

Supplementary Table S3. Detected transcripts in inflamed chondrocytes treated with BMAC or SVF expressed as fold-change *vs* untreated cells (CTRL) set as 1.

	IL1 β <i>vs</i> untreated			IL1 β +BMAC <i>vs</i> untreated			IL1 β +SVF <i>vs</i> untreated		
	FOLD	SD	P-VALUE	FOLD	SD	P-VALUE	FOLD	SD	P-VALUE
<i>CXCL8</i>	88.11	18.06	****	26.46	8.76		76.93	27.97	****
<i>CXCL2</i>	56.36	10.22	****	7.94	7.49		25.70	11.37	**
<i>IL6</i>	49.98	15.10	****	3.58	2.73		12.88	8.23	*
<i>CCL20</i>	37.02	15.93	****	9.85	4.47		31.64	13.37	****
<i>CXCL1</i>	36.97	8.62	****	5.65	5.64		20.07	9.89	**
<i>CSF2</i>	23.03	11.40	****	7.05	3.84		11.06	7.91	*
<i>THPO</i>	8.20	13.56		8.38	12.52		3.68	2.51	
<i>CXCL5</i>	4.62	4.00	**	4.19	8.41		1.84	1.41	
<i>IL1B</i>	4.47	1.52	****	0.80	0.38		2.49	0.87	*
<i>IL22</i>	3.29	2.08		1.31	0.94		4.70	10.42	
<i>CNTF</i>	2.45	1.27	*	1.35	0.92		1.68	0.74	
<i>CX3CL1</i>	2.32	2.25		0.76	0.72		1.08	0.96	
<i>CCL7</i>	2.20	3.00		1.90	2.66		1.79	1.17	
<i>CXCL16</i>	2.13	0.50	*	1.69	0.67		2.02	0.72	*
<i>CSF3</i>	1.72	0.90		0.84	0.53		1.21	1.47	
<i>IL27</i>	1.65	1.09		1.72	1.48		1.33	0.92	
<i>SPP1</i>	1.60	0.39		1.49	0.67		1.59	0.94	
<i>IL15</i>	1.55	0.92		1.26	1.01		1.70	0.67	
<i>CSF1</i>	1.24	0.22		0.57	0.29		0.82	0.23	
<i>MIF</i>	1.17	0.23		1.39	0.76		1.04	0.21	
<i>LIF</i>	1.13	0.54		0.44	0.21	*	1.11	0.38	
<i>GPI</i>	1.11	0.23		1.50	0.30		1.16	0.11	
<i>IL18</i>	1.08	1.08		0.49	0.40	*	0.46	0.45	*
<i>C5</i>	1.05	0.30		0.37	0.39		0.63	0.39	
<i>IL1A</i>	1.03	0.54		0.59	0.25		0.82	0.27	
<i>IL12A</i>	0.89	0.21		0.91	0.14		0.96	0.26	
<i>BMP6</i>	0.69	0.13		1.05	0.55		1.04	0.28	
<i>TNFSF10</i>	0.63	0.51		0.17	0.11	***	0.23	0.12	**
<i>IL13</i>	0.60	0.49		1.66	1.88		0.95	0.58	
<i>TGFB2</i>	0.58	0.09		0.42	0.11	****	0.46	0.09	****
<i>TNFSF11</i>	0.41	0.70	*	2.30	3.66		0.36	0.39	
<i>CCL1</i>	0.39	0.09		1.77	1.18		1.17	1.29	

A fold change *vs* CTRL at least ≥ 2 or ≤ 0.5 was used to calculate the p-value that is shown only when ≤ 0.05 . * for p-value ≤ 0.05 , ** ≤ 0.01 , *** ≤ 0.001 , **** ≤ 0.0001 .