

Table S5

Top 10 up- and downregulated genes in lesion types vs control WM

NAWM ^a	Active	Chronic active	Remyelinating	Inactive
Upregulated				
<i>SNORA3B</i>	<i>IGLC3</i>	<i>MAPK8IP1P2</i>	<i>IGHG3</i>	<i>IGHM</i>
<i>TM4SF18</i>	<i>IGLC2</i>	<i>ICOSLG</i>	<i>IGLC2</i>	<i>IGHG3</i>
<i>SULT1C2</i>	<i>IGHG1</i>	<i>SCARNA6</i>	<i>NA</i>	<i>IGHG1</i>
<i>HERC2P3</i>	<i>IGHG3</i>	<i>ADM</i>	<i>IGHG1</i>	<i>IGKC</i>
<i>DPP4/CD26</i>	<i>IGHG2</i>	<i>MIR210HG</i>	<i>IGLC3</i>	<i>MTRNR2L12</i>
<i>RP11-196G18.22</i>	<i>IGKC</i>	<i>CHI3L1</i>	<i>IGHG2</i>	<i>PALM3</i>
	<i>IGHV3-7</i>	<i>GPD1</i>	<i>IGKC</i>	<i>RP1-111D6.3</i>
	<i>IGHM</i>	<i>ADAMTS14</i>	<i>IGLV2-14</i>	<i>IL7R</i>
	<i>FCGR2B</i>	<i>CHI3L2</i>	<i>IGHM</i>	<i>FCGR2B</i>
	<i>GPNMB</i>	<i>NA</i>	<i>IGHV2-5</i>	<i>P2RY8</i>
Downregulated				
<i>CHI3L1</i>	<i>LINC00326</i>	<i>IGHG1</i>	<i>OR4G2P</i>	<i>PLAC8</i>
<i>VEGFA</i>	<i>CHRM5</i>	<i>IGKC</i>	<i>PSPHP1</i>	<i>CHRM5</i>
<i>HILPDA</i>	<i>CNDP1</i>	<i>MTRNR2L12</i>	<i>RNF17</i>	<i>PEBP4</i>
<i>ADM</i>	<i>U2AF1L5</i>	<i>MTND2P28</i>	<i>AC009110.1</i>	<i>LINC00326</i>
<i>ATF3</i>	<i>DMBT1</i>	<i>MTRNR2L8</i>	<i>OR4F4</i>	<i>CTSV</i>
<i>MIR210HG</i>	<i>ADAMTS14</i>	<i>MTATP6P1</i>	<i>DEFB109P1B</i>	<i>CDH1</i>
<i>GADD45B</i>	<i>CDH1</i>	<i>GMNC</i>	<i>PWP2</i>	<i>DAO</i>
<i>SFRP2</i>	<i>RAB6C-AS1</i>	<i>NA</i>	<i>CHRM5</i>	<i>CHI3L1</i>
<i>DDIT4L</i>	<i>ACP7</i>	<i>IGF2</i>	<i>LINC01992</i>	<i>GPD1</i>
<i>MTIM</i>	<i>COX5BP6</i>	<i>MTND4P12</i>	<i>LINC00920</i>	<i>TMEM88B</i>

^aNAWM had only 6 significant DEGs