

Supplementary Information

Table S1. Identified proteins and peptide sequences in NB4 cells after treatment with histone deacetylase inhibitor BML-210.

Name	Accession Number	M _w (Da)/pI	Sequence cov. (%)	Peptides		
1433B_HUMAN 14-3-3 protein β/α	P31946	28,179/4.76	30%	-MTMDKSELVQK.A K.AVTEQGHELSENEER.N R.VISSIEQK.T	R.YLSEVASGDNK.Q K.EMQPTHPIR.L K.DSTLIMQLLR.D	K.VFYLKMK.G K.MKGDYFR.Y
1433E_HUMAN 14-3-3 protein eta	P62258	29,326/4.63	25%	K.VAGMDVELTVEER.N K.LICCDILDVLDK.H	K.AASDIAMTELPPTHPIR.L K.DSTLIMQLLR.D	R.YLAEFATGNDR.K
1433F_HUMAN 14-3-3 protein eta	Q04917	28,372/4.76	61%	-MGDREQLLQR.A R.EQLLQR.A R.LAEQAER.Y R.YDDMASAMK.A K.AVTELNEPLSNEDR.N	K.ELETVCNDVLSLLDKFLIK.N K.VFYLKMK.G K.MKGDYYR.Y R.YLAEVASGEK.K K.NSVVEASEAAYK.E K.DSTLIMQLLR.D	R.NLLSVAYK.N K.NVVGARR.S R.VISSIEQK.T K.TMADGNEK.K K.EAFEISK.E K.EAFEISKEQMQPTHPIR.L
ACTB_HUMAN Actin, cytoplasmic I	P60709	42,052/5.29	46%	K.AGFAGDDAPR.A R.AVFPSIVGRPR.H R.HQGVMVGMGQK.D K.IWHHTFYNELR.V K.DLYANTVLSGGTMYPGIADR.M	R.EIVRDIK.E K.SYELPDGQVITIGNER.F K.CDVIDR.K R.VAPEEHPVLLTEAPLNPK.A K.RGILT.LK.Y	K.EITALAPSTMK.I K.IKIIAPPER.K R.DLTDYLMK.I R.GYSFTTTAER.E R.MQKEITALAPSTMK.I
CALR_HUMAN Calreticulin	P27797	48,142/4.29	36%	.LKEEEEDK.K K.VHVIFNYK.G K.DKQDEEQR.L K.FYGDEEKDK.G	K.GQTLVVQFTVK.H R K.EQFLDGDGWTSR.W K.HEQNIDCGGGYVK.L K.IKDPDASKPEDWDER.A	K.KVHVIFNYK.G K.DKGLQTSQDAR.F

Table S1. Cont.

