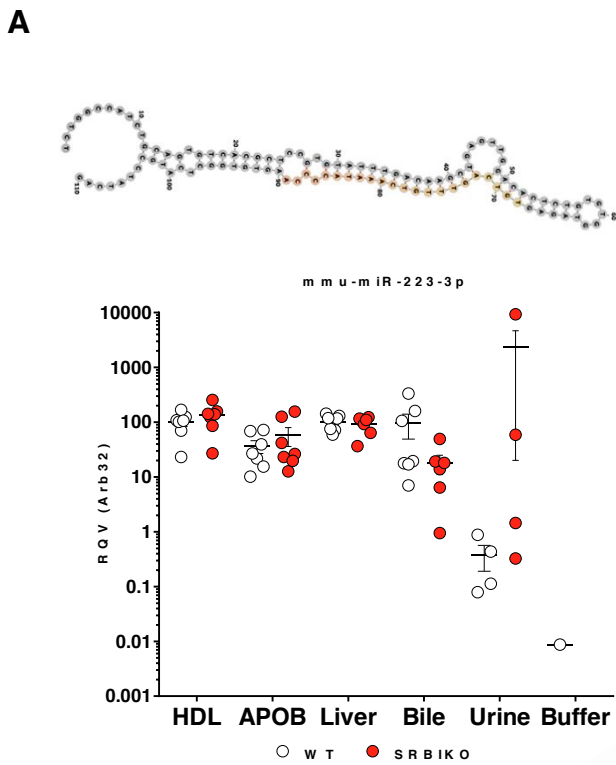


Figure 4-Figure Supplement 5. Lipoproteins transport multiple classes of host sRNAs (A-D) Real-time PCR analysis of candidate sRNAs with predicted folding structures of parent RNAs for (A) mmu-miR-223-3p, (B) snDR_Gm26232, (C) snDR_Gm22866, and (D) miscellaneous RNA (miscRNA) Rpph1. WT (white circles), wild-type mice; SR-BI KO (red circles), Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1*^{-/-}). HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7; APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

snDRs

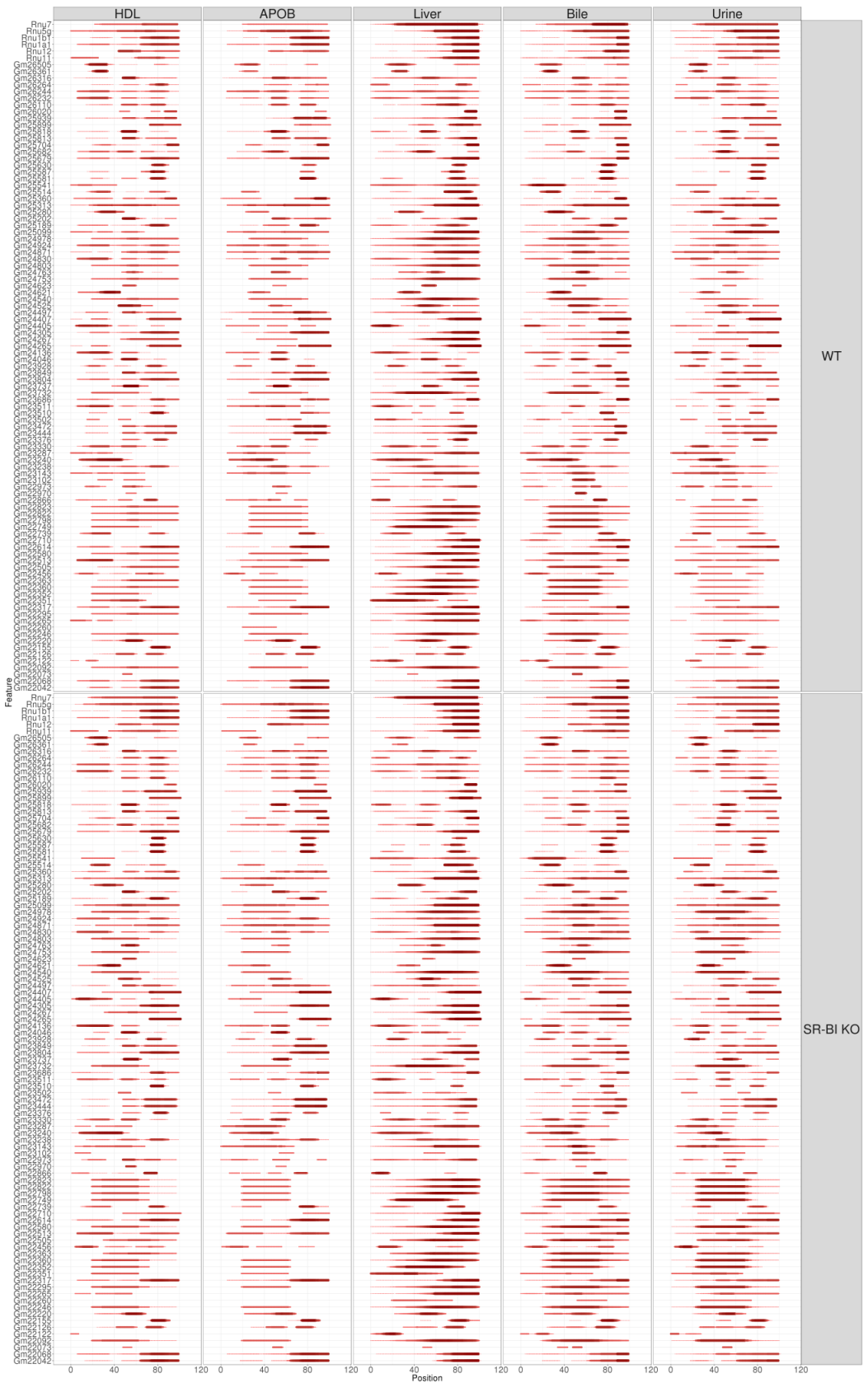


Figure 4-Figure Supplement 6. Positional coverage analysis of host snDRs based on parent snRNAs. Signal (red) represents mean coverage percentage across parent length. WT, wild-type mice; SR-BI KO, Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1^{-/-}*). HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7, APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

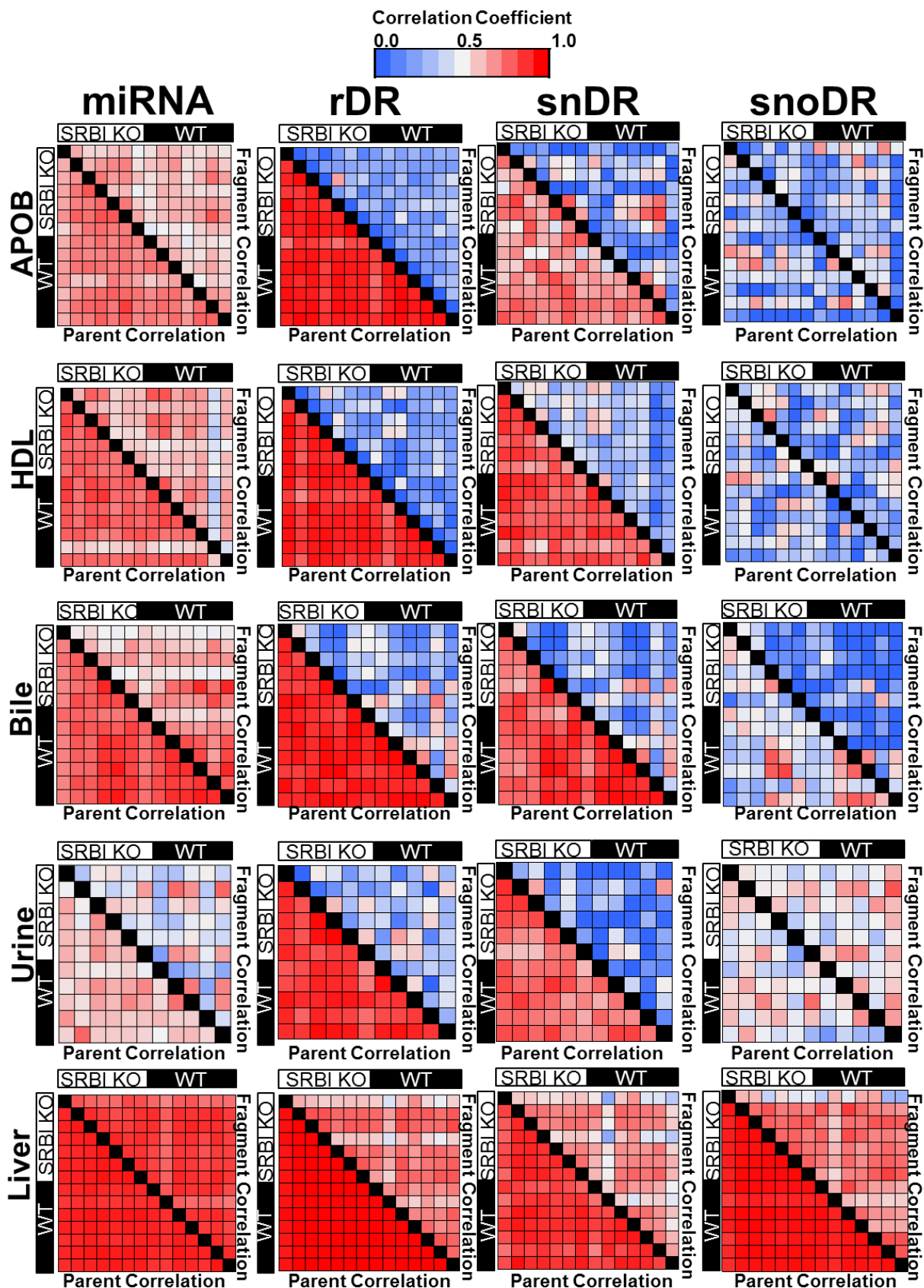


Figure 4-Figure Supplement 7. Lipoprotein sRNA profiles are highly-correlated for parent RNAs and lowly-correlated for individual sRNAs fragments. Heatmaps of correlation coefficients (Spearman, R) for host sRNA parents and individual fragments across samples within each group for miRNAs, rDRs, snDRs, and snoDRs. WT, wild-type mice; SR-BI KO, Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1*^{-/-}). HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7, APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

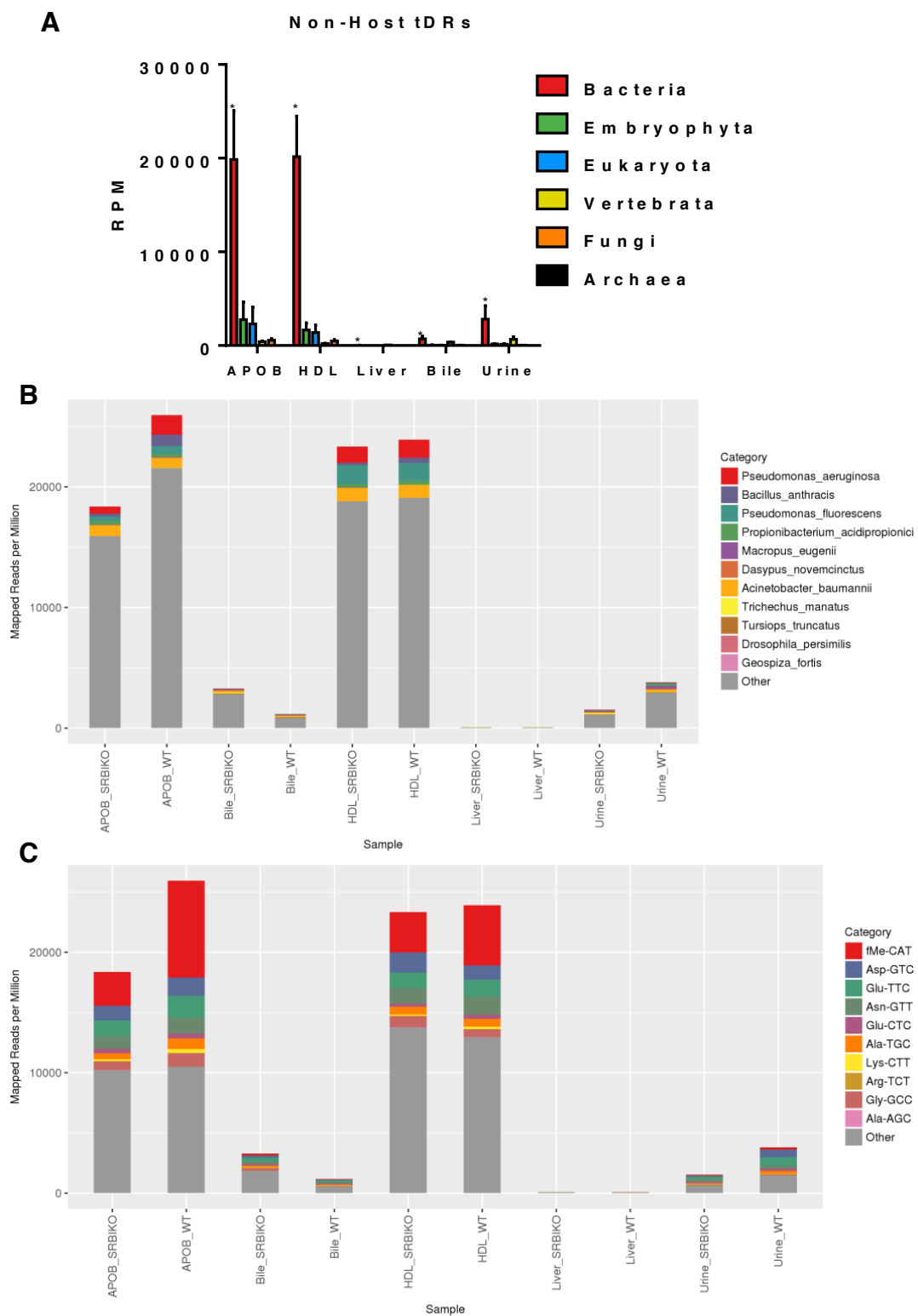


Figure 5-Figure Supplement 1. Lipoproteins transport non-host bacterial tDRs. (A) Abundance of non-host tDRs based on parent tRNA transcripts (database) across kingdoms and higher organizations, as reported as Reads Per Million total reads (RPM). Two-way ANOVA Tukey's multiple comparisons test. * $p < 0.05$. (B-C) Stacked bar plots of non-host tDRs aligned to parent rRNAs across kingdoms and higher organizations, as reported as mapped reads per million total reads for (B) bacterial species and (C) parent tRNA amino acid anti-codons. WT, wild-type mice; SR-BI KO, Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1*^{-/-}). HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7, APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

