

Supplementary Table 1. Statistical univariate analysis with patient paired design for before and after glimepiride treatment

Gene	Base mean	Log ₂ fold change (lfc)	SE (lfc)	P value	P adj. value (BH)
hsa-miR-206	126	0.880	0.200	0.000	0.002
hsa-miR-423-3p	511	-0.483	0.127	0.000	0.011
hsa-miR-181a-5p	300	-0.377	0.100	0.000	0.011
hsa-let-7g-5p	3,037	0.475	0.145	0.001	0.039
hsa-miR-182-5p	831	0.766	0.233	0.001	0.039
hsa-miR-766-3p	9	-1.309	0.412	0.001	0.047
hsa-miR-11400	23	-0.825	0.267	0.002	0.054
hsa-miR-29b-3p	193	0.350	0.119	0.003	0.078
hsa-miR-16-5p	351,675	0.575	0.198	0.004	0.080
hsa-miR-194-5p	474	0.495	0.176	0.005	0.094
hsa-miR-339-3p	43	-0.607	0.223	0.006	0.111
hsa-miR-339-5p	336	-0.535	0.205	0.009	0.142
hsa-miR-183-5p	392	0.510	0.200	0.011	0.157
hsa-miR-1260b	25	-0.739	0.298	0.013	0.158
hsa-miR-221-3p	1,303	-0.457	0.182	0.012	0.158
hsa-miR-4732-5p	326	0.578	0.232	0.013	0.158
hsa-miR-584-5p	487	-0.386	0.157	0.014	0.158
hsa-miR-127-3p	137	-0.594	0.249	0.017	0.178
hsa-miR-671-3p	21	-0.638	0.278	0.022	0.184
hsa-miR-431-5p	56	-0.625	0.273	0.022	0.184
hsa-miR-769-5p	34	-0.460	0.205	0.025	0.184
hsa-miR-181a-2-3p	39	-0.362	0.161	0.025	0.184
hsa-miR-185-3p	58	-0.332	0.143	0.020	0.184
hsa-miR-181b-5p	61	-0.311	0.139	0.025	0.184
hsa-miR-421	59	0.293	0.131	0.026	0.184
hsa-miR-148a-3p	2,562	0.339	0.153	0.027	0.184
hsa-miR-7-5p	345	0.395	0.180	0.028	0.184
hsa-miR-503-5p	39	0.418	0.180	0.020	0.184
hsa-miR-144-3p	261	0.539	0.245	0.028	0.184
hsa-miR-150-5p	6,959	0.380	0.178	0.032	0.203
hsa-miR-3613-5p	177	0.510	0.240	0.033	0.203
hsa-miR-222-3p	97	-0.225	0.108	0.036	0.215
hsa-miR-326	80	-0.479	0.243	0.049	0.223
hsa-miR-4433b-5p	428	-0.436	0.219	0.046	0.223
hsa-miR-99b-5p	476	-0.327	0.169	0.053	0.223
hsa-miR-23b-3p	130	-0.282	0.145	0.052	0.223
hsa-miR-1307-3p	597	-0.258	0.132	0.051	0.223
hsa-let-7i-5p	12,265	0.217	0.108	0.044	0.223
hsa-miR-93-5p	10,103	0.248	0.121	0.041	0.223
hsa-miR-532-3p	114	0.289	0.141	0.041	0.223
hsa-let-7b-5p	37,223	0.296	0.152	0.052	0.223

(Continued to the next)

