

Supplementary Table S1. The list of differentially expressed genes of interest analyzed in study. Quantitative data are presented as LogFC. All of the presented sample means were deemed to be statistically significant ($p < 0.05$).

RA						Gen e sym bol	RAA					
Microarray			RT-qPCR				Microarray			RT-qPCR		
7D	15D	30D	7D	15D	30D		7D	15D	30D	7D	15D	30D
6,25 3242	5,85 3737	5,53 6136	8,39 1706	7,43 1329	8,00 6441	ITGA 8	4,78 7222	6,30 6512	6,56 1438	3,35 0128	6,09 5644	8,22 4495
4,76 775	5,76 1723	5,91 9576	9,44 1706	10,3 1633	10,8 4144	TNC	5,98 2169	6,26 8045	5,85 3354	10,3 7513	9,41 0644	9,59 4495
5,70 7601	5,92 4523	6,04 3659	3,47 6706	4,16 6329	4,62 6441	FGF7	4,67 3334	3,99 9197	4,78 6114	3,08 5128	1,54 5644	4,53 4495
4,90 1422	5,15 2612	4,72 3275	4,28 1706	5,15 1329	4,26 6441	COL 12A 1	5,00 208	5,07 1971	4,86 3656	4,69 5128	4,28 5644	5,69 9495
2,96 9907	2,87 327	1,63 3909	1,08 6706	1,79 6329	0,43 6441	KIF2 3	4,99 3154	3,37 2186	0,12 8094	3,44 5128	1,48 5644	0,76 9495
2,85 6535	2,94 045	2,62 7044	0,67 6706	0,49 6329	0,49 6441	FLNB	2,44 8947	2,84 1917	2,47 5555	0,29 0128	0,25 0644	1,31 4495
3,34 0376	3,37 4572	2,94 8261	3,59 1706	4,60 1329	4,61 1441	COL 5A2	1,49 4016	1,97 5676	3,00 4599	1,83 0128	2,08 0644	4,30 4495
1,57 5923	2,07 2305	1,85 3256	0,74 1706	2,37 6329	0,25 1441	COL 8A1	2,45 8097	3,63 5923	4,01 7934	0,51 5128	2,07 5644	3,13 4495
3,13 1964	3,06 4496	3,31 7055	0,47 6706	0,93 6329	1,17 1441	MYO 5A	3,47 8163	3,52 8242	3,35 9156	1,62 5128	0,59 5644	0,71 4495
2,25 9761	2,56 381	2,08 2945	2,04 6706	2,52 1329	1,46 1441	TRA M1	2,55 6084	2,43 4098	2,24 4343	1,02 5128	0,87 0644	1,85 4495
2,75 3255	2,52 1996	2,19 0241	2,33 1706	2,39 1329	1,76 1441	TRA M2	2,63 0927	2,40 5767	2,59 1958	2,67 0128	1,49 5644	2,08 9495
- 7,88 478	- 7,66 408	- 7,75 335	- 6,59 329	- 5,88 867	- 8,89 856	DM D	- 7,22 937	- 7,12 063	- 7,21 656	- 5,37 487	- 8,25 436	- 6,20 05
- 6,07 981	- 5,47 965	- 6,76 34	- 8,48 829	- 7,80 867	- 10,1 786	ABLI M1	- 4,27 699	- 4,43 479	- 6,56 139	- 7,74 987	- 7,83 436	- 13,1 555
- 5,19 431	- 6,17 242	- 6,59 799	- 7,01 829	- 5,74 867	- 6,36 356	CAS Q2	- 4,33 827	- 5,71 231	- 7,09 292	- 6,80 487	- 7,40 436	- 9,95 05

-	-	-	-	-	-	<i>TMO</i> <i>D1</i>	-	-	-	-	-	-
3,25	3,03	2,13	6,92	5,33	2,85		3,61	2,99	2,43	7,85	4,65	4,67
689	953	379	329	867	856		724	637	032	487	936	05
-	-	-	-	-	-	<i>XIRP</i> <i>1</i>	-	-	-	-	-	-
2,68	2,75	2,63	8,38	6,61	6,63		2,54	3,15	3,62	4,94	6,07	6,38
465	528	948	829	867	856		262	319	817	987	936	55
-	-	-	-	-	-	<i>PHA</i> <i>CTR1</i>	-	-	-	-	-	-
2,59	3,36	3,30	6,48	6,84	5,06		6,38	6,60	5,65	5,25	5,99	4,66
72	26	264	329	367	356		54	626	683	487	436	55
-	-	-	-	-	-	<i>MAT</i> <i>N2</i>	-	-	-	-	-	-
3,43	3,42	3,80	8,67	8,44	10,5		3,47	4,50	4,39	7,41	10,1	8,13
41	236	538	329	367	136		929	319	175	487	044	05
-	-	-	-	-	-	<i>VWF</i>	-	-	-	-	-	-
2,97	2,25	3,00	6,98	5,15	6,13		3,52	2,86	3,53	6,21	5,48	3,80
284	717	174	329	367	356		197	318	66	987	936	05
-	-	-	-	-	-	<i>ITGB</i> <i>6</i>	-	-	-	-	-	-
2,51	2,31	2,34	6,90	7,68	8,15		2,95	3,04	2,75	7,36	7,23	5,45
456	502	237	829	867	856		086	253	749	987	936	05