Name	Accession Number	M _w (Da)/pI	Sequence cov. (%)	Peptides		
CH60_HUMAN 60 kDa heat shock protein, mitochondrial	P10809	61,187/5.70	56 %	-MLRLPTVFR.Q	K.KISSIQSIVPALEIANAHR.K	K.RIQEIIQLDVTTSEYEK.E
				R.LPTVFR.Q	K.ISSIQSIVPALEIANAHR.K	R.IQEIIQLDVTTSEYEK.E
				R.QMRPVS.R.V	R.LKVGQLQVVAVK.A	K.LNERLAK.L
				R.AYAKDVK.F	K.VGLQVVAVK.A	K.LSDGVAVLK.V
				R.TVIIQSWGSPK.V	K.APGFGDNR.K	K.DRVTDALNATR.A
				K.YKNIGAK.L	K.APGFGDNRK.N	R.VTDALNATR.A
				R.KPLVIIAEDVDGEALSTLVLR.L	K.VGEVIVTK.D	R.AAVEEGIVLGGGCALLR.C
				K.LVQDVANNTNEEAGDGTATVLR.S	K.AQIEKR.I	K.IGIEIKR
				K.GANPVEIR.R	R.GYISPYFINTSK.G	K.IGIEIKR.T
				R.RGVMLAVDAVIAELK.K	K.CEFQDAYVLLSEK.K	
				K.EIGNIISDAMK.K	K.IPAMTIAK.N	
				R.KGVITVK.D	K.NAGVEGSLIVEK.I	
				K.TLNDELEIIEGMK.F	K.GIIDPTKVVR.T	
				CLIC1_HUMAN Chloride intracellular channel protein 1	O00299	27,248/5.09
R.EEFASTCPDDEEIELAYEQVAK.A	K.LHIVQVVK.K	K.GVTFNVTTVDTK.R				
K.LAALNPESNTAGLDIFAK.F	R.GFTIPEFR.G	K.NSNPALNDNLEK.G				
K.VLDNYLTSPLPEEVDSETSDEGSQR.K	R.YLSNAYAR.E					
COF1_HUMAN Cofilin-1	P23528	18,503/8.2	74%	K.VFNDMKVR.K	K.MLPDKDCR.Y	K.MIYASSKDAIK.K
				K.SSTPEEVK.K	R.YALYDATYETK.E	K.HELQANCYEEVK.D
				K.AVLFLCSEDK.K	K.EDLVFIFWAPESAPLK.S	K.LGGSAVISLEGKPL.-
					K.EILVGDVGQTVDDPYATFVK	K.KNIILEEGK.E
EFHD2_HUMAN EF-hand domain-containing protein D2	Q96C19	26,795/5.15	35%	R.ADLNQGIGEPQSPSR.R	K.VQAINVSSR.F	K.EVDEDFDSK.L
				R.DGFIDLMELK.L	R.FEIEIKAEQEER.K	R.LSEIDVSSEGVK.G
				K.AAAGELQEDSGLCVLR.L		
ENO1_HUMAN A-enolase	P06733	47,481/7.01	16%	R.GNPTVEVDLFTSK.G	K.VVIGMDVAASEFFR.S	K.LAQANGWGMVSHR.S
				R.AAVPSGASTGIYEALR.D	R.YISPDQLADLYK.S	

Table S1. Cont.

Name	Accession Number	M _w (Da)/pI	Sequence cov. (%)	Peptides		
ENPL_HUMAN Endoplasmic (Heat shock protein 90 kDa β member 1)	P14625	92,469/4.76	20%	R.EEEAIQLDGLNASQIR.E	R.GLFDEYGSK.K	K.SGTSEFLNK.M
				K.FAFQAEVNR.M	K.GVVSDDDLPLNVSRE	R.GTTITLVLK.E
				K.LIINSLYK.N	R.FQSSHPTDITSLDQYVER.M	K.EEASDYLELDTIK.N
				R.ELISNASDALDK.I	K.AEASSPFVER.L	K.EVEDEYK.A
				R.LSLNIDPDAK.V	K.DISTNYASQK.K	R.SGYLLPDTK.A
GDIR1_HUMAN ρ GDP-dissociation inhibitor 1	P52565	23,250/5.02	9%	K.EGVEYR.I		
				K.YIQHTYR.K		
				R.FTDDDK.T		
GNA11_HUMAN Guanine nucleotide- binding protein subunit α-11	P29992	42,124/5.5	26%	R.GFTKLVYQNIFTAMQAMIR.A	K.KDLLEDK.I	K.DLLEDK.I
				R.TIITYPWFQNSSVILFNK.K	R.MVDVGGQR.S	K.ANALLIR.E
				-MTLESMMACCLSDEVKESK.R	K.YYLTVDVDR.I	
GRP75_HUMAN Stress-70 protein, mitochondrial	P38646	73,920/5.87	25%	R.TTPSVVAFTADGER.L	K.SDIGEVILVGGMTR.M	K.YAEEDR.R
				R.LVGMPAKR.Q	K.VQQTVDLDFGR.A	K.EEISKMR.E
				K.NAVITVPAYFNDSQR.Q	K.LLGQFTLIGIPPAPR.G	R.ELLARK.D
				K.DAGQISGLNVLR.V	R.AQFEGIVTDLIR.R R.VREAAEK.A	K.KMASER.E R.NTTIPTK.K
				K.STNGDTFLGGEDFDQALLR.H	R.LVGMPAKR.R	
				R.ETGVDLTKDNMALQR.V		
GRP78_HUMAN 78 kDa glucose-regulated protein	P11021	72,402/5.07	36%	R.ITPSYVAFTPEGER.L	K.FEELNMDLFR.S	R.IPKIQLVK.E
				R.TWNDPSVQDDIK.F	K.VLEDSLKK.S	K.EFFNGKEPSR.G
				K.TKPYIQVDIGGGQTK.T	K.KSDIDEIVLVGGSTR.I	K.VYEGERPLTK.D
				K.KVTHAVVTVPAYFNDAQR.Q	K.SDIDEIVLVGGSTR.I	K.ITITNDQNR.L
				K.VTHAVVTVPAYFNDAQR.Q	K.DNHLLGTFDLTGIPPAPR.G	R.LTPEEIER.M
				K.DAGTIAGLNVMR.I	K.IEWLESHQDADIEDFK.A	R.VEIHANDQGNR.I
				R.IINEPTAAAIAHYGLDKR.E	R.ALSSQHQR.I	
				R.IEIESFYEGEDFSETLTRA	R.AKFEELNMDLFR.S	