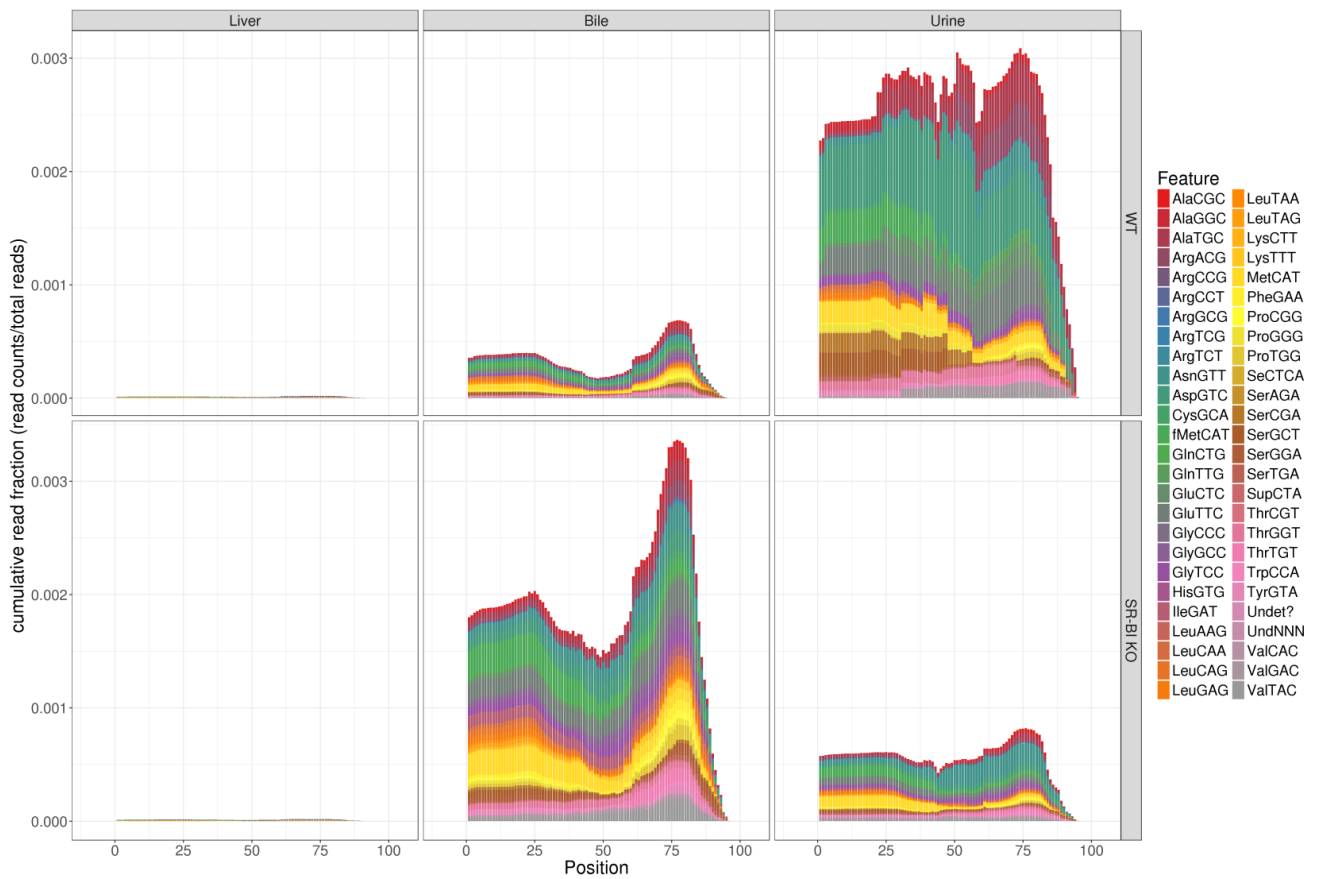


Figure 5-Figure Supplement 2. Bile and urine contain non-host tDRs. Positional coverage maps of non-host tDRs for parent tRNA amino acid anti-codons, as reported as mean cumulative read fractions (read counts / total counts) for liver, bile, and urine. WT, wild-type mice; SR-BI KO, Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1^{-/-}*). HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7, APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

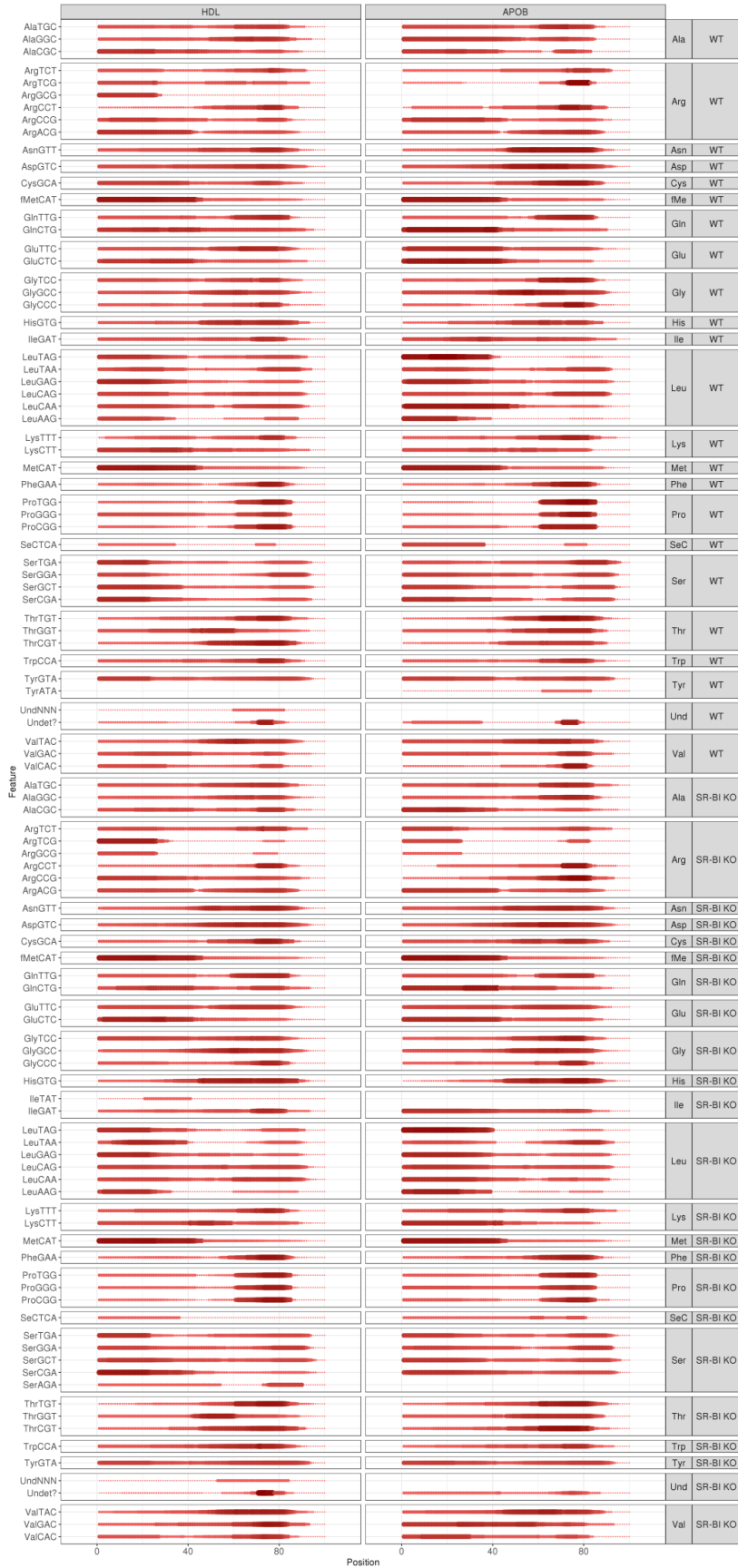


Figure 5-Figure Supplement 3. Positional coverage analysis of non-host tDRs based on parent tRNA amino acid anticodons. Signal (red) represents mean coverage percentage across parent length. WT, wild-type mice; SR-BI KO, Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1*^{-/-}). HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7, APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

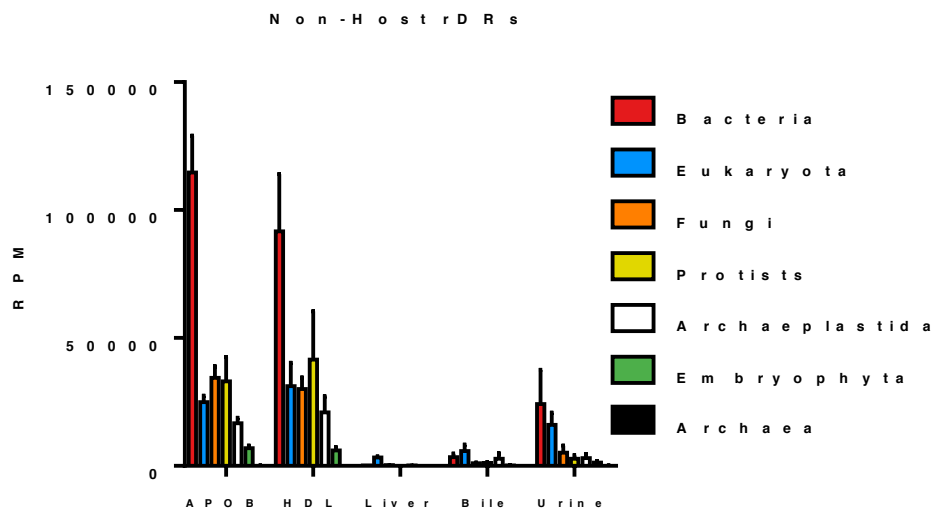


Figure 5-Figure Supplement 4. Lipoproteins transport non-host rDRs. (A) Abundance of non-host rDRs based on parent rRNA transcripts (database) across kingdoms and higher organizations, as reported as Reads Per Million total reads (RPM).

Figure 5-Source Data 1. Non-host miRNAs (Mean RPM)

Name	APOB_SRBKO	APOB_WT	Bile_SRBKO	Bile_WT	HDL_SRBKO	HDL_WT	Liver_SRBKO	Liver_WT	Urine_SRBKO	Urine_WT
bta-miR-574	35.22	16.46	42.78	58.56	52.88	65.38	5.24	5.70	6.97	16.50
ahy-miR159	10.56	UND	82.14	0.52	1.91	13.23	UND	0.12	4.22	UND
api-miR-71	UND	4.69	4.12	UND	UND	11.02	UND	UND	UND	UND
aly-miR164a-5p	UND	UND	UND	UND	UND	9.93	UND	UND	UND	UND
aly-miR166a-3p	12.35	UND	0.06	1.08	15.29	8.90	UND	UND	0.36	UND
tae-miR9662a-3p	UND	UND	UND	UND	UND	8.59	UND	0.12	UND	1.73
chi-miR-1307-3p	UND	UND	UND	UND	UND	4.37	UND	UND	UND	UND
bdi-miR159b-3p.1	0.79	UND	0.15	0.37	UND	4.07	UND	UND	UND	UND
aae-miR-14	UND	11.16	1.54	UND	8.59	3.22	UND	0.12	1.87	4.12
ata-miR528-5p	UND	UND	UND	UND	UND	2.60	UND	UND	UND	UND
cme-miR156j	12.80	0.68	6.40	0.92	2.32	2.51	UND	UND	UND	UND
hsa-miR-1284	UND	UND	UND	UND	UND	2.48	UND	UND	UND	UND
pde-miR947	UND	UND	UND	UND	UND	2.25	UND	UND	UND	UND
aga-miR-276-3p	UND	24.52	15.76	UND	UND	2.19	UND	UND	UND	UND
hsa-miR-1304-3p	UND	UND	UND	UND	UND	1.09	UND	UND	UND	UND
ssa-miR-125b-5p	0.30	0.15	0.33	0.42	0.26	0.40	0.20	0.27	0.10	0.11
ggo-miR-584	UND	UND	UND	UND	UND	0.17	UND	0.15	UND	UND
efu-miR-660	UND	UND	UND	UND	0.10	0.11	UND	UND	UND	UND
cfa-miR-329b	UND	UND	UND	UND	UND	0.11	UND	UND	UND	UND
age-miR-197	11.61	UND	UND	0.47	2.91	0.11	UND	UND	UND	UND
ahy-miR156c	17.06	2.22	UND	1.92	4.68	0.06	UND	UND	UND	0.16
lgi-miR-71	UND	UND	UND	UND	UND	0.06	UND	UND	UND	UND
asu-miR-71-5p	10.20	3.13	25.89	UND	0.06	UND	UND	0.09	0.02	UND
hsa-miR-1908-5p	8.48	10.15	0.13	UND	7.03	UND	UND	UND	UND	UND
ppc-miR-228-5p	8.05	UND	15.29	UND	UND	UND	UND	UND	0.01	UND
hsa-miR-92a-1-5p	UND	UND	UND	0.34	11.52	UND	UND	UND	UND	UND
str-miR-8366a-3p	UND	UND	15.30	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
asu-miR-50-5p	UND	9.84	2.20	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
cbn-miR-46	UND	UND	12.88	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
bta-miR-424-3p	9.20	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
pab-miR951	UND	UND	UND	6.55	UND	UND	UND	UND	UND	UND
hsa-miR-3614-5p	UND	UND	UND	UND	4.78	UND	UND	UND	UND	UND
hsa-miR-489-3p	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	0.30	2.80
mdm-miR482a-5p	UND	UND	UND	UND	4.06	UND	UND	UND	UND	UND
aau-miR396	UND	UND	UND	UND	1.82	UND	UND	UND	UND	UND
oha-miR-122-5p	UND	UND	UND	UND	UND	UND	0.38	0.46	UND	UND
aae-miR-278-3p	UND	UND	3.41	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
aly-miR166a-5p	UND	UND	UND	UND	3.18	UND	UND	UND	UND	UND
aga-miR-277	UND	UND	3.21	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
cte-miR-750	UND	UND	3.07	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
hsa-miR-937-3p	UND	UND	4.50	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
ggo-miR-589	3.78	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
aly-miR168a-5p	UND	UND	UND	0.74	UND	UND	0.15	UND	UND	UND
gma-miR482b-3p	3.04	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
sme-miR-31b-5p	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	1.99	UND
api-miR-2a	UND	UND	1.94	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
sme-lin-4-5p	UND	UND	2.45	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
aly-miR403a-3p	UND	UND	UND	1.02	UND	UND	UND	UND	UND	UND
sme-bantam-a	UND	UND	1.57	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
aae-miR-8-3p	UND	UND	1.14	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
hsa-miR-629-5p	UND	UND	0.96	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
asu-miR-86-5p	UND	UND	1.22	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
ata-miR396e-3p	UND	UND	0.82	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
aau-miR162	UND	UND	UND	0.39	UND	UND	UND	UND	UND	UND
aae-miR-34-5p	UND	UND	0.87	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
ipu-miR-99b	UND	UND	0.12	0.34	UND	UND	0.14	0.09	UND	UND
lva-miR-183-5p	UND	UND	0.07	0.06	UND	UND	UND	UND	0.36	UND
gma-miR171k-3p	UND	UND	UND	0.56	UND	UND	UND	UND	UND	UND
ahy-miR156b-5p	UND	UND	UND	0.69	UND	UND	UND	UND	UND	UND
hsa-miR-4661-5p	UND	UND	UND	0.69	UND	UND	UND	UND	UND	UND
gso-miR3522a	UND	UND	UND	0.45	UND	UND	UND	UND	UND	UND
hsa-miR-3605-3p	UND	UND	0.70	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
hsa-miR-942-5p	UND	UND	UND	0.61	UND	UND	UND	UND	UND	UND
asu-miR-100a-5p	UND	UND	0.42	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
osa-miR159f	0.12	UND	0.41	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
bta-miR-3613a	UND	UND	0.24	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
aqc-miR159	UND	UND	0.41	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
pma-miR-194-5p	UND	UND	UND	UND	UND	UND	0.12	UND	UND	UND
aae-miR-13-3p	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	0.18	UND
hsa-miR-1269b	UND	UND	0.18	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
pde-miR159	UND	UND	0.31	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
bbe-miR-183-5p	UND	UND	UND	0.11	UND	UND	UND	UND	UND	UND
bta-miR-374a	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	0.25	UND	UND
hsa-miR-6803-3p	UND	UND	0.09	0.08	UND	UND	UND	UND	UND	UND
aly-miR172c-3p	UND	UND	UND	0.11	UND	UND	UND	UND	UND	UND
bma-miR-57	UND	UND	UND	UND	0.06	UND	UND	UND	UND	UND
cbn-miR-81	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	0.12	UND	UND
asu-miR-44a-3p	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	0.12	UND	UND
cin-let-7b-5p	UND	UND	0.09	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
aae-miR-71-5p	UND	0.07	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
cte-miR-100	UND	UND	0.06	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
aae-miR-10	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	0.13	UND	UND
dvi-miR-310-3p	UND	UND	UND	UND	0.07	UND	UND	UND	UND	UND
aga-miR-275	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	0.07	UND	UND
efu-miR-23a	UND	UND	UND	0.08	UND	UND	UND	UND	UND	UND
hsa-miR-181a-2-3p	UND	UND	UND	0.08	UND	UND	UND	UND	UND	UND
hsa-miR-4433a-3p	UND	UND	UND	0.07	UND	UND	UND	UND	UND	UND
cfa-miR-590	UND	UND	0.06	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
hsa-miR-625-3p	UND	UND	UND	UND	0.07	UND	UND	UND	UND	UND
mml-miR-133a	UND	0.07	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
oha-miR-221-5p	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	0.09	UND	UND
pma-miR-30d	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	0.06	UND
vvi-miR156e	0.12	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND
xtr-miR-106	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	0.07	UND	UND
xtr-miR-215	UND	UND	UND	UND	UND	UND	UND	0.07	UND	UND