Supplementary Table 1. Continued

Gene	Base mean	Log ₂ fold change (lfc)	SE (lfc)	P value	P adj. value (BH)
hsa-miR-101-3p	3,161	0.372	0.183	0.042	0.223
hsa-miR-20b-5p	330	0.389	0.198	0.049	0.223
hsa-miR-454-3p	258	0.409	0.211	0.053	0.223
hsa-miR-1-3p	72	0.546	0.280	0.051	0.223
hsa-let-7e-5p	262	-0.381	0.198	0.054	0.224
hsa-miR-425-5p	3,118	-0.177	0.093	0.057	0.231
hsa-miR-485-3p	158	-0.440	0.233	0.059	0.234
hsa-miR-379-5p	31	-0.501	0.271	0.065	0.251
hsa-miR-30d-5p	10,971	-0.173	0.094	0.066	0.251
hsa-miR-144-5p	133	0.390	0.215	0.070	0.262
hsa-miR-744-5p	642	-0.309	0.176	0.080	0.274
hsa-miR-23a-3p	1,221	-0.234	0.134	0.082	0.274
hsa-miR-26b-5p	4,831	0.205	0.117	0.080	0.274
hsa-miR-17-5p	230	0.281	0.161	0.081	0.274
hsa-miR-942-5p	79	0.284	0.161	0.078	0.274
hsa-miR-15a-5p	615	0.318	0.179	0.075	0.274
hsa-miR-142-3p	2,370	-0.231	0.135	0.086	0.277
hsa-miR-320a-3p	2,608	-0.201	0.117	0.086	0.277
hsa-miR-15b-3p	51	0.242	0.146	0.096	0.305
hsa-miR-409-3p	404	-0.348	0.210	0.099	0.307
hsa-miR-134-5p	120	-0.361	0.222	0.105	0.321
hsa-miR-361-5p	261	-0.215	0.134	0.110	0.326
hsa-let-7c-5p	691	0.236	0.147	0.109	0.326
hsa-miR-22-3p	718	-0.217	0.137	0.113	0.327
hsa-miR-19b-3p	890	0.282	0.179	0.114	0.327
hsa-miR-199a-5p	50	-0.326	0.213	0.126	0.356
hsa-miR-370-3p	46	-0.355	0.235	0.130	0.364
hsa-let-7a-5p	24,020	0.231	0.155	0.136	0.376
hsa-miR-654-3p	59	-0.420	0.285	0.140	0.376
hsa-miR-25-3p	11,609	0.218	0.148	0.140	0.376
hsa-miR-1301-3p	71	-0.323	0.225	0.151	0.380
hsa-miR-98-5p	150	-0.205	0.145	0.158	0.380
hsa-miR-24-3p	1,376	-0.177	0.124	0.153	0.380
hsa-miR-126-5p	2,322	0.149	0.105	0.158	0.380
hsa-miR-192-5p	792	0.227	0.156	0.147	0.380
hsa-miR-324-5p	196	0.254	0.181	0.160	0.380
hsa-miR-143-3p	644	0.279	0.195	0.152	0.380
hsa-miR-483-3p	354	0.347	0.244	0.155	0.380
hsa-miR-190a-5p	82	0.348	0.246	0.157	0.380
hsa-miR-122-5p	70,273	0.361	0.259	0.164	0.385
hsa-miR-125b-5p	1,378	0.194	0.141	0.168	0.390
hsa-miR-628-3p	44	-0.250	0.183	0.172	0.394

(Continued to the next page)

