

Genes	I:1 (Mother)		I:2 (Father)		II:1 (Proband)		CADASIL	
	<i>fold change</i>	<i>p value</i> ¹	<i>fold change</i>	<i>p value</i>	<i>fold change</i>	<i>p value</i>	<i>fold change</i>	<i>p value</i>
NOTCH3	0,8	0,029	0,44	<0,001	0,1	<0,001	0,4	<0,001
PERP	1,4	0,029	1,3	0,147	0,7	0,003	0,4	<0,001
PLN	1,6	0,478	1,5	0,478	0,8	0,003	1,0	0,002
TBX2	1,2	0,478	0,8	0,029	0,1	<0,001	0,3	<0,001
SUSD5	1,2	0,706	1,4	0,706	0,7	0,038	1,3	0,807
TIMP4	1,6	<0,001	1,0	1,000	2,2	<0,001	0,6	<0,001
PTP4A3	1,1	0,003	0,7	<0,001	0,9	0,003	0,6	<0,001
GRIP2	1,0	0,478	0,5	<0,001	0,7	0,003	1,0	0,084
KCNA5	1,2	1,000	0,7	0,147	0,3	<0,001	0,7	0,001
NRIP2	1,5	1,000	0,5	<0,001	0,4	<0,001	0,7	<0,001
S1PR3	2,7	0,003	1,5	0,028	0,9	0,478	0,4	<0,001
PGAM2	1,3	0,029	0,9	0,729	0,8	0,063	1,6	0,128
CDH6	1,5	0,029	1,4	0,478	0,4	<0,001	0,7	<0,001
XIRP1	1,3	0,478	0,4	<0,001	0,7	0,029	0,5	<0,001
HEY1	2,3	<0,001	1,5	0,478	1,1	1,000	2,3	0,009
HES1	0,9	0,478	1,0	1,000	1,5	0,147	1,2	0,669
HEYL	1,8	0,147	0,9	0,478	1,2	0,147	0,8	0,084
RCAN2	n.d		n.d		n.d		n.d	
ANGPT4	n.d		n.d		n.d		n.d	
HP	n.d		n.d		n.d		n.d	
SORBS2	n.d		n.d		n.d		n.d	

Table S1. Expression levels fold changes relative to controls (n=6) and associated p-values for NOTCH3 and NOTCH3 target genes in the proband, his parents and CADASIL patients (n=3).

¹ p-values were calculated applying the Mann-Whitney U test and data were considered significant if associated with p- values $\leq 0,003$ based on the Bonferroni correction for multiple tests. Relevant fold changes (≥ 2 or $\leq 0,5$) with significant p-values are highlighted.