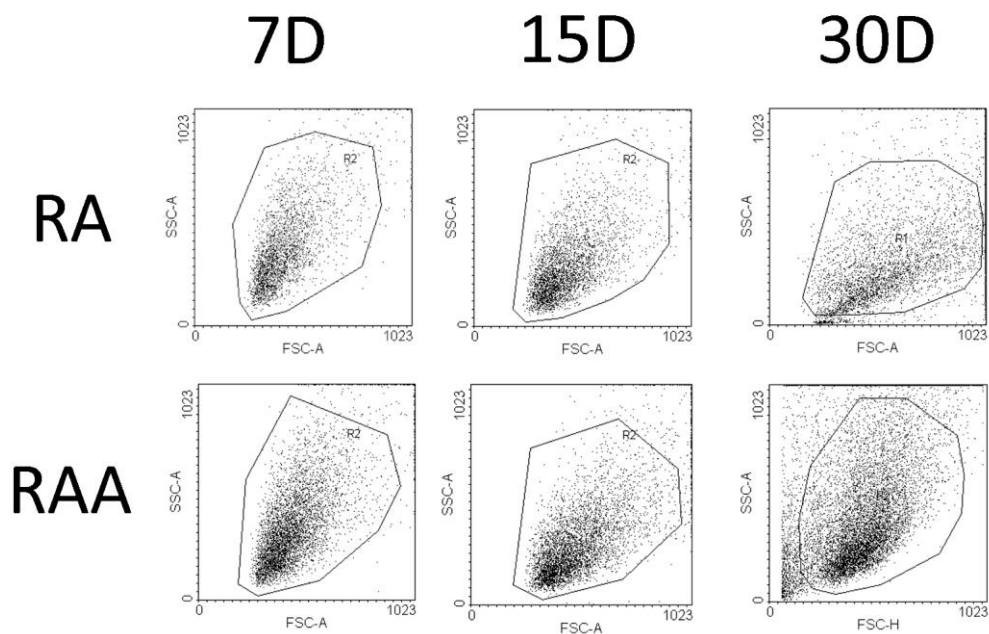


Figure S1: The flow cytometry gating strategy.

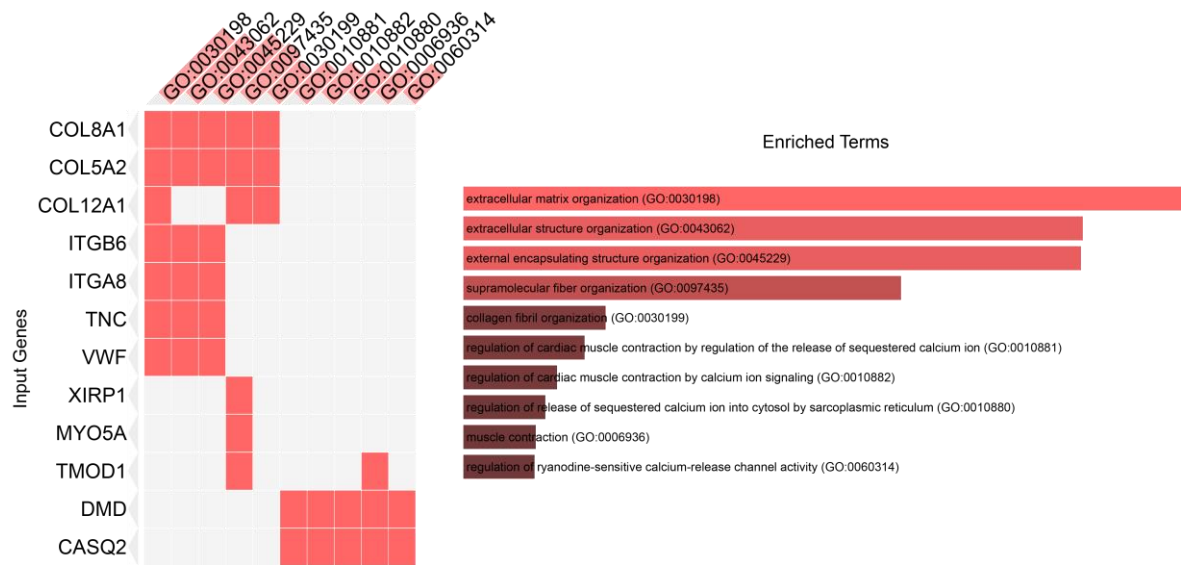


Figure S2: Enrichment analysis. In the clustergram, enriched GO terms are the columns, input genes are the rows, and cells in the matrix indicate if a gene is associated with a term.