Figure 5-Source Data 3. Non-host rDRs (RPM)

Name	APOB_SRBKO	APOB_WT	Bile_SRBKO	Bile_WT	HDL_SRBKO	HDL_WT	Liver_SRBKO	Liver_WT	Urine_SRBKO	Urine_WT
Bacteria	104478.09	114730.23	14291.84	3421.66	115759.51	91728.06	183.83	179.03	6799.78	24244.83
Eukaryota	28441.08	24937.70	10932.99	5757.57	26842.12	31188.21	2449.16	3312.43	10555.64	16042.07
Fungi	49869.36	34405.14	4707.79	1006.22	41715.80	30034.45	231.77	254.22	2355.37	5241.13
Protists	23129.74	33023.18	4782.32	1215.89	18249.65	41609.68	79.35	70.98	1821.22	2813.75
Archaeplastida	34829.30	16663.40	7711.99	2775.75	17734.88	20892.10	108.43	128.65	1268.66	3120.96
Embryophyta	9430.06	6939.73	1022.50	216.15	6597.24	6100.84	41.54	46.83	521.24	1288.62
Archaea	21.59	89.19	15.87	5.46	72.70	37.15	0.14	0.20	13.44	82.41

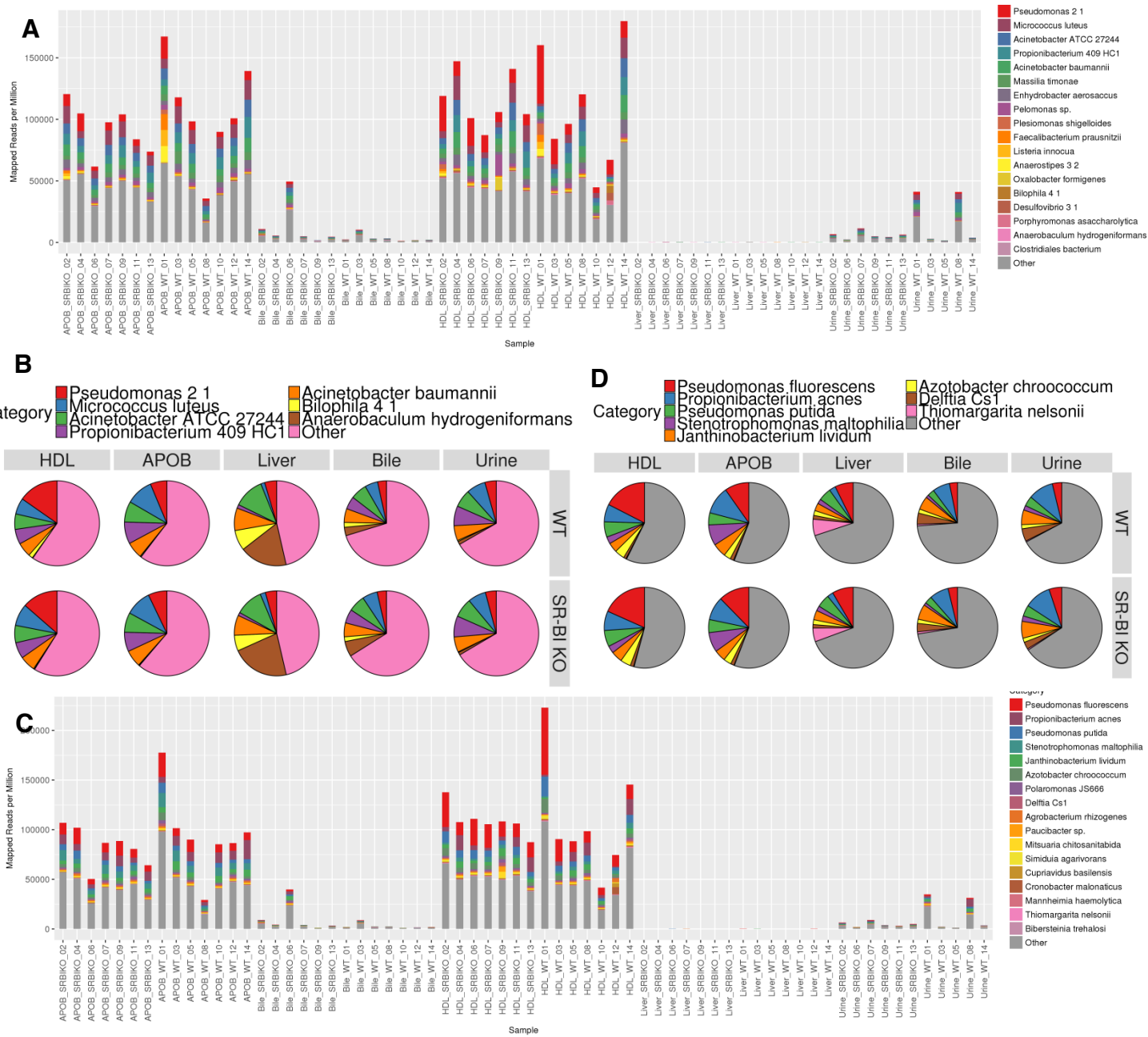
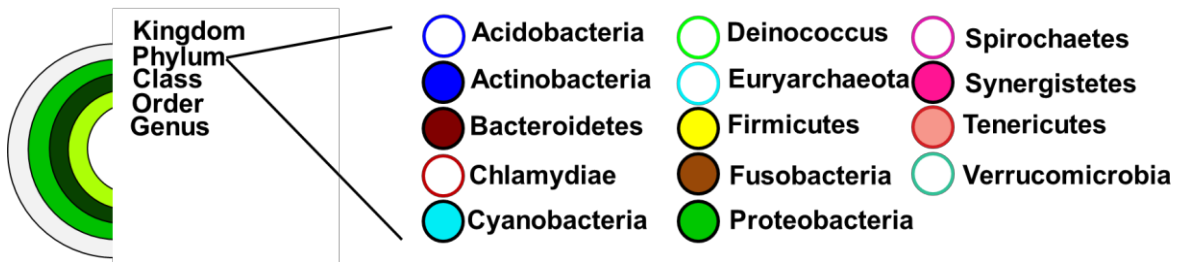
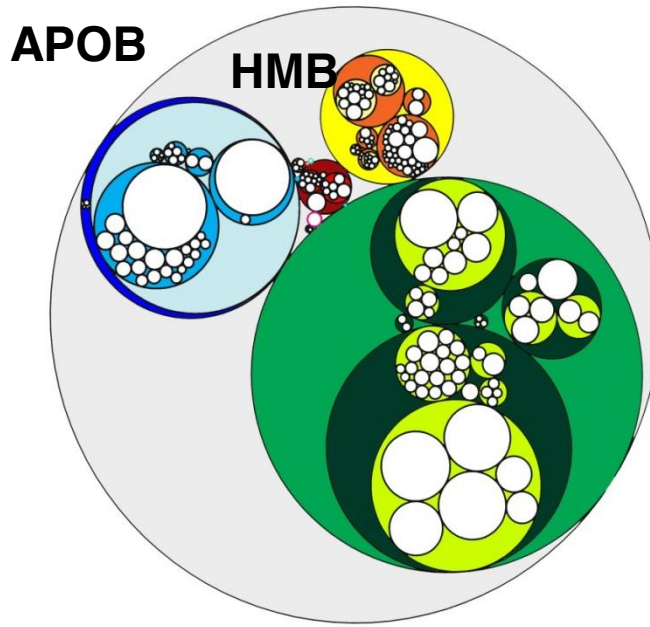


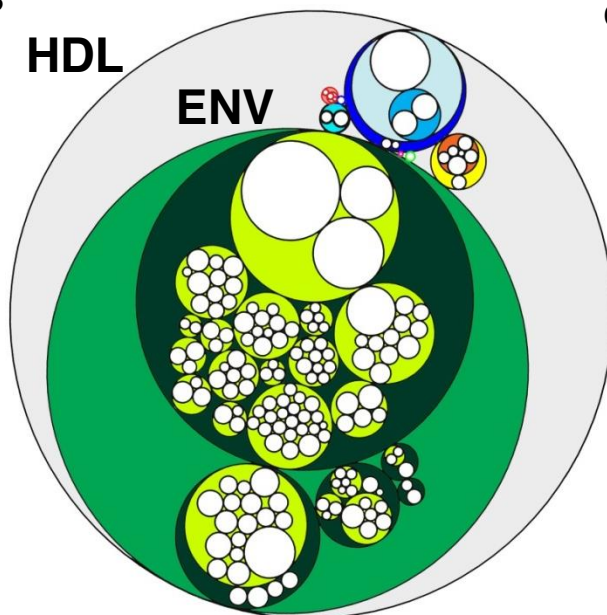
Figure 6-Figure Supplement 1. Lipoproteins transport non-host bacterial sRNAs. WT, wild-type mice; SR-BI KO, Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1*^{-/-}). **(A)** Stacked bar plots of non-host sRNAs aligned to bacterial genomes in the human microbiome project (HMB), as reported as mapped reads per million total reads. **(B-C)** Pie charts illustrating the distribution of genome counts per total bacterial reads for species in the **(B)** HMB and **(C)** environment (ENV). **(D)** Stacked bar plots of non-host sDRs aligned to ENV bacterial genomes, as reported as mapped reads per million total reads. HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7, APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.



A



B



C

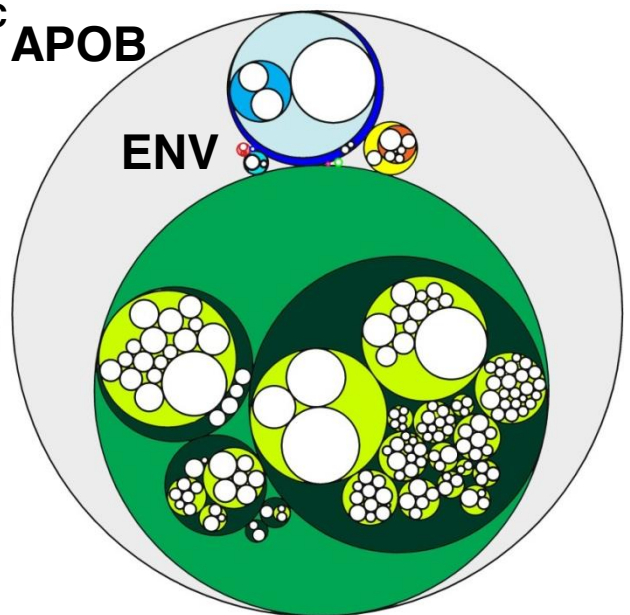


Figure 6-Figure Supplement 2. Lipoproteins are enriched for proteobacteria sRNAs. WT, wild-type mice; SR-BI KO, Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1*^{-/-}). (A-C) Circular tree maps for non-host bacterial sRNAs on lipoproteins from WT mice, as organized by taxonomy – proteobacteria, green; actinobacteria, blue; firmicutes, yellow; bacteroidetes, red. Maps were generated from bacterial counts organized by species within the human microbiome project (HMB) on (A) APOB particles and bacterial species in the environment (ENV) on (B) HDL and (C) APOB particles. Diameter is proportional to the mean number of reads at the genome level (counts). HDL WT, N=7; APOB WT, N=7

Category ■ BothCategories ■ MicrobiomeOnly ■ EnvironmentOnly

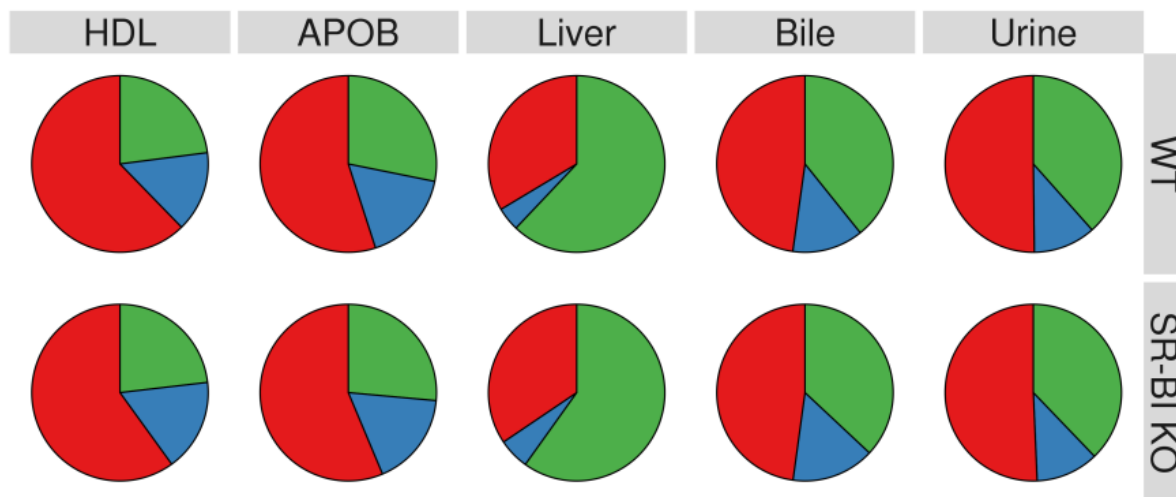
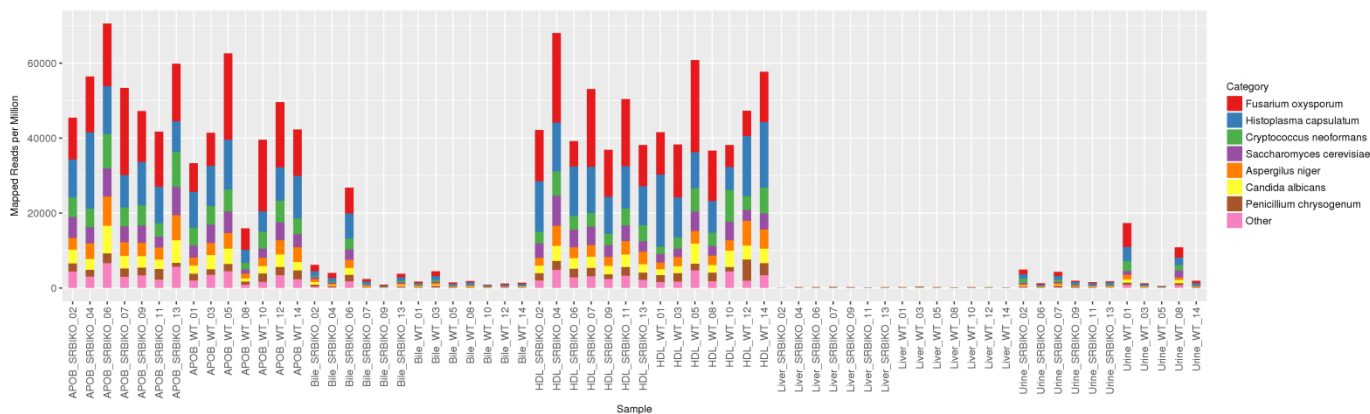