Supplementary Table 1. Continued

Gene	Base mean	Log ₂ fold change (lfc)	SE (lfc)	P value	P adj. value (BH)
hsa-miR-324-3p	39	-0.272	0.202	0.180	0.406
hsa-miR-328-3p	916	-0.208	0.157	0.185	0.414
hsa-miR-142-5p	923	0.156	0.119	0.191	0.416
hsa-miR-335-5p	213	0.188	0.144	0.192	0.416
hsa-miR-19a-3p	164	0.220	0.169	0.193	0.416
hsa-miR-1908-5p	37	-0.253	0.202	0.209	0.445
hsa-miR-425-3p	86	-0.251	0.201	0.211	0.445
hsa-miR-532-5p	272	0.168	0.135	0.214	0.446
hsa-miR-941	124	0.123	0.103	0.232	0.478
hsa-miR-30b-5p	33	-0.234	0.200	0.242	0.492
hsa-miR-28-3p	396	-0.213	0.183	0.244	0.492
hsa-miR-30a-5p	640	0.163	0.141	0.246	0.492
hsa-miR-340-5p	57	-0.175	0.152	0.251	0.497
hsa-miR-342-3p	4,301	0.121	0.106	0.257	0.504
hsa-miR-185-5p	2,558	0.172	0.153	0.261	0.506
hsa-miR-140-3p	1,119	0.195	0.174	0.263	0.506
hsa-miR-483-5p	537	0.250	0.225	0.267	0.507
hsa-miR-4732-3p	279	0.264	0.240	0.270	0.507
hsa-miR-130b-3p	44	0.177	0.162	0.274	0.511
hsa-miR-155-5p	338	-0.151	0.141	0.283	0.523
hsa-miR-18a-5p	61	0.151	0.143	0.290	0.529
hsa-miR-10a-5p	398	-0.143	0.137	0.296	0.535
hsa-miR-151a-3p	2,131	-0.153	0.147	0.300	0.538
hsa-miR-152-3p	114	-0.166	0.161	0.304	0.539
hsa-miR-378a-3p	178	-0.178	0.179	0.320	0.558
hsa-miR-151a-5p	75	-0.164	0.165	0.320	0.558
hsa-miR-107	121	-0.134	0.137	0.328	0.563
hsa-miR-186-5p	452	-0.096	0.098	0.329	0.563
hsa-let-7f-5p	9,127	0.168	0.174	0.335	0.563
hsa-miR-196b-5p	85	0.179	0.184	0.332	0.563
hsa-miR-451a	8,051	0.187	0.197	0.341	0.569
hsa-miR-30e-5p	4,376	0.097	0.102	0.344	0.569
hsa-miR-224-5p	275	-0.198	0.214	0.355	0.574
hsa-miR-671-5p	34	-0.145	0.156	0.354	0.574
hsa-miR-1246	149	0.178	0.193	0.357	0.574
hsa-miR-345-5p	65	-0.169	0.187	0.366	0.580
hsa-miR-92b-3p	79	0.172	0.191	0.366	0.580
hsa-miR-486-5p	175,352	0.175	0.210	0.404	0.635
hsa-miR-193b-5p	68	0.224	0.270	0.408	0.636
hsa-miR-146a-5p	4,708	-0.138	0.176	0.433	0.664
hsa-miR-484	1,248	-0.136	0.176	0.441	0.664

(Continued to the next)

Supplementary Table 1. Continued

Gene	Base mean	Log ₂ fold change (lfc)	SE (lfc)	P value	P adj. value (BH)
hsa-miR-501-3p	67	-0.109	0.142	0.441	0.664
hsa-miR-130a-3p	130	0.085	0.109	0.437	0.664
hsa-miR-363-3p	232	0.129	0.168	0.444	0.664
hsa-miR-99a-5p	94	-0.133	0.183	0.470	0.674
hsa-miR-320b	59	-0.119	0.164	0.470	0.674
hsa-miR-93-3p	86	-0.103	0.144	0.474	0.674
hsa-miR-197-3p	273	-0.080	0.112	0.475	0.674
hsa-miR-660-5p	456	0.088	0.122	0.467	0.674
hsa-miR-10b-5p	386	0.117	0.162	0.469	0.674
hsa-miR-4454	51	0.131	0.181	0.470	0.674
hsa-miR-382-5p	278	-0.141	0.202	0.484	0.681
hsa-miR-27b-3p	602	0.095	0.137	0.487	0.681
hsa-miR-125a-5p	3,606	-0.104	0.152	0.494	0.683
hsa-miR-320d	54	0.108	0.159	0.496	0.683
hsa-miR-21-5p	2,546	-0.067	0.099	0.500	0.683
hsa-miR-486-3p	164	0.147	0.221	0.507	0.688
hsa-miR-331-3p	27	-0.126	0.197	0.522	0.703
hsa-let-7d-3p	339	0.067	0.106	0.526	0.704
hsa-miR-32-5p	94	0.139	0.227	0.538	0.715
hsa-miR-432-5p	313	-0.132	0.221	0.549	0.724
hsa-miR-29a-3p	798	-0.092	0.156	0.554	0.726
hsa-miR-146b-5p	288	-0.114	0.199	0.567	0.728
hsa-miR-223-3p	19,679	-0.087	0.149	0.560	0.728
hsa-miR-106b-3p	405	-0.072	0.125	0.566	0.728
hsa-miR-148b-3p	563	-0.053	0.095	0.572	0.728
hsa-miR-193a-5p	294	0.119	0.213	0.575	0.728
hsa-let-7d-5p	1,529	0.067	0.132	0.609	0.762
hsa-miR-629-5p	218	0.069	0.134	0.607	0.762
hsa-miR-29c-3p	700	0.054	0.109	0.620	0.768
hsa-miR-1306-5p	180	0.074	0.150	0.623	0.768
hsa-miR-133a-3p	49	-0.113	0.234	0.630	0.772
hsa-miR-139-3p	177	0.074	0.157	0.635	0.773
hsa-miR-3615	726	-0.071	0.158	0.652	0.776
hsa-miR-128-3p	477	-0.050	0.112	0.655	0.776
hsa-miR-576-5p	71	0.074	0.160	0.645	0.776
hsa-miR-2110	91	0.076	0.166	0.647	0.776
hsa-miR-1180-3p	104	0.099	0.223	0.658	0.776
hsa-miR-145-5p	54	-0.083	0.192	0.668	0.783
hsa-miR-301a-3p	41	0.068	0.161	0.672	0.783
hsa-miR-652-3p	42	-0.064	0.158	0.686	0.794
hsa-miR-625-3p	402	-0.064	0.162	0.694	0.799