Table S1. Cont.

Name	Accession Number	M _w (Da)/pI	Sequence cov. (%)	Peptides		
HS90B_HUMAN Heat shock 84 kDa (HSP84)	P08238	83,264/4.97	32%	K.HNDDEQYAWESSAGGSFTVR.A	K.YIDQEELNK.T	K.EIFLR.E
				R.ADHGEPGR.G	R.NPDDITQEEYGEFYK.S	R.ELISNASDALDK.I
				K.EDQTEYLEER.R	K.SLTNDWEDHLAVK.H	R.YESLTDPSK.L
				K.FENLCK.L	R.ALLFIPR.R	K.IDIIPNQR.T
				K.LGLGIDEDEVAEEPNAAVPDEIPPLEDEDASR.M	R.GVVDSDELPLNISR.E	K.ADLINNLGTIAK.S
				K.EQVANSFVER.V	K.LGIHEDSTNR.R	K.SLVSVTK.E
HSP72_HUMAN Heat shock-related 70 kDa protein 2	P54652	70,022/5.6	7%	R.ARFEELNADLFR.G	R.FEELNADLFR.G	
				K.STAGDTHLGGEDFDNR.M	R.TTPSYVAFTDTER.L	
HSPB1_HUMAN Heat shock protein β1	P04792	22,783/ 6.0	40%	R.VPFSLLR.G	R.LFDQAFGLPR.L	R.DWYPHSR.L
				K.DGVVEITGK.H	R.VSLDVNHFADELTVK.T	R.GPSWDPF.R.D
				R.QLSSGVSEIR.H	K.LATQSNEITIPVTFESR.A	
LGUL_HUMAN Lactoylgutathione lyase	Q04760	20,992/5.12	18%	R.VLGMTLIQK.C	K.RFEELGVK.F	
				R.GFGHIGIAVPDVYSACK.R		
ML12A_HUMAN Myosin regulatory light chain 12A	P19105	19,839/4.67	29%	K.EAFNMIDQNR.D	K.GNFNYIEFTR.I R.FTDEEVDELYR.E	
				R.LTGDAFR.KACFDEEATGTIQEDYL.R.E		
NDKA_HUMAN Nucleoside diphosphate kinase A	P15531	17,149/ 5.8	20%	R.NIIHGSDSVESA.EK.E	R.TFIAIKPDGVQR.G	
				R.VMLGETNPADSKPGTIR.G		
NDUAA_HUMAN NADH dehydrogenase 1 α subcomplex subunit 10	O95299	41,067/8.67	28%	K.LAATSASARVVAAGAQR.V	R.GIHSSVQCKLR.Y	R.VLHQFRELPGR.K
				R.SIFSDFVFLEAMYNQGFIR.K	R.SRVITVDGNICTGK.G	R.LLKLAATSASAR.V
				R.TLYHLRLLVQDK.F	K.FYDDPRSDNGNSYR.L	

Table S1. Cont.