Figure 6-Figure Supplement 3. Lipoproteins transport non-host sRNAs from bacteria species specific for the microbiome or environment. Pie charts illustrating alignment overlap for non-host bacterial genome reads between species in the human microbiome project or environment. HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7, APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

A**B**

Category

- Fusarium oxysporum
- Saccharomyces cerevisiae
- Histoplasma capsulatum
- Aspergillus niger
- Cryptococcus neoformans
- Other

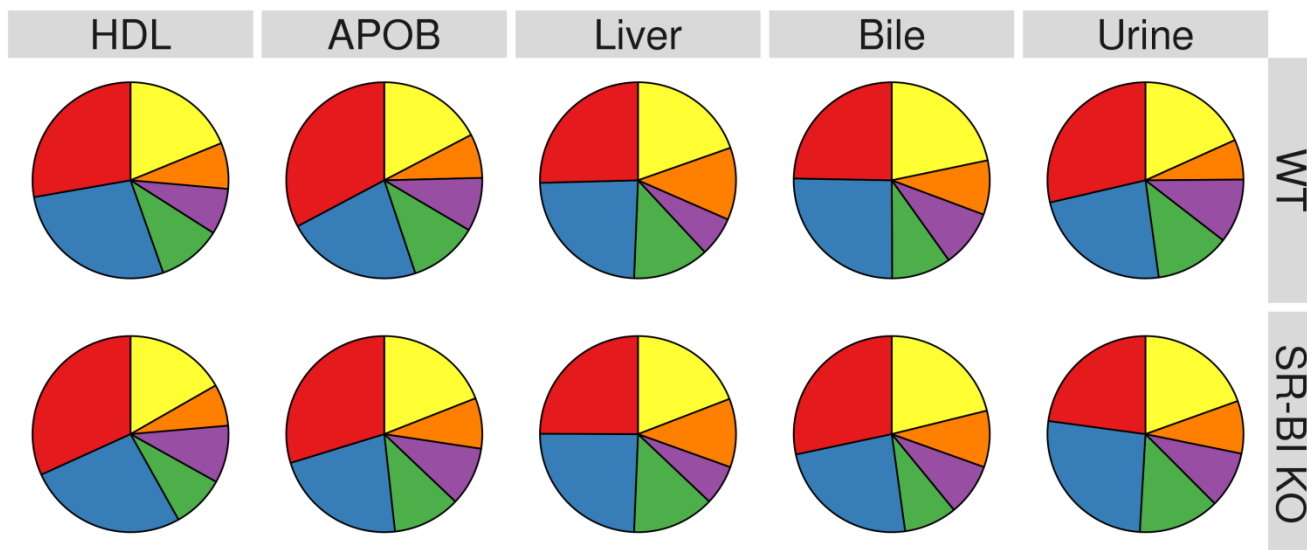


Figure 6-Figure Supplement 4. Lipoproteins transport non-host fungal sRNAs. WT, wild-type mice; SR-BI KO, Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1*^{-/-}). **(A)** Stacked bar plots of non-host sRNAs aligned to fungal genomes, as reported as mapped reads per million total reads. **(B)** Pie charts illustrating the distribution of genome counts per total fungal reads. HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7, APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

Fungal sRNAs

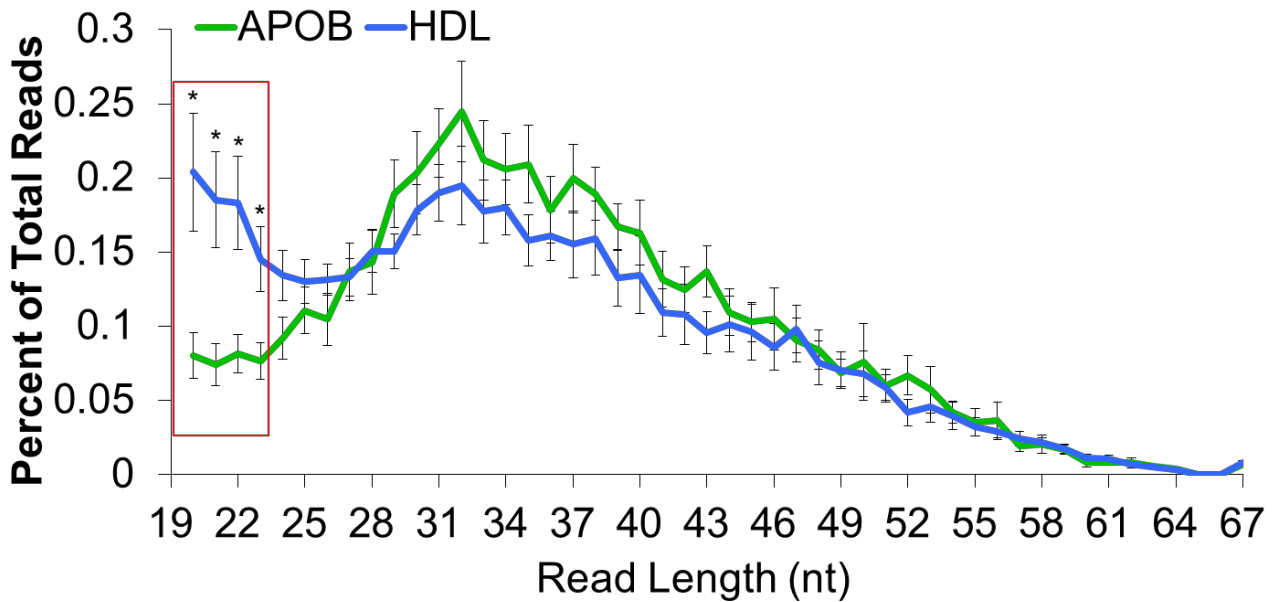


Figure 6-Figure Supplement 5. HDL transport short fungal sRNAs. Distribution of read lengths, as reported as percent of total reads, for non-host fungal sRNAs. Two-tailed Student's t-tests. * $p < 0.05$. HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7; APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

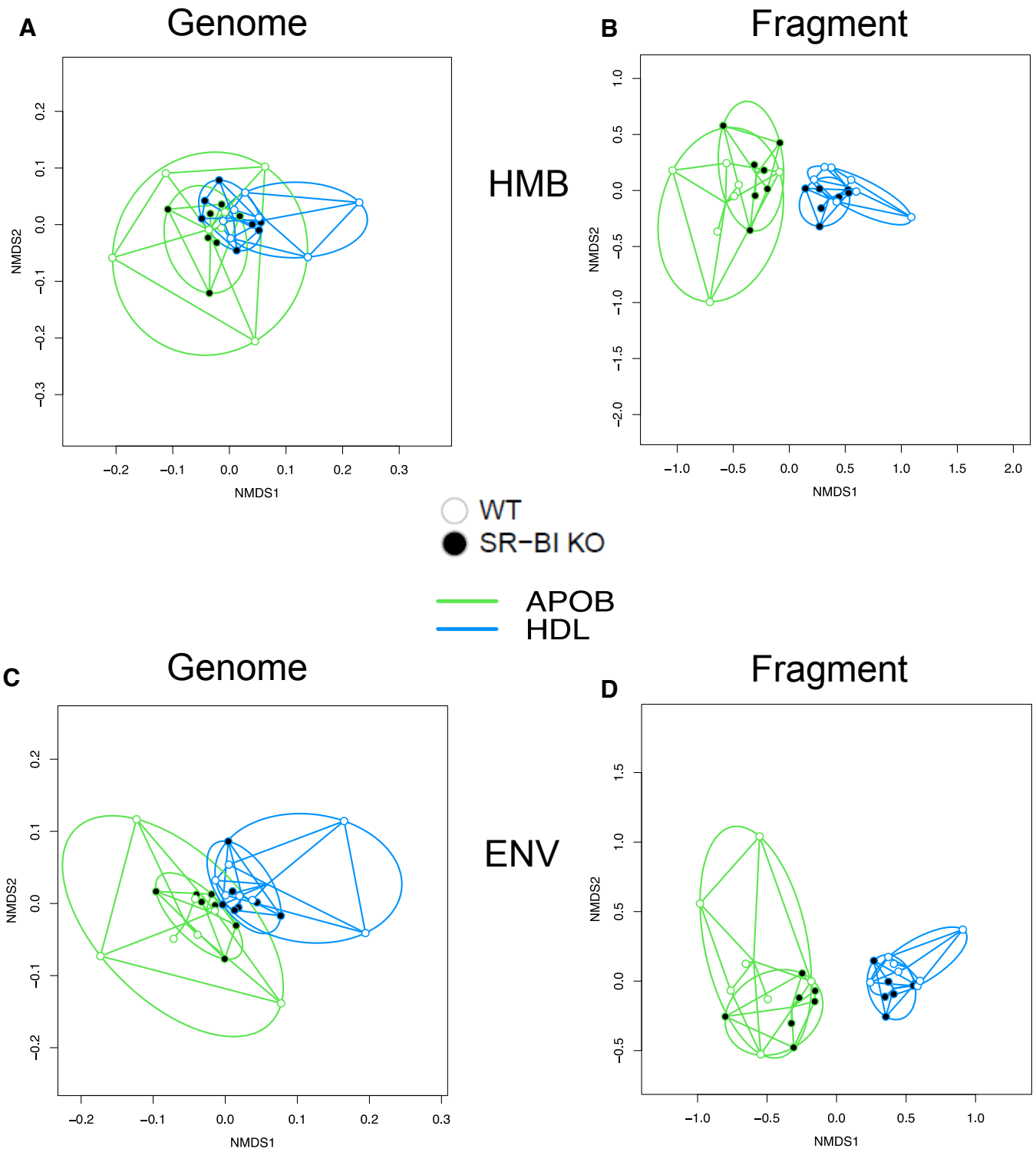
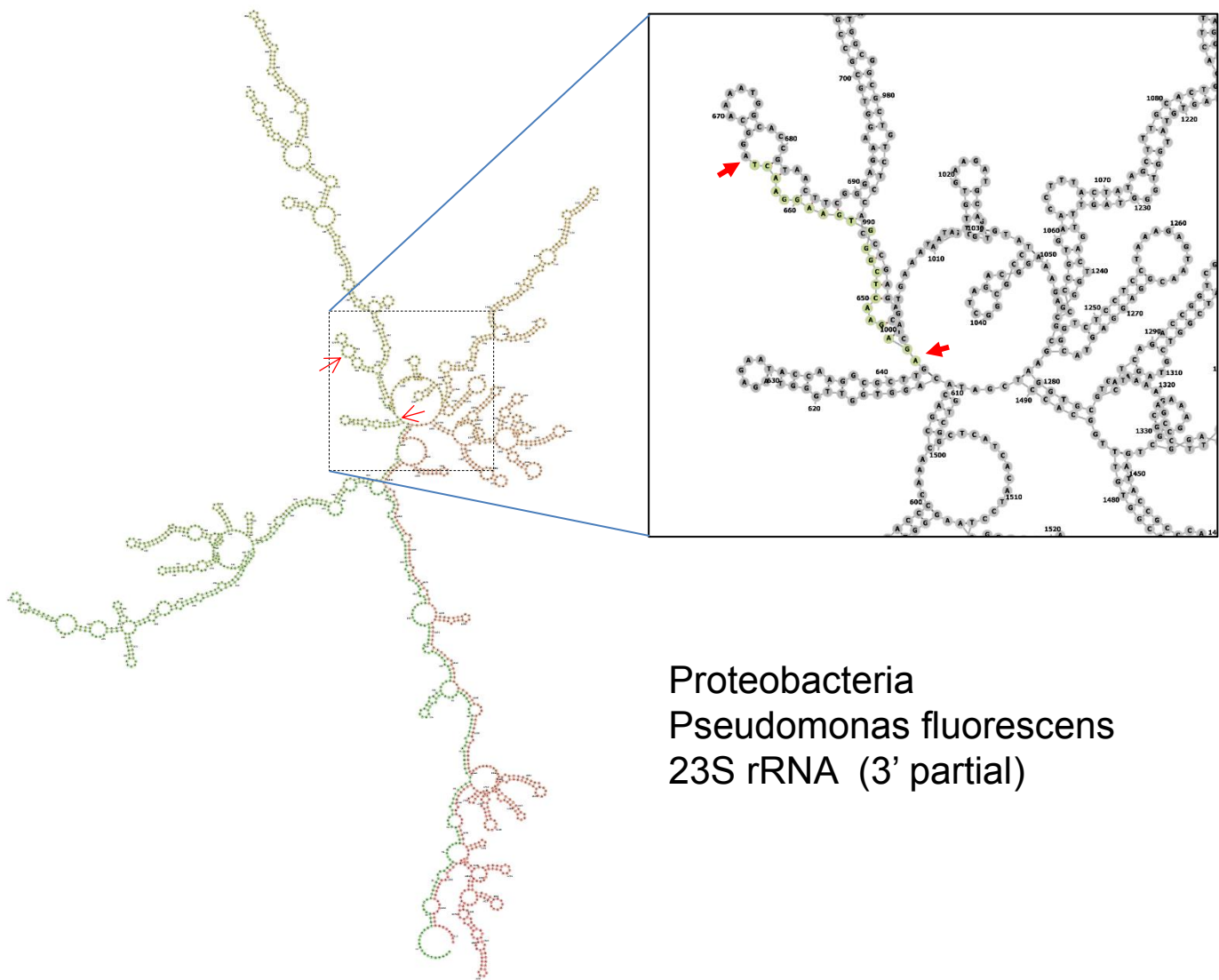


Figure 6-Figure Supplement 6. HDL and APOB sRNA profiles are distinct. (A-D) Principal Coordinate Analysis (PCoA) of non-host bacterial sRNA profiles based on **(A)** genome counts for species in the human microbiome project (HMB), **(B)** individual fragment counts for HMB, **(C)** genome counts for species in the environment (ENV), **(D)** individual fragment counts for ENV. NMDS1, Non-metric multidimensional scaling. WT (empty circles), wild-type mice; SR-BI KO (filled circles), Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1*^{-/-}). HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7, APOB SR-BI KO N=7.



Proteobacteria
Pseudomonas fluorescens
23S rRNA (3' partial)

Figure 6-Figure Supplement 7. Alignment of candidate (bacterial) sRNA to *Pseudomonas fluorescens* 23S rRNA.