(Continued to the next page)

Supplementary Table 1. Continued

Gene	Base mean	Log ₂ fold change (lfc)	SE (lfc)	P value	P adj. value (BH)
hsa-miR-126-3p	18,878	0.049	0.132	0.708	0.811
hsa-miR-191-5p	7,844	-0.060	0.169	0.722	0.811
hsa-miR-320c	185	0.053	0.148	0.719	0.811
hsa-miR-4508	179	0.078	0.219	0.722	0.811
hsa-miR-103a-3p	4,858	-0.048	0.145	0.742	0.816
hsa-miR-664a-5p	79	-0.047	0.140	0.739	0.816
hsa-miR-423-5p	10,177	-0.042	0.128	0.743	0.816
hsa-miR-27a-3p	248	0.042	0.124	0.735	0.816
hsa-miR-574-3p	142	0.047	0.150	0.753	0.822
hsa-miR-15b-5p	365	0.028	0.092	0.761	0.827
hsa-miR-199a-3p	2,208	-0.045	0.171	0.795	0.858
hsa-miR-375-3p	158	-0.059	0.239	0.805	0.859
hsa-miR-96-5p	105	0.063	0.253	0.804	0.859
hsa-miR-30c-5p	183	0.024	0.102	0.817	0.865
hsa-miR-20a-5p	697	0.031	0.134	0.819	0.865
hsa-miR-26a-5p	4,751	-0.023	0.107	0.828	0.869
hsa-miR-223-5p	213	0.030	0.145	0.837	0.874
hsa-miR-338-3p	27	0.038	0.253	0.881	0.914
hsa-miR-92a-3p	36,585	-0.021	0.162	0.897	0.921
hsa-miR-200c-3p	35	0.027	0.200	0.893	0.921
hsa-miR-34a-5p	84	0.017	0.195	0.932	0.952
hsa-miR-205-5p	58	-0.005	0.232	0.984	0.992
hsa-miR-361-3p	378	-0.002	0.119	0.989	0.992
hsa-miR-374a-5p	75	-0.002	0.169	0.992	0.992
hsa-miR-30e-3p	45	0.004	0.161	0.980	0.992

MiRNAs with a mean total read count ≥ 50 were used as input for fitting a patient paired design model (design: patient+gender+cardiovascular disease background+treatment). Differential expression was set to an absolute value of fold change > 1.5 and the Benjamini-Hochberg (BH) adjusted $P < 0.05$. SE, standard error.