

Table S2: Significant transcriptomic changes secondary to miR-145 transfection

Gene Symbol	Ratio (miR-145/control)	Adjusted p Value (Benjamini-Hochberg)
GRM4	0.20	<0.01
PLEKHG4B	0.21	<0.01
AKR1C4	0.32	<0.01
PODXL	0.33	<0.01
MAGEA4	0.35	<0.01
HDX	0.37	<0.01
ITGA11	0.39	<0.01
ADRA2B	0.39	<0.01
C6orf115	0.43	<0.01
CLTC-IT1	0.45	<0.01
NID2	0.48	<0.01
C5orf15	0.51	<0.01
TNAP	0.52	<0.01
OGFRL1	0.53	<0.01
FAM123C	0.53	<0.01
PLCE1	0.54	<0.01
PSAT1	0.54	<0.01
C11orf9	0.55	<0.01
PRODH	0.55	<0.01
GCSH	0.56	<0.01
C7orf69	0.56	<0.01
NDUFA4	0.56	<0.01
IL17RE	0.56	<0.01
EIF2AK1	0.57	<0.01
PEX11G	0.57	<0.01
PAFAH1B2	0.58	<0.01
FUCA2	0.58	<0.01
TERF2	0.58	<0.01
KRT15	0.58	<0.01

IFNGR2	0.60	<0.01
SCAMPER	0.60	<0.01
SERHL2	0.61	<0.01
TNFRSF10B	0.61	<0.01
FSCN1	0.61	<0.01
ERLIN1	0.61	<0.01
FER1L4	0.61	<0.01
UHMK1	0.62	<0.01
EXOC2	0.62	<0.01
GMFB	0.62	<0.01
NLRP10	0.62	<0.01
NCEH1	0.63	<0.01
APIG1	0.63	<0.01
ADPGK	0.64	<0.01
RASSF2	0.64	<0.01
GALNT1	0.64	<0.01
NRAS	0.64	<0.01
TMEM9B	0.64	<0.01
PPFIA2	0.64	<0.01
YES1	0.64	<0.01
NOL3	0.64	<0.01
SYTL1	0.64	<0.01
SEMA3A	0.64	<0.01
PSG1	0.64	<0.01
LOC728537	0.64	<0.01
TXNDC12	0.64	<0.01
LOC100288798	0.65	<0.01
DERA	0.65	<0.01
FZD6	0.65	<0.01
CHST6	0.65	<0.01
CBFB	0.65	<0.01
VAMP1	0.65	<0.01
TENC1	0.66	<0.01
KIFAP3	0.66	<0.01

CTAGE7P	0.66	<0.01
AZU1	0.66	<0.01
PRKAB1	0.66	<0.01
LPAR2	0.66	<0.01
PCSK4	0.66	<0.01
AMT	0.66	<0.01
PGD	0.66	<0.01
ADAM17	0.67	<0.01
LOC157860	0.67	<0.01
TLE2	0.67	<0.01
TNS4	1.51	<0.01
DNAJB9	1.52	<0.01
CDH10	1.54	<0.01
IL28A	1.56	<0.01
TGFBR3	1.58	<0.01
FICD	1.61	<0.01
THSD1	1.64	<0.01
GJB5	1.72	<0.01
CHST4	1.73	<0.01
CCL5	1.77	<0.01
PTX3	3.05	<0.01