Proteobacteria
Janthinobacterium lividum
23S rRNA (3' partial)

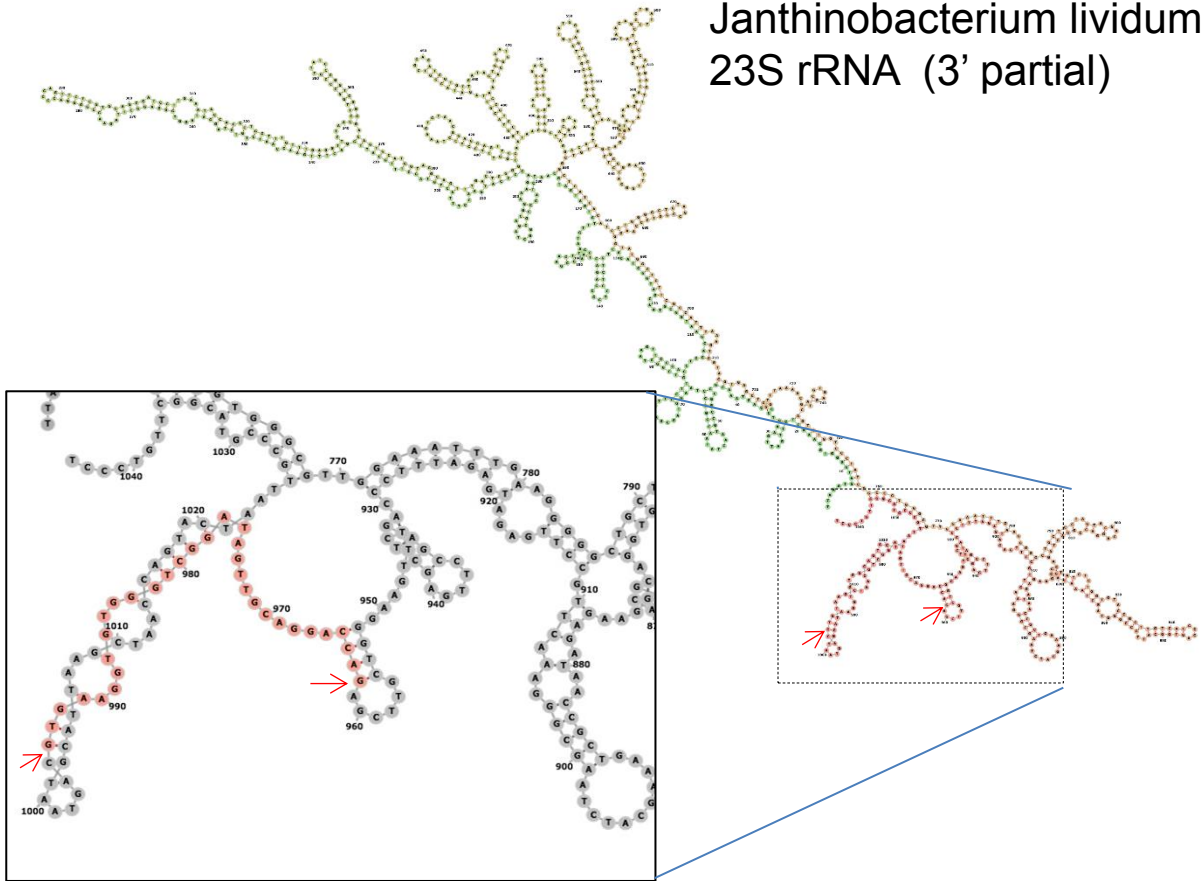


Figure 6-Figure Supplement 8. Alignment of candidate (bacterial) sRNA to *Janthinobacterium lividum* 23S rRNA.

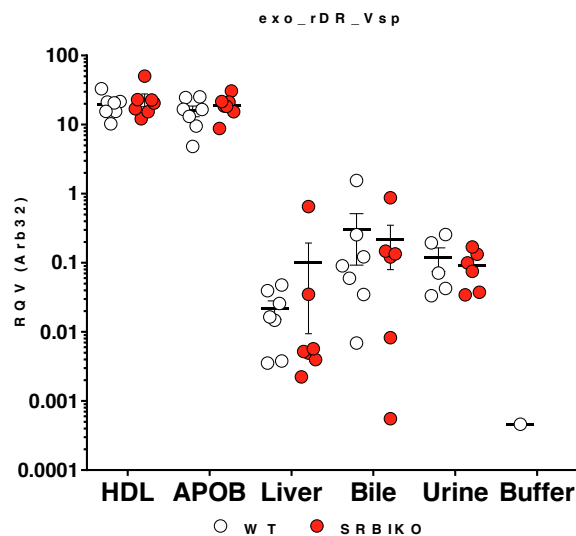
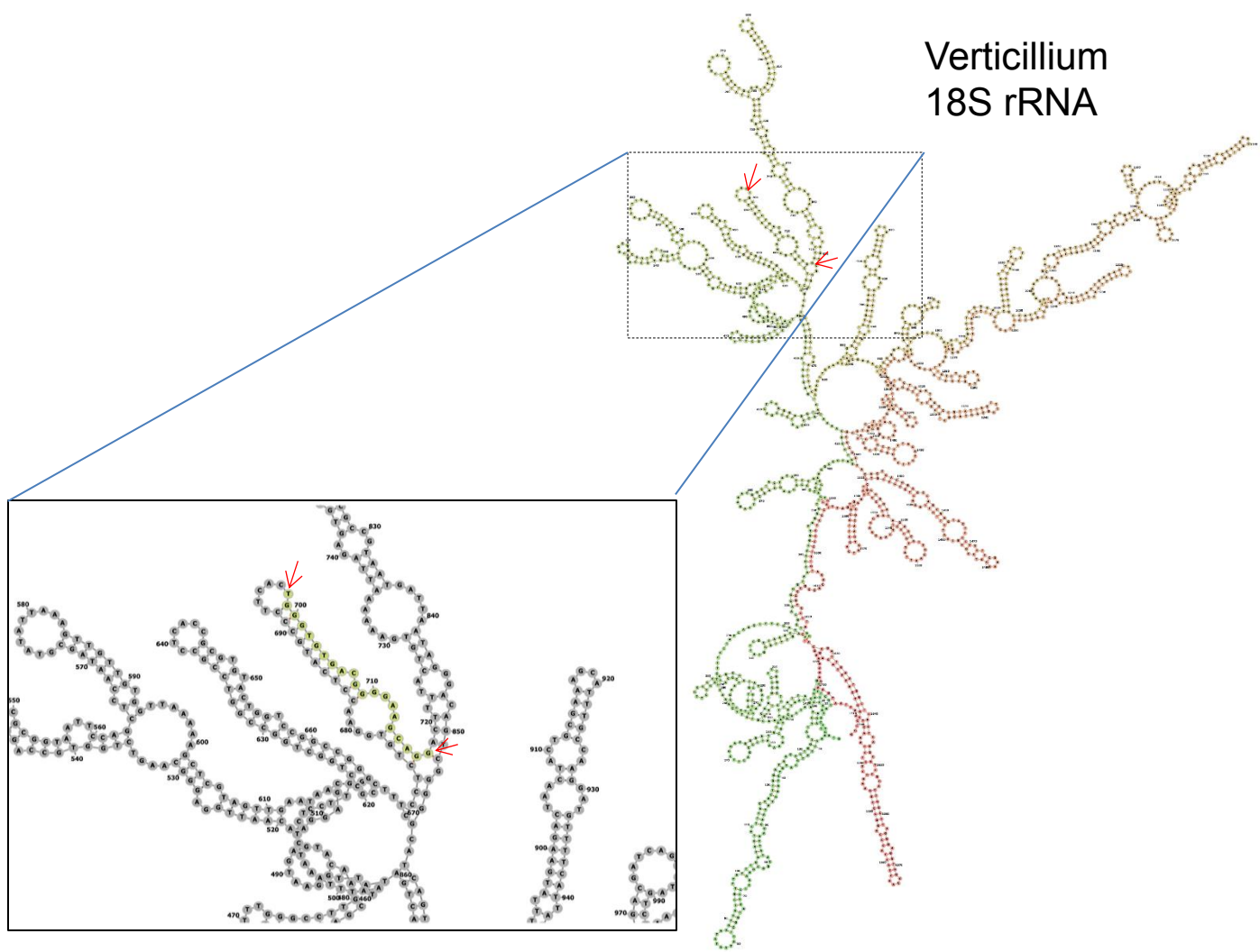


Figure 6-Figure Supplement 9. HDL and APOB particles transport a non-host fungal sRNA.

Alignment of candidate (fungal) sRNA to Verticillium 18S rRNA. Real-time PCR analysis of candidate non-host fungal sRNA for exogenous rDR Verticillium (exo_rDR_Vsp). WT (white circles), wild-type mice; SR-BI KO (red circles), Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1*^{-/-}). HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7, APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

Figure 6-Source Data 3. Fungi genome counts (RPM).

Name	APOB_SRBKO	APOB_WT	Bile_SRBKO	Bile_WT	HDL_SRBKO	HDL_WT	Liver_SRBKO	Liver_WT	Urine_SRBKO	Urine_WT
Fusarium oxysporum	15697.31	13445.86	1985.14	484.95	15232.19	12801.52	55.62	64.89	625.11	2035.88
Histoplasma capsulatum	11619.72	8980.51	1758.06	462.04	11951.41	12543.87	55.50	62.33	666.78	1353.75
Cryptococcus neoformans	6092.29	4555.52	715.64	189.93	4101.03	4807.55	31.26	32.02	411.08	890.61
Aspergillus niger	4590.69	2946.05	655.30	163.19	3249.87	3510.84	24.91	31.29	219.94	428.96
Saccharomyces cerevisiae	5242.12	3677.24	703.68	182.38	4508.99	3477.47	15.09	17.24	236.91	657.88
Candida albicans	4112.73	2637.75	560.19	138.97	2775.14	3253.02	17.48	21.20	162.02	378.08
Candida glabrata	4061.29	2621.49	480.75	119.12	2970.40	2787.33	11.13	12.13	156.30	365.26
Penicillium chrysogenum	2112.64	1827.06	500.09	146.18	2069.63	2620.23	14.77	18.36	175.03	283.32

Figure 6-Source Data 4. Multivariate analysis of non-host sRNA profiles (WT only).

Comparison	Class	Level	Dispersion_Fvalue	Dispersion_pvalue	Permanova_Fvalue	Permanova_pvalue
APOB vs HDL	Microbiome	Parent	62.30	1.18E-15	0.46	7.49E-01
APOB vs HDL	Environment	Parent	59.02	3.68E-15	0.37	7.87E-01
APOB vs HDL	Fungi	Parent	54.10	2.11E-14	0.09	9.78E-01
APOB vs HDL	Microbiome	fragment	27.46	2.66E-09	1.52	9.40E-02
APOB vs HDL	Environment	fragment	32.39	2.11E-10	1.70	4.80E-02
APOB vs HDL	Fungi	fragment	30.00	7.03E-10	1.42	1.10E-01

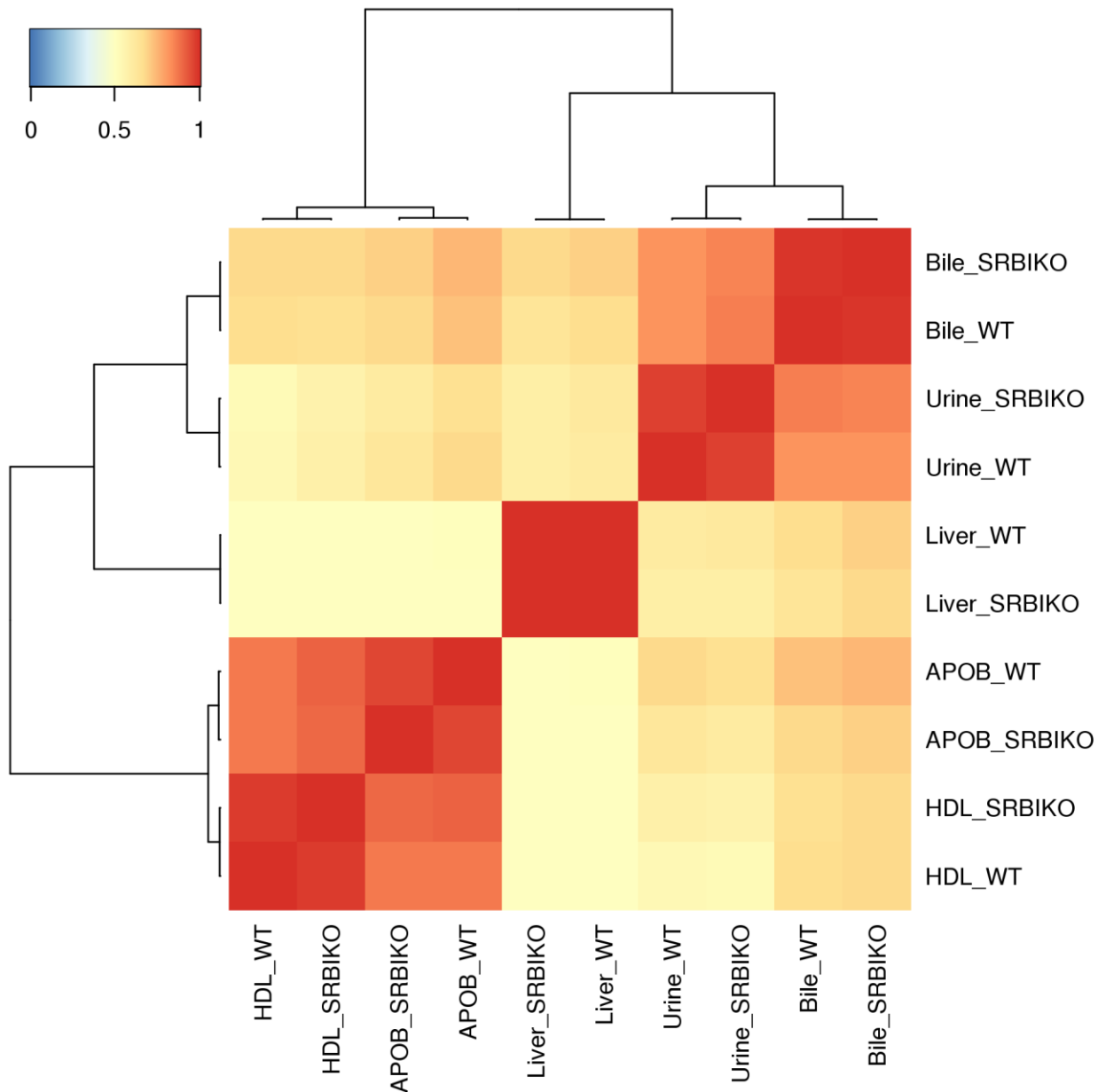


Figure 7-Figure Supplement 1. Correlation of sample types based on the most abundant sRNAs. Heatmap of hierarchical clustered pairwise correlation (Spearman, R) coefficients between group means for the top ranked (collective top 100 non-redundant) sRNAs for each group. WT, wild-type mice; SR-BI KO, Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1^{-/-}*). HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7, APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

Figure 7-Source Data 1. Multivariate analysis of class-independent sRNA profiles compared to liver .