Name	Accession Number	M _w (Da)/pI	Sequence cov. (%)	Peptides
NPM_HUMAN Nucleophosmin	P06748	32,726/4.64	62%	K.ADKDYHFK.V K.DYHFK.V K.VDNDENEHQLSLR.T R.TVSLGAGAK.D K.DELHIVEAEAMNYEGSPIK.V K.VTLATLK.M K.MSVQPTVSLGGFEITPPVVLRL.L K.LLSISGK.R
				K.DSKPSSTPR.S K.DSKPSSTPRSK.G R.MTDQEAIQDLWQWR.K K.RSAPGGGSK.V K.SIRDTPAK.N K.NAQKSNQNGK.D K.SNQNGKDSKPSSTPR.S
				R.SKGQESFK.K K.GQESFKK.Q K.QEKTpk.T K.GPSSVEDIK.A K.AKMQASIEK.G K.MQASIEK.G K.GGSLPKVEAK.F K.FINYVK.N
PCNA_HUMAN Proliferating cell nuclear antigen	P12004	29,092/4.57	40%	R.NLAMGVNLTSMK.I R.AEDNADTLALVFEAPNQEK.V K.LMDLDVEQLGIPEQEYSCVVK.M
				R.DLSHIGDAVVISCAK.D R.LVQGSILK.K R.SEGFDTYR.C
				R.YLNFFTK.A K.YYLAPK.I K.MPSGEFAR.I
PDIA1_HUMAN Protein disulfide- isomerase	P07237	57,480/4.76	54%	R.KSNFAEALAAHK.Y K.SNFAEALAAHK.Y K.ALAPEYAK.A K.LKAEGSEIR.L K.AEGSEIR.L K.VDATEESDLAQQYGVR.G K.FFRNGDTASPK.E R.NGDTASPK.E R.EADDIVNWLK.K K.YQLDKDGVVLFK.K K.HNQLPLVIEFTEQTAPK.I
				K.SVSDYDGKLSNFK.T K.TAAESFK.G K.ILFIFIDSDHTDNQR.I R.LITLEEEMTK.Y K.YKPESEELTAER.I R.ITEFCHR.F K.NFEDVAFDEK.K K.QLAPIWDK.L K.LGETYK.D K.LGETYKDHENIVIAK.M K.VHSFPTLK.F
				K.IFGGEIK.T K.THILLFLPK.S K.SVSDYDGK.L R.ILEFFGLK.K K.KEECPAVR.L K.EECPAVR.L K.KFDEGR.N R.NNFEGEVTK.E K.ENLLDFIK.H K.FFPASADR.T K.DGVVLFK.K R.TVIDYNGER.T

Table S1. Cont.