Group	Class_level	Comparison	Dispersion_Fvalue	Dispersion_pvalue	Permanova_Fvalue	Permanova_pvalue
APOB	Independent	APOB vs. Liver	16.83	1.47E-03	19.56	2.00E-03
Bile	Independent	Bile vs. Liver	2.76	1.22E-01	49.74	3.00E-03
HDL	Independent	HDL vs. Liver	80.90	1.11E-06	15.71	1.00E-03
Urine	Independent	Urine vs. Liver	7.02	2.44E-02	22.07	2.00E-03
APOB	Independent	APOB vs Bile	4.19	6.31E-02	10.08	2.00E-03
APOB	Independent	APOB vs HDL	0.92	3.58E-01	2.62	2.00E-03
APOB	Independent	APOB vs Urine	0.06	8.16E-01	5.83	2.00E-03
Bile	Independent	Bile vs HDL	14.51	2.49E-03	11.18	1.00E-03
Bile	Independent	Bile vs Urine	1.75	2.16E-01	8.01	2.00E-03

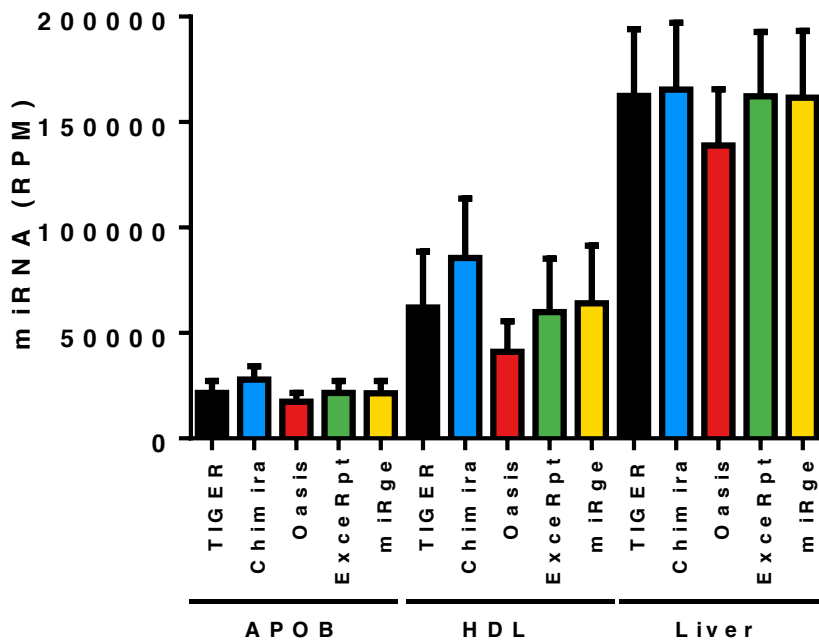
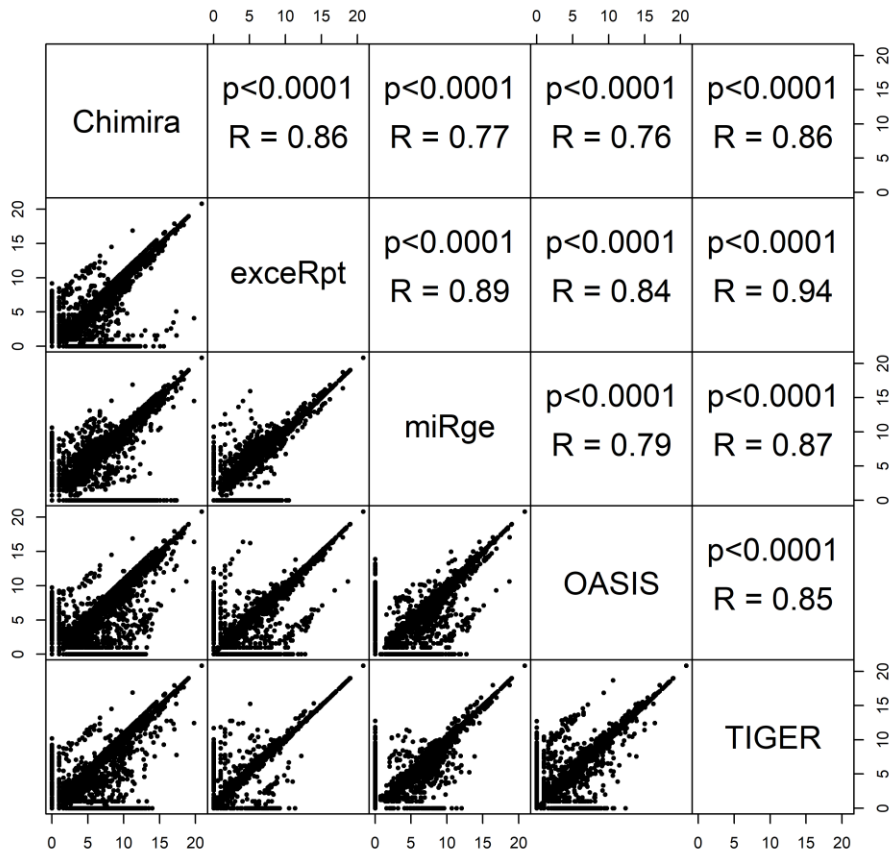
A**B**

Figure 8-Figure Supplement 1. TIGER pipeline comparison for canonical miRNA analysis. (A) sRNA-seq analysis of canonical miRNAs for different pipelines, as reported as miRNAs Reads Per Million (RPM) total reads, for WT HDL, APOB, and liver samples. **(B)** Correlations between different analysis pipelines for canonical miRNAs in WT HDL, APOB, and liver samples. Spearman correlation. HDL WT, N=7; APOB WT, N=7, Liver WT, N=7.

Figure 8-Source Data 1. TIGER comparisons to other pipelines

Feature	TIGER	Chimira	Oasis	ExceRpt	miRge
Web frontend	N	Y	Y	Y	N
Alignment tool	Bowtie	BLASTn	STAR	Bowtie	Bowtie
Alignment Strategy	ome/Data	Database	Database	Genome/Database	Database
Host miRNAs	Y	Y	Y	Y	Y
Novel miRNAs	N	N	Y	N	N
isomiRs	Y	Y	N	N	Y
NTAs	Y	Y	N	N	Y
miRNA SNPs and Editing	N	Y	N	N	Y
Non-host miRNAs	Y	N	Y	Y	Y
tDR	Y	N	N	Y	Y
lncDR	Y	N	N	Y	Y
snoDR	Y	N	Y	Y	Y
snDR	Y	N	Y	Y	Y
miscRNA	Y	N	N	Y	Y
piRNA	N	N	Y	Y	N
rDR	Y	N	Y	Y	Y
circRNA	N	N	N	Y	N
Bacteria	Y	N	Y	Y	N
Archaea	N	N	Y	Y	N
Virus	N	N	Y	Y	N
Fungi	Y	N	N	Y	N
Non-host tDR	Y	N	N	N	N
Non-host rDR	Y	N	N	Y	N
Normalization	DESeq2	DEseq2	DESeq2	N	RPMmicrona
DE	DEseq2	DEseq2	DESeq2	N	N
DE 2 groups	Y	Y	N	N	N
DE Multivariate	N	N	Y	N	N
Classification	N	N	Y	N	N
GO	N	N	N	N	N
Pathway	N	N	N	N	N
Data Vizualization	Y	Y	Y	Y	Y
batch	Y	Y	Y	Y	Y

Figure 8-Source Data 2. TIGER summary output table

	APOB_SRBICO	APOB_WT	Bile_SRBICO	Bile_WT	HDL_SRBICO	HDL_WT	Liver_SRBICO	Liver_WT	Urine_SRBICO	Urine_WT
Total Reads	10196709.57	10426434.00	12611515.50	14416869.43	11002029.43	11839204.29	7838441.86	9019201.29	41206902.67	13495370.20
Total Host	2003891.42	2671368.58	9685697.66	12028412.90	2550703.46	2896888.46	6857275.57	7841642.73	33782075.02	10371862.86
Total Non-Host	3713751.43	3630707.71	614156.00	244993.57	3757938.29	3856228.71	26809.14	39649.00	1060624.00	803242.20
Too Short	349226.43	185342.29	516190.00	405730.86	993402.29	1714684.14	33616.14	46629.57	1227994.33	333724.00
Unmapped	4129840.29	3939015.43	1795471.83	1737732.14	3699985.43	3371403.00	920741.00	1091280.00	5136209.33	1986541.20
Total Assigned	6066869.28	6487418.58	10816043.66	12679137.33	7302044.03	8467801.32	6917700.86	7927921.30	36070693.35	11508829.06
%assigned	0.5950	0.6222	0.8576	0.8795	0.6637	0.7152	0.8825	0.8790	0.8754	0.8528
	Host									
Host Total sRNA	1914365.56	2567869.58	9142975.49	11749523.62	2340102.46	2599891.46	6338489.14	7151785.44	33549187.02	10208411.06
Host_genome_miRNAs	351802.34	238748.81	721278.22	818896.40	592698.41	953958.69	1094634.13	1604115.51	421902.32	103311.80
Host_genome_rDRs	667283.73	797402.51	1064988.10	1238583.41	1005522.01	990735.86	3475737.93	3947849.40	7595901.73	2628239.78
Host_genome_snoDRs	13087.47	22021.84	35746.53	24456.91	20199.77	15443.81	1483539.89	1113488.01	55134.10	60582.94
Host_genome_snDRs	26653.61	25355.51	65127.00	66221.54	124622.37	107456.56	13723.73	22817.17	22426.18	20723.36
Host_genome_tDRs	810224.36	1455182.47	7212599.28	9563855.07	567157.56	486575.10	235225.47	402458.97	25360776.53	7343478.26
Host_genome_lincDRs	4192.43	7784.57	15092.00	11871.14	5238.71	9543.43	3963.43	5166.43	43599.17	12545.40
Host_genome_yDRs	5947.14	5402.00	10053.67	11279.57	10069.71	7292.29	2582.00	4789.57	36221.33	30091.40
Host_genome_misc_RNA	35174.86	15971.86	18090.33	14360.29	14593.00	28885.29	29082.57	51100.00	13224.83	9438.40
Host_genome_non-sRNA	89525.86	103499.00	542722.17	278889.29	210601.00	296997.00	518786.43	689857.29	232888.00	163451.80
	Non-Host									
Non-Host_Genome Total										
Bacteria_HMB	941383.69	1148866.43	135118.65	47241.43	1241479.42	1272444.32	2071.43	2521.45	206615.46	202763.60
Bacteria_ENV	845390.42	1010546.86	107792.36	38850.68	1228060.12	1359575.02	1299.42	1622.86	159180.67	164687.40
Fungus	542475.86	422503.86	78347.00	25885.57	516255.72	530335.14	1686.72	2375.29	83798.34	74262.19
Non-Host_Library Total										
Non_Host_genome_xenomiRs	574.86	279.14	1524.83	916.57	767.43	1135.29	43.86	64.14	201.67	86.20
Non_Host_genome_rDRs	2577912.00	2441756.15	458196.00	185914.86	2364865.00	2361221.00	23720.01	35672.72	832834.67	611805.40
Non_Host_genome_tDRs	189318.57	279545.43	35602.67	16303.14	278360.86	307671.71	634.14	886.14	59774.00	45919.59

Figure 8-Source Data 3. Comparisons to other

Feature	APOB					HDL					Liver				
	Chimira	Excerptr	miRge	Tiger	Oasis	Chimera	Excerptr	miRge	Tiger	Oasis	Chimera	Excerptr	miRge	Tiger	Oasis
Total Reads	10426434.00	10426434.00	10426434.00	10426434.00	10968327.86	11839204.29	11839204.29	11839204.29	11839204.29	15418341.00	9019201.29	9019201.29	9019201.29	9019201.29	10019001.71
Host Reads	NA	2107747.14	NA	2671368.57	227035.29	NA	2122452.29	NA	2896888.43	992068.71	NA	4205631.57	NA	7841642.71	1596410.14
Host smallRNA reads	NA	NA	NA	2567869.57	NA	NA	NA	NA	2599891.43	NA	NA	NA	NA	7151785.43	NA
miRNA total reads	311143.29	238433.51	237243.86	238748.86	203566.14	1210229.43	919625.98	987899.29	953958.71	826859.00	1631118.71	1597330.10	1596855.29	1604115.57	1514686.29
miRNA > 10RPM	106.29	88.14	87.86	91.57	89.14	163.71	133.29	149.71	139.00	135.00	178.57	159.57	163.86	163.14	150.14
miRNA > 100RPMM	138.71	120.00	112.29	124.00	168.57	179.43	158.29	162.00	162.86	249.86	154.29	139.00	142.71	143.71	355.57
miR-22-3p RPM	43.11	42.52	43.09	43.11	41.40	276.24	264.33	276.97	271.74	207.36	328.99	307.15	318.58	317.81	279.86
miR-22-3p RPMM	1043.15	1339.40	1359.56	1350.37	42408.36	3070.00	3877.86	3912.65	3854.52	93608.02	2197.62	2061.37	2179.87	2163.78	58113.52
miR-92a-3p RPM	1345.89	1291.03	1348.61	1317.49	1236.91	2979.72	2874.46	3032.06	2939.68	2284.63	1864.67	1777.16	1773.96	1818.32	1474.35
miR-92a-3p RPMM	44542.21	55360.51	59004.65	57211.06	1229114.81	43031.09	56916.75	56626.52	55908.95	1059615.05	11493.81	11117.11	11211.06	11394.13	341504.14
lncDR total reads	NA	3902.90	NA	7784.57	NA	NA	8537.44	NA	9543.43	NA	NA	13335.29	NA	5166.43	NA
snoDR total reads	NA	16173.78	NA	22021.71	870.29	NA	11267.87	NA	15443.86	5718.57	NA	602487.35	NA	1113487.71	3194.14
snDR total reads	NA	25489.81	NA	25355.57	1017.86	NA	106257.72	NA	107456.71	8121.00	NA	21608.42	NA	22817.43	421.29
snDR > 100 RPMsnDR	NA	NA	NA	53.71	NA	NA	NA	NA	58.86	NA	NA	NA	NA	96.43	NA
tDR total reads	NA	1621821.29	NA	1455182.43	NA	NA	535736.00	NA	486575.00	NA	NA	517326.14	NA	402458.86	NA
tDR > 100 RPMtDR	NA	11.86	NA	18.57	NA	NA	17.00	NA	33.86	NA	NA	22.00	NA	41.71	NA
rDR total reads	NA	1026293.14	NA	797402.57	531.86	NA	1394877.86	NA	990736.14	3347.86	NA	4365498.71	NA	3947849.86	994.14
rDR > 100 RPMrDR	NA	NA	NA	17.43	NA	NA	NA	NA	18.71	NA	NA	NA	NA	13.43	NA
piRNA total reads	NA	2281.14	NA	NA	10572.86	NA	5655.00	NA	NA	65242.43	NA	40670.86	NA	NA	7888.57
misc_RNA total reads	NA	20073.65	NA	15971.86	NA	NA	23336.43	NA	28885.29	NA	NA	33462.51	NA	51100.00	NA
other ncRNA total reads	NA	NA	1117470.71	NA	NA	NA	NA	2162839.43	NA	NA	NA	NA	5609577.14	NA	NA
mRNA total reads	NA	NA	14140.71	NA	NA	NA	NA	76421.29	NA	NA	NA	NA	150147.71	NA	NA
Nonhost reads	NA	NA	NA	3630707.71	NA	NA	NA	NA	3856228.71	NA	NA	NA	NA	39649.00	NA
% assigned	0.03	0.21	0.13	0.60	0.02	0.09	0.17	0.24	0.57	0.05	0.16	0.46	0.81	0.87	0.15

\log_{10} Base Mean • 2 • 4 • 6

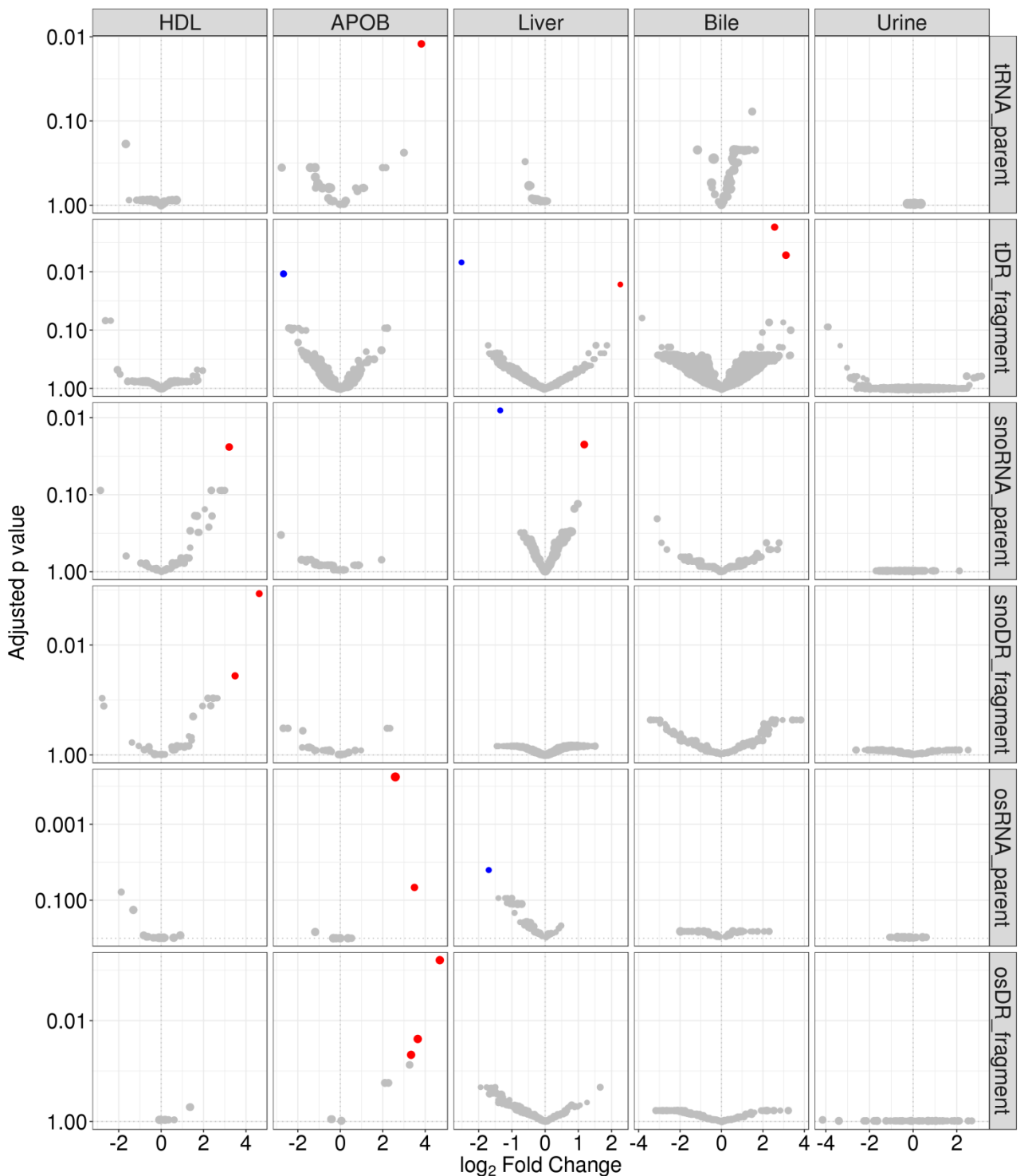


Figure 9-Figure Supplement 1. SR-BI does not regulate lipoprotein tDRs or snoDRs. Differential expression analysis by DESeq2. Volcano plots of demonstrating significant (adjusted $p > 0.05$) differential (> 1.5 -absolute fold change) abundances for tDR, snoDRs, and other sRNAs (osDRs a.k.a. miscellaneous RNAs) at the parent and individual fragment levels - red, increased; blue, decreased. WT, wild-type mice; SR-BI KO, Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1*^{-/-}). HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7, APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

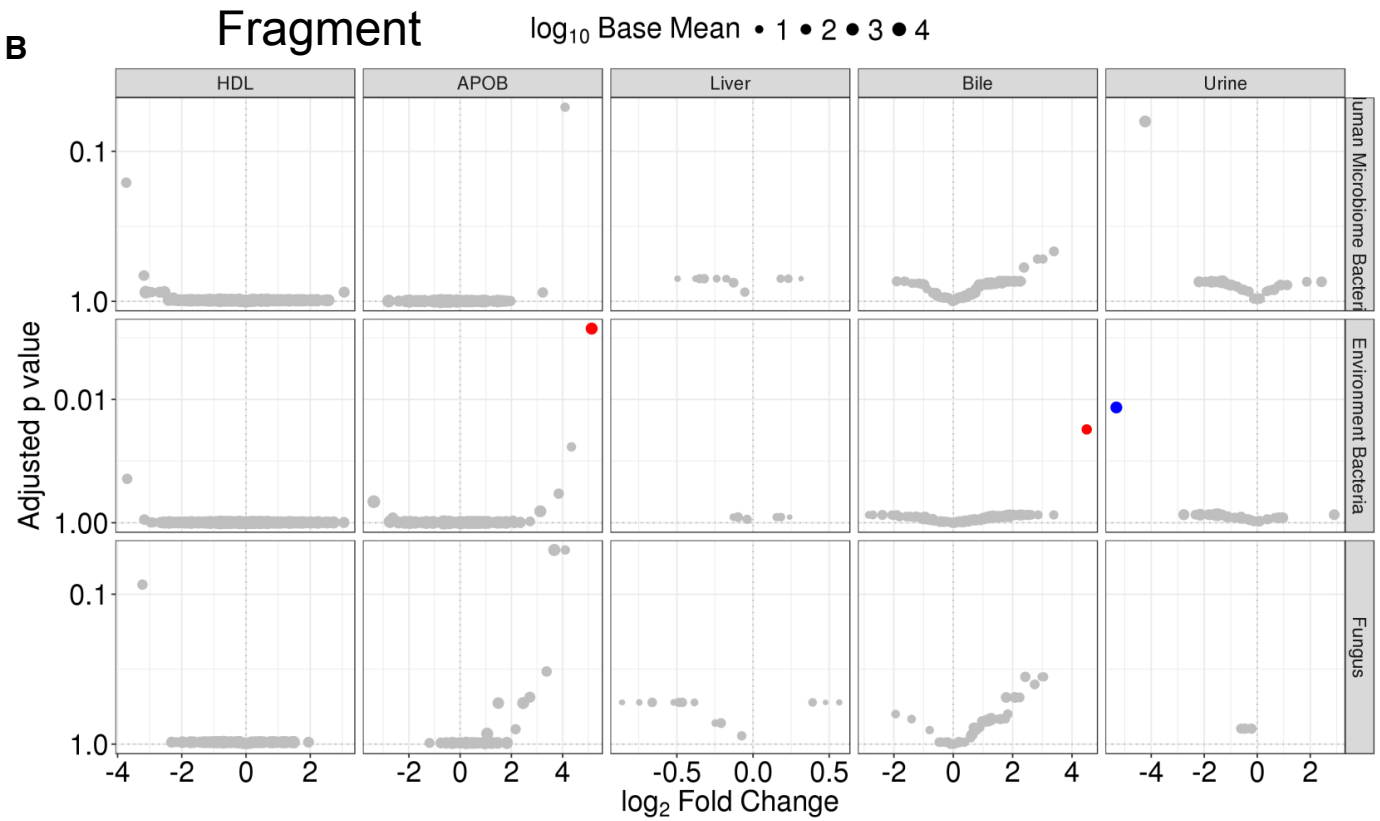
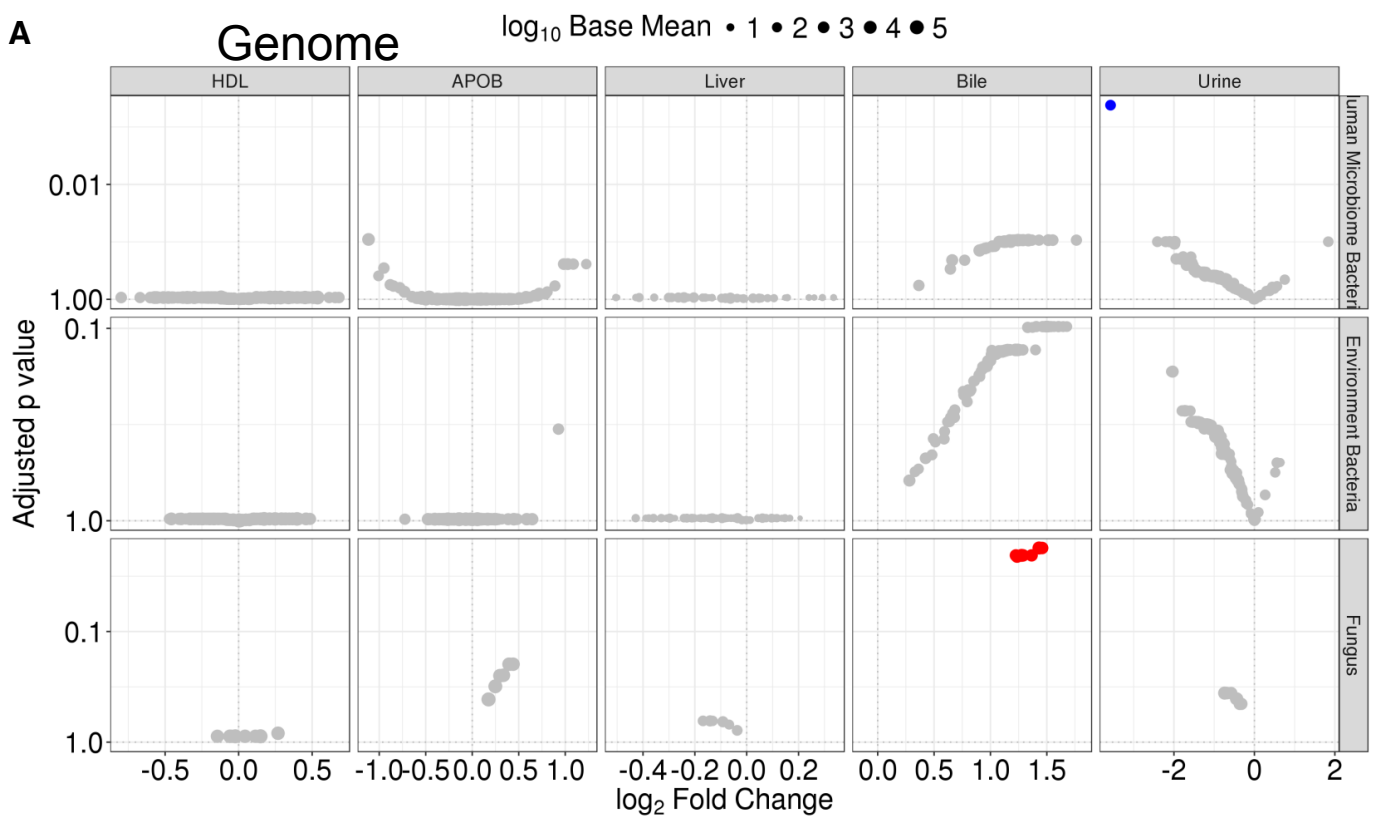


Figure 9-Figure Supplement 2. SR-BI regulates fungal sRNAs in bile. Differential expression analysis by DESeq2. Volcano plots demonstrating significant (adjusted $p > 0.05$) differential (> 1.5 -absolute fold change) abundances for non-host bacterial and fungal sRNAs at the (A) genome and (B) individual fragment levels - red, increased; blue, decreased. WT, wild-type mice; SR-BI KO, Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1*^{-/-}). HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7; APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

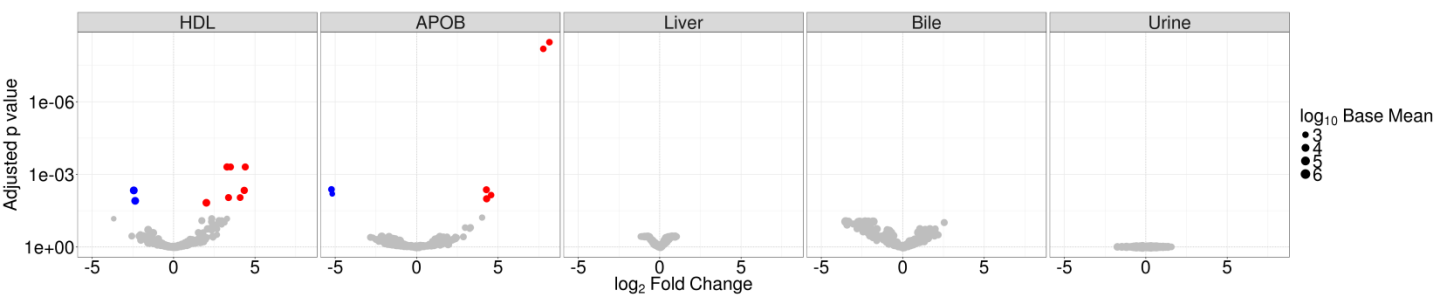


Figure 9-Figure Supplement 3. SR-BI regulates the top most abundant sRNAs on lipoproteins. Differential expression analysis by DESeq2. Volcano plots of demonstrating significant (adjusted $p > 0.05$) differential (>1.5 -absolute fold change) abundances for the top most abundant (collective top 100 non-redundant) sRNAs at the independent of class and contributing species between wild-type (WT) and Scavenger receptor BI Knockout mice (*Scarb1*^{-/-}) (SR-BI KO) mice - red, increased; blue, decreased. HDL WT, N=7; HDL SR-BI KO N=7; APOB WT, N=7, APOB SR-BI KO N=7; Liver WT, N=7; Liver SR-BI KO, N=7; Bile WT, N=7; Bile SR-BI KO, N=6; Urine WT, N=5; Urine SR-BI KO, N=6.

Figure 9-Source Data 1. DEseq2 comparison of sRNA changes at the parent level in SR-BI KO vs. WT mice

Group	Class	Gene	FoldChange	pvalue	padj	ENSEMBL
APOB	osRNA	misc_RNA:Vaultrc5	6.02	5.18E-06	5.70E-05	ENSMUSG00000065145.1
APOB	osRNA	lincRNA:Malat1	11.25	8.39E-03	4.61E-02	ENSMUSG00000092341.2
APOB	tDR	AsnGTT	14.09	3.92E-04	1.22E-02	
Bile	snDR	Gm24621	4.95	4.04E-04	2.99E-02	ENSMUSG00000064613.1
HDL	miRNA	mmu-miR-143-3p	0.20	2.60E-06	4.26E-04	
HDL	snDR	Gm25587	3.54	9.03E-04	2.92E-02	ENSMUSG00000064432.1
HDL	snDR	Gm22866	3.81	9.28E-04	2.92E-02	ENSMUSG00000065881.1
HDL	snoDR	Snord22	9.23	3.53E-04	2.40E-02	ENSMUSG00000065087.1
Liver	osRNA	lincRNA:Gm26904	0.31	3.04E-04	1.61E-02	ENSMUSG00000097560.1
Liver	snDR	Gm23686	0.43	4.33E-04	2.38E-02	ENSMUSG00000096391.1
Liver	snoDR	Gm22270	0.39	2.71E-05	8.04E-03	ENSMUSG00000077222.1
Liver	snoDR	Snord64	2.26	1.50E-04	2.23E-02	ENSMUSG00000077191.1
Urine	rDR	n-R5s2	0.19	8.88E-04	3.28E-02	ENSMUSG00000075918.1

Figure 9-Source Data 2. DEseq2 comparison of sRNA changes at the fragment level in SR-BI KO vs. WT mice