Name	Accession Number	M _w (Da)/pI	Sequence cov. (%)	Peptides		
PDIA3_HUMAN Protein disulfide- isomerase A3	P30101	57,146/5.98	58%	R.LALFPGVA R.DGEEAGAYDGPR.T	R.KTFSHELSDFGLESTAGEIPVVAIR.T	K.FVMQEFSR.D
				LLLAAAR.L	K.GEKFVMQEFSR.D	R.DGKALER.F
				R.LAPEYEAAATR.L	K.VVVAENFDEIVNNENK.D	R.FLQDYFDGNLK.R
				K.YGVSGYPTLK.I	K.DPNIVIAK.M	K.SEPIPESNDGPVK.V
				K.KQAGPASVPLR.T	K.MDATANDVPSPYEVR.G	R.VMMVAKK.F
				K.QAGPASVPLR.T	R.GFPTIYFSPANK.K	K.KFLDAGHK.L
				K.KFISDK.D	R.EATNPPVQEEKPK.K	K.FLDAGHK.L
				K.DASIVGFFDDSFSEAHSEFLK.A	K.KAQEDL.-	K.LNFAVASR.K
				K.AASNLRDNYR.F	R.TEEEFK.K	K.KYEGGRE
			K.DLLIAYYDVVDEK.N		R.ELSDFISYLQR.E	
PDIA6_HUMAN Protein disulfide- isomerase A6	Q15084	48,490/4.95	22%	K.NRPEDYQGG.R.T	K.FALLKGSFSEQGINEFLR.E	K.GESPVVDYDGGR.T
				R.TGEAIVDAALSALR.Q	K.GSFSEQGINEFLR.E	K.MKFALLK.G
				K.LAAVDATVNQVLASR.Y	R.GSTAPVGGGAFPTIVER.E	R.ELSFGR.G
				R.EPWDGR.D		
PHB_HUMAN Prohibitin	P35232	29,843/5.57	40%	-.MAAKVFESIGK.F	K.AAIIAEGDSK.A	R.FDAGELITQR.E
				K.VFE R.AVIFDR.F	R.KLEAAEDIAYQLSR.S	K.EFTEAVEAK.Q
				SIGK.F	K.DLQNVNITLR.I	K.QVAQQAER.A
				R.IFTSIGEDYDER.V	R.ILFRPVASQLPR.I	
TAGL2_HUMAN Transgelin-2	P37802	22,548/8.41	44%	K.QM EQISQFLQAAER.Y	R.DDGLFSGDPNWFPK.K	K.NVIGLQMG TNR.G
				R.YGINTTDIFQTVDLWEGK.N	R.NFSDNQLQEGK.N	
				R.TLMNLGGLAVAR.D	R.GPAYGLSR.E	
TBA1B_HUMAN Tubulin α -1B chain	P68363	50,804/4.94	39%	R.AVFVDLEPTVIDEVR.T	R.IHFPLATYAPVISA EK.A	K.EIIDLVLDRI
				K.EDAANNYARGHYTIGK.E	R.HGKYMACCLLYR.G	R.LSVDYGK.K
				R.NLDIERPTYTNLNR.L	K.YMACCLLYR.G	K.CDPRHGK.Y
				R.FDGALNVDLTEFQTNLVPYPR.I	K.DVNAAIATIKTK.R	R.LISQIVSSITASLR.F
				R.AFVHWYVGEGMEEGEFSEAR.E	R.AVCMLSNTTAIAEAWAR.L	K.EDAANNYAR.G

Table S1. Cont.

Name	Accession Number	M _w (Da)/pI	Sequence cov. (%)	Peptides
TBB5_HUMAN Tubulin β chain	P07437	50,095/4.78	52%	R.EIVHIQAGQCQGNQIGAK.F R.ISVYYNEATGGK.Y R.AILVDLEPGTMDSVR.S R.SGPFQQIFRPDNFVFGQSGAGNNWAG K.GHYTEGAELVDSVLDVVR.K K.IREEYPDR.I K.LTTPTYGDLNHLVSATMSGVTCLR.F
				R.LHFFMPGFAPLTSR.G R.ALTVPELTQQVFDAK.N K.NSSYFVEWIPNNVK.T K.TAVCDIPPR.G .ISEQFTAMFR.R R.KLAVNMVFPFR.L K.LAVNMVFPFR.L
				R.GSQQYR.A K.NMMAACDPR.H R.YLTVAAVFR.G R.GRMSMK.E R.FPGQLNADLR.K R.FPGQLNADLRK.L R.EEYPDR.I
TSG6_HUMAN Tumor necrosis factor-inducible gene 6 protein	P98066	31,204/6.3	10%	K.IGFHVCAAGWMAK.G K.YVAMDPVSKSSQGK.N
TPM4_HUMAN Tropomyosin α-4	P67936	28,619/4.67	46%	M.AGLNSLEAVKR.K R.ELDGER.E R.RIQLVEEELDR.A R.KLVILEGELER.A
				R.AEVSELK.C K.NVTNNLK.S K.SLEAASEK.YT K.YEEVAR.K
				K.YSEKEDK.Y K.LKEAETR.A R.AEFAER. R.LATALQK.L K.AADESER.G
TXD12_HUMAN Thioredoxin domain- containing protein 12	O95881	19,365/5.24	21%	K.VHPEIINENGNPSYKYFYVSAEQVVQGMK.E R.LTGDAFR.K
				K.KHLEDEL.- R.TLEDGKK.E