Group	Class	Sequence	Length	FoldChange	pvalue	padj
HDL	miRNA	TGAGATGAAGCACTGTAGCTC	21	0.19	1.03E-06	4.71E-04
HDL	miRNA	AAAGCTGGGTTGAGAGGGC	19	0.05	1.38E-06	4.71E-04
HDL	miRNA	TAAGTCACTAGTGTTCCGTT	21	0.06	4.21E-06	9.62E-04
HDL	miRNA	TGAGATGAAGTACTGTAGCTC	21	0.09	1.46E-05	2.51E-03
HDL	miRNA	TGAGATGAAGCACTGTAGCTCA	22	0.12	1.90E-05	2.61E-03
HDL	miRNA	AGAGATGAAGCACTGTAGCTC	21	0.16	4.84E-05	5.53E-03
HDL	miRNA	TTGGTCCCCCTCAACCAGCT	20	0.13	7.73E-05	6.21E-03
HDL	miRNA	TCAGATGAAGCACTGTAGCTC	21	0.15	8.39E-05	6.21E-03
HDL	miRNA	TTCACAGTGGCTAAGTTCTGC	21	0.12	8.94E-05	6.21E-03
HDL	miRNA	TGAGGTAGTAGATTGTATA	19	0.08	9.06E-05	6.21E-03
HDL	miRNA	TGAGGTAGTAGTTGTGCT	19	0.08	1.19E-04	7.43E-03
HDL	miRNA	TGACATGAAGCACTGTAGCTC	21	0.19	1.85E-04	1.06E-02
HDL	miRNA	TGAGATGAAGCACTGTGGCTC	21	0.18	3.09E-04	1.63E-02
HDL	miRNA	GAGATGAAGCACTGTAGCTC	20	0.09	3.34E-04	1.63E-02
HDL	miRNA	TAGCTTATCAGACTGATGTT	20	0.14	4.05E-04	1.85E-02
HDL	miRNA	TGAGATGAAGCACTGTAGC	19	0.16	4.67E-04	1.97E-02
HDL	miRNA	TTCACAGTGGCTAAGTT	17	0.10	4.89E-04	1.97E-02
HDL	miRNA	TGAGATGAAGCACCGTAGCTC	21	0.18	7.76E-04	2.95E-02
HDL	miRNA	TTGTTCCGTTCCGCTCGCGTGA	21	0.11	9.42E-04	3.40E-02
HDL	miRNA	TGAGATGAAGCACTGTAGCTC	21	0.21	1.10E-03	3.77E-02
HDL	miRNA	TGAGATGAAGCACTGTATCTC	21	0.23	1.32E-03	4.31E-02
HDL	miRNA	GCACTGAGATGGGAGTGGTG	20	8.24	1.38E-03	4.31E-02
APOB	miRNA	AGAGGTAGTAGTTGCATA	19	9.93	2.06E-05	8.02E-03
APOB	miRNA	ATCACATTGCCAGGGATTACCA	22	9.41	1.01E-04	1.97E-02
Bile	miRNA	ATCACATTGCCAGGGATTACCA	22	0.08	1.49E-04	3.32E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACCGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	7.22	2.08E-06	3.56E-04
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	6.26	8.01E-06	6.84E-04
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGGCTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	5.70	1.70E-05	7.92E-04
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	5.21	1.85E-05	7.92E-04
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	6.75	9.59E-05	3.28E-03
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGAATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	4.21	2.12E-04	5.12E-03
HDL	snDR	ACGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	4.51	2.38E-04	5.12E-03
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCACAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	5.64	2.43E-04	5.12E-03
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	4.29	2.69E-04	5.12E-03
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGATAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	4.92	3.03E-04	5.19E-03
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGCGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	4.14	3.83E-04	5.58E-03
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	5.84	3.92E-04	5.58E-03
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGAGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	4.31	6.02E-04	7.74E-03
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	3.84	6.33E-04	7.74E-03
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	3.61	7.57E-04	8.31E-03
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACCGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	5.15	7.93E-04	8.31E-03
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGCAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	4.20	8.26E-04	8.31E-03
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	4.37	9.41E-04	8.66E-03
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	3.92	9.62E-04	8.66E-03
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	3.55	1.15E-03	9.82E-03
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	4.19	1.60E-03	1.12E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	3.76	1.61E-03	1.12E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	3.94	1.64E-03	1.12E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACCAGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	3.58	1.66E-03	1.12E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	4.00	1.66E-03	1.12E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	3.88	1.71E-03	1.12E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	57	3.12	1.80E-03	1.13E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	3.29	1.85E-03	1.13E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTAGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	3.17	1.94E-03	1.15E-02
HDL	snDR	ATAATTTGTGGTAGTGGGG	19	6.58	2.23E-03	1.26E-02
HDL	snDR	GCTGGAACCTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	4.01	2.29E-03	1.26E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	3.67	2.72E-03	1.45E-02
HDL	snDR	GNGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	4.14	3.23E-03	1.67E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	3.53	5.80E-03	2.88E-02
HDL	snDR	GCGGGAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	3.12	6.18E-03	2.88E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	3.48	6.21E-03	2.88E-02
HDL	snDR	GTGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	2.87	6.28E-03	2.88E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTATCCCCTG	59	2.71	6.46E-03	2.88E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	4.34	6.57E-03	2.88E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTACCCCCTG	59	2.96	6.75E-03	2.89E-02
HDL	snDR	GCAGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	4.32	7.32E-03	3.04E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	3.42	7.47E-03	3.04E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	2.98	8.85E-03	3.42E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCTCTCCCCTG	59	3.27	8.90E-03	3.42E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	2.78	9.00E-03	3.42E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	4.07	9.41E-03	3.50E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	2.65	1.01E-02	3.66E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	2.87	1.04E-02	3.70E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	2.63	1.19E-02	4.07E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	2.74	1.20E-02	4.07E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	58	5.57	1.21E-02	4.07E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGTCTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	2.88	1.37E-02	4.49E-02
HDL	snDR	GCGGGAAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTCGCGCTCTCCCCTG	59	2.60	1.45E-02	4.61E-02

HDL	snDR	GGGAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTAGCGCTCTCCCCTG	57	2.36	1.46E-02	4.61E-02
HDL	snDR	GCGGGAGACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTGCGCTCTCCCCTG	59	2.61	1.54E-02	4.79E-02
HDL	snDR	GCGGGAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGAGGGGGACTGCGTTGCGCTCTCCCCTG	59	2.58	1.60E-02	4.85E-02
HDL	snDR	GCGGGAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTGCGCTCTCCCCTG	59	2.72	1.62E-02	4.85E-02
APOB	snDR	AGTCGGCATTGGCAATTTTGACAGTCTCTACGGAGACTG	40	28.09	2.59E-03	2.85E-02
Liver	snDR	AGTGGGGACTGCGTTGCGCTCTCCCCTG	30	0.11	1.38E-05	4.16E-03
Liver	snDR	TTTTTGAGGCCTTGCTTGACAAGGCT	27	0.13	6.82E-05	1.03E-02
Liver	snDR	AATTTTTGAGGCCTTGCTTGACAAGGCT	30	0.17	2.48E-04	2.00E-02
Liver	snDR	AATTTTTGAGGTCCTGCTCGTGCAAGGCT	30	0.17	3.01E-04	2.00E-02
Liver	snDR	CAATTTTTGAGGCCTTGCTTGACAAGGCT	31	0.16	3.72E-04	2.00E-02
Liver	snDR	CAATTTTTGAGGTCCTGCTCGTGCAAGGCT	31	0.19	4.34E-04	2.00E-02
Liver	snDR	TTTTTGAGGTCCTGCTCGTGCAAGGCT	27	0.18	4.64E-04	2.00E-02
Liver	snDR	GTGGTAGTGGGGACTGCGTTGCGCTCTCCCCTG	35	0.21	7.07E-04	2.67E-02
Liver	snDR	TTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTGCGCTCTCCCCTA	37	0.22	1.08E-03	3.61E-02
Liver	snDR	GTAGTGGGGACTGCGTTGCGCTCTCCCCTG	32	0.23	1.39E-03	3.82E-02
Liver	snDR	AATTTTTGAGGCCTTGTTTCGGCAAGGCT	30	0.22	1.39E-03	3.82E-02
Liver	snDR	TTAAACCAATTTTTGAGGCCTTGTTTCGGCAAGGCT	37	0.23	1.77E-03	4.45E-02
Liver	snDR	ACCCGCCTACTTTGCGGGATGCCTGGGTACGCGATCTGCCCG	43	0.23	2.21E-03	4.84E-02
Liver	snDR	TTTTTGAGGCCTTGTTTCGGCAAGGCT	27	0.17	2.24E-03	4.84E-02
Urine	snDR	ATGCGGGAACTCGACTGCATAATTTGTGGTAGTGGGGACTGCGTTGCGCTCTCCCCTG	61	0.03	1.20E-03	2.17E-02
HDL	rDR	TCCCCGCGGGGCCCGCTCGTCCCCCGCGTCTGCCACCTCTTCCCCCCTCCT	55	12.97	1.15E-04	1.80E-02
HDL	rDR	TCCCCGCGGGGCCCGCTCGTCCCCCGCGTCTGCCACCTCTTCCCCCCTCCT	56	15.82	5.52E-04	4.34E-02
HDL	rDR	CTCGCTGCGATCTATTGAAAGTCAGCCCTCGACACAAGGGTTTGT	45	4.15	1.11E-03	4.67E-02
HDL	rDR	TCCCCGCGGGGCCCGCTCGTCCCCCGCGTCTGCCACCTCTTCCCCCCTCCT	54	8.80	1.83E-03	4.67E-02
HDL	rDR	CCCCGCGGGGCCCGCTCGTCCCCCGCGTCTGCCACCTCTTCCCCCCTCCT	53	13.05	1.86E-03	4.67E-02
HDL	rDR	GGGTCCGTGGGGTGGGGCGCGAAGCGGGCTGGGGCGCGCGCGGCT	49	10.28	1.94E-03	4.67E-02
HDL	rDR	GCCGGGGAGGTGGAGCACGAGCGTACGCGTTAGGACCCGAAAGA	44	16.14	2.29E-03	4.67E-02
HDL	rDR	CCCCGCGGGGCCCGCTCGTCCCCCGCGTCTGCCACCTCTTCCCC	47	5.48	2.38E-03	4.67E-02
APOB	rDR	GACTCTTAGCGGTGATCACTCGGCTCGTGCG	32	0.02	1.79E-05	3.47E-03
APOB	rDR	CCGCGGGGCCCGCTCGTCCCCCGCGTCTGCCACCTCT	39	47.91	2.96E-05	3.47E-03
APOB	rDR	TTCCCCGCGGGGCCCGCTCGTCCCCCGCGTCTGCCACCTCTTCTTCC	48	0.01	4.28E-05	3.47E-03
APOB	rDR	CCGCGGGGCCCGCTCGTCCCCCGCGTCTGCCACCTCTTCCCCCCT	49	30.23	7.00E-04	4.25E-02
Liver	rDR	CGCGTCTCGGGCGTGGGAAATGTGGCGTACGGAAGA	35	0.15	4.21E-06	9.74E-03
Liver	rDR	CGCGTCTCGGGCGTGGGAAATGTGGCGTACGGAAGACC	37	0.17	5.08E-06	9.74E-03
Liver	rDR	CGCGTCTCGGGCGTGGGAAATGTGGCGTACGGAAGACC	36	0.19	2.92E-05	2.20E-02
Liver	rDR	GTCCCCCGCGTCTGCCACCTCTTCCCCCCTCCTTCC	39	0.18	3.13E-05	2.20E-02
Liver	rDR	CGCGTCTCGGGCGTGGGAAATGTGGCGTACGGAAGACC	51	0.20	3.71E-05	2.20E-02
Liver	rDR	CGCGTCTCGGGCGTGGGAAATGTGGCGTACGGAAGACC	38	0.19	3.80E-05	2.20E-02
Liver	rDR	AGTCTGGCACGGTGAAGAGACATGAGAGGTGAGAATAAGTGGGAGGCC	50	0.19	4.01E-05	2.20E-02
Liver	rDR	CGCGTCTCGGGCGTGGGAAATGTGGCGTACGGAAGACC	38	0.20	5.04E-05	2.42E-02
Liver	rDR	ACCGATTGGATGGTTAGTGAGGCCTCGGATCGGCCCGCGGGGTC	48	0.20	7.09E-05	2.51E-02
Liver	rDR	TCTCTACTTGGATAACTGTGGTAATCTAGAGCTAATACATGCCGAGGGCGCTGACC	59	0.22	7.10E-05	2.51E-02
Liver	rDR	AGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATCTTGGGAGCGGGCGGGCGGTC	45	0.24	8.23E-05	2.51E-02
Liver	rDR	GGGGCCGGCGGGCGGGCGGCGACTCTGGACGCGAGCC	36	0.22	8.46E-05	2.51E-02
Liver	rDR	ACATGAGAGGTGAGAATAAGTGGGAGGCC	32	0.21	8.51E-05	2.51E-02
Liver	rDR	CGGGCGGGGGTCCAAACCCGCGGGGTTCCGGAGCGGGAGGAACCA	48	0.23	1.51E-04	4.12E-02
Liver	rDR	ACGTAGCAGAGCAGCTCCCTCGTGGATCTATTGAAAGTCAGCCCTCGACACAAGGGTTTGT	63	0.23	1.78E-04	4.54E-02
Liver	rDR	AAGGCTGGGTGGTGGGCTGGGGCGCGAAGCGGGGCT	39	0.22	2.07E-04	4.95E-02
Urine	rDR	GACTCTAGTCTGGCAGGTGAAGAGACATGAGAGGTGAGAATAAGTGGGAGGCC	56	0.02	2.49E-05	4.59E-02
Urine	rDR	GCGCCGGGAGGTGGAGCACGAGCGTACGCGTTAGGACCCGAAAGAT	47	0.02	3.32E-05	4.59E-02
APOB	tDR	TCTCTGGTGGTCTAGTGGTTAGGATTCGGCGCT	33	0.16	2.90E-05	1.09E-02
Liver	tDR	GCCTGTACGCGGGAGACCGGGTTCGATTCGCCGACGGGGAGCC	45	0.17	3.91E-06	6.92E-03
Liver	tDR	GCATTGGTAGTTCAATGGTAGAATTCTCGCCTCCACGCGGGTGACCCGGGTT	53	4.80	1.87E-05	1.66E-02
Bile	tDR	GTTTCCGTAGTGTAGTGGTTATCACGCTCGCCT	33	5.92	5.00E-07	1.72E-03
Bile	tDR	GACCTCGTGGCGCAATGGTAGCGTCTGACT	32	8.64	3.02E-06	5.22E-03
HDL	snoDR	GCCCATGATGGTATGAGAGTAGTGACAGAAGGGATTTCTGAAAAACACTTTTCTGAGG	59	24.64	2.64E-05	1.16E-03
HDL	snoDR	AGTAATGATATTTCTGGTATTCTGAGTGTCTCGCTGACGCCATCACCGAGCGGCTGACC	63	11.19	1.65E-03	3.64E-02
APOB	miscRNA	TTCGAGACCCGCGGGCGCTCCCTGGCCCTT	30	25.70	7.05E-05	6.35E-04
APOB	miscRNA	TTCGAGACCCGCGGGCGCTCCCTGGCCCTT	31	12.52	5.15E-03	2.32E-02
APOB	miscRNA	TTACCTAACCCGTGAGTGTGGTTTCGAGACCCGCGGGCGCTCCCTGGCCCTT	53	10.07	1.59E-02	4.78E-02

Figure 9-Source Data 3. Significantly altered exogenous genome counts in SR-BI KO mice compared to WT mice.

	Genome	Group	FoldChange	pvalue	padj
HMB	Streptomyces sp.	Urine	0.08	3.24E-06	4.17E-04
Fungi	Aspergillus niger	Bile	2.75	5.23E-03	1.76E-02
Fungi	Candida albicans	Bile	2.73	5.58E-03	1.76E-02
Fungi	Fusarium oxysporum	Bile	2.70	6.60E-03	1.76E-02
Fungi	Candida glabrata	Bile	2.58	1.03E-02	2.05E-02
Fungi	Histoplasma capsulatum	Bile	2.42	1.44E-02	2.05E-02
Fungi	Saccharomyces cerevisiae	Bile	2.44	1.73E-02	2.05E-02
Fungi	Penicillium chrysogenum	Bile	2.34	1.79E-02	2.05E-02
Fungi	Cryptococcus neoformans	Bile	2.36	2.10E-02	2.10E-02

Figure 9-Source Data 4. DEseq2 comparison of non-host bacterial sRNA changes in SR-BI KO vs. WT mice

Collection	Group	Sequence	Length	FoldChange	pvalue	padj
ENV	APOB	TCGACGACATCAGCTGCTCCATAAGTTCCCACAC	34	35.06	6.02E-06	7.11E-04
ENV	Bile	TTCAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCCTAGGAATCTGCCTGGTAGTGGG	58	22.55	1.44E-04	3.07E-02
ENV	Urine	GATAGTGCGGATTCCCGTGTGAAAGTAGGTCATCGTCAGGCT	42	0.03	3.55E-04	1.35E-02

