

**Table S1.** qRT-PCR primers

Gene	Orientation	Primer sequence (5' → 3')	Annelation temperature	Product length
<i>HPRT1</i>	F	GGACTAATTATGGACAGGACT	60°C	194 bp
	R	GCTCTTCAGTCTGATAAAATCTAC		
<i>VEGFA</i>	F	ATCACGAAGTGGTGAAGTTC	60°C	265 bp
	R	TGCTGTAGGAAGCTCATCTC		
<i>CXCR4</i>	F	GGGAACTTCCTATGCAAGGCAGTC	59°C	174 bp
	R	GATCCAGACGCCAACATAGACCAC		
<i>CCL5</i>	F	CCTCGCTGTCATCCTCATT	54°C	97 bp
	R	GGCAATGTAGGCAAAGCA		
<i>ZEB2</i>	F	TTTCCTGGCCCCATCCCTTT	60°C	184 bp
	R	GGTTGATGGGGCTTGTCATTCTT		
<i>KRT19</i>	F	CCGAACCAAGTTTGAGACGG	60°C	221 bp
	R	AATCCACCTCCACACTGACC		
<i>OCN</i>	F	ACTCGAAGAAAGATGGACAGGT	63°C	152 bp
	R	TCCACATAGTCAGATGGGGGT		
<i>STEAP1</i>	F	TGTCTCTGGGAATTGTGGGA	60°C	151 bp
	R	AATGCGTGTATTGTGCCCAG		
<i>TSPAN13</i>	F	TTCGCGTGTTCCAAGAACTG	63°C	187 bp
	R	CAGCTCCAATCAGACCCACT		
<i>CDH2</i>	F	GTCAGTGAAGGAGTCAGCAG	60°C	150 bp
	R	AGCTCTTGAGGAAAAGGTCC		
<i>FN1</i>	F	ACCAACCTACGGATGACTCG	60°C	230 bp
	R	GCTCATCATCTGGCCATTTT		
<i>ITGA5</i>	F	TGCCCCAAAAAGAGCGTCAG	63°C	172 bp
	R	TATGGGAGGGAGCGTTTGAAG		
<i>BMP2</i>	F	ACATGCTAGACCTGTATCGCA	63°C	235 bp
	R	TGTTCTCGGAAAACCTGAAGC		
<i>NID2</i>	F	TGTACCGAGAGGACACCTCC	63°C	197 bp
	R	AGATGCCAAAACCTGCCTGGA		
<i>SERPINE1</i>	F	AGCAACTTGCTTGGGAAAGGAGC	60°C	205 bp
	R	CGGGCGTGGTGAAGTCAGTATAGTT		
<i>DSC2</i>	F	TGTTTACGCTGGTCTGTGGG	63°C	178 bp
	R	CCACAAACTCCCTGAGCAGA		

**Table S2.** Pyrosequencing primers

Gene	Orientation	Primer sequence (5' → 3')	Annellation	Product length	CpG sites
<i>SNAI1</i>	F	GTATTTGTTAGGGGAGTGGT	56°C	72 bp	6
	R	[Btn]-ACCACCCCCCTTTATCAC			
	seq.	GTTAGGGGAGTGGTTT			
<i>SNAI2</i>	F	[Btn]-GTTGGTTTGGTGTGGTGTAG	56°C	100 bp	5
	R	CCCTACCCCCCTAACTTCCAAATATAAT			
	seq.	CCTAACTTCCAAATATAATACAAC			
<i>ZEB1</i>	F	[Btn]-GTTGAAGTAGGATAATGGGGTTTGGGA	56°C	150 bp	8
	R	TTCCCTTAACACAACAACACAAATCAAT			
	seq.	AGGAGGGTGGGGGAG			
<i>TWIST1</i>	F	GAAGGGGAGGGAAGGGG	56°C	97 bp	3
	R	[Btn]-TAACAATTCCTCCTCCCA			
	seq.	GGGAGGGAAGGGGGAG			
<i>CDH1</i>	F	ATTTTAGTAATTTTAGGTTAGAGGGTTA	52°C	106 bp	7
	R	[Btn]-ACCACAACCAATCAACAAC			
	seq.	ACCACAACCAATCAACAAC			
<i>KRT19</i>	F	ATTGGAGATAGTTGTAGGAAGTTATG	56°C	70 bp	4
	R	[Btn]-AATCCCAACTTCTAAAACCAAAATTACTC			
	seq.	AGTTGTAGGAAGTTATGG			
<i>OCN</i>	F	[Btn]-TAGGGTGTGGGAAGTAGGAT	56°C	75 bp	4
	R	CCTCCTCCCTCCATAACCAATTCACCTAAA			
	seq.	ACCAATTCACCTAAAATC			
<i>STEAP1</i>	F	AGAGTGGGTGAGTTTTTTGAAT	56°C	106 bp	2
	R	[Btn]-CTACACCCTCCCAAACTA			
	seq.	GTGTTTTGTGAAGGTTGG			
<i>TSPAN13</i>	F	GGGTTAGGTTTTAAAGGTAAGGATAAAG	56°C	103 bp	5
	R	[Btn] CCCCCCAAACCATCTTAAAACCTATAATT			
	seq.	AGTAGTTGTTAGGGAATT			
<i>CDH2</i>	F	TAGATTGGGATAAAGATAATAGGATAGTAG	56 °C	95 bp	3
	R	[Btn]-CTTAATTACCAAACCTTACCTCCACCTTACC			
	seq.	GGATAGTAGAGTTTTTGTAG			
<i>FN1</i>	F	AGGGTTTTATTTTGTAGGTAGTTT	56 °C	93 bp	4
	R	[Btn]-ACAAATAATTCAACCCCAATCC			
	seq.	TGAGGTAGTTTGTTTTAGT			
<i>ITGA5</i>	F	TTGGGTTTTTGAATTTTGAGT	56°C	106 bp	4
	R	[Btn]-CCAAACAACCCACTTCCAATAAACT			
	seq.	GGTTTTTGAATTTTGAGTT			
<i>BMP2</i>	F	GGGGAAATAAGAGGTAGATTTTGAT	56°C	84 bp	6
	R	[Btn]-CCTCCACTCCCTACTCTCA			
	seq.	GATTTTGTATTTGTTTGGAT			
<i>NID2</i>	F	GTTTGGGGAGTAGGATGAGGTA	56°C	80 bp	4
	R	[Btn]-CAAAAAATCAAAATCTTCCCATCCC			
	seq.	GGAGTAGGATGAGGTAT			
<i>DSC2</i>	F	[Btn]-AGGGTGTAGTAGGAGTAGT	56°C	81 bp	4
	R	CCTACCCCCAACCCTCTCCATA			
	seq.	ACCCTCTCCATAAAAAAC			

**Table S3.** Gene expression changes after 2 days of exposure

Condition		CM			HY			CM+HY		
Cell line	Gene	FC	SEM	p-value	FC	SEM	p-value	FC	SEM	p-value
<b>BxPC-3</b>	<i>CCL5</i>	0.74	0.03	1.000	0.54	0.02	0.247	0.45	0.00	0.013
	<i>CXCR4</i>	2.20	0.21	1.000	118.50	2.87	<0.001	162.71	10.40	<0.001
	<i>VEGFA</i>	1.76	0.09	0.002	5.41	0.86	0.083	4.38	0.27	<0.001
	<i>SNAI1</i>	1.60	0.14	0.006	0.70	0.17	0.766	2.44	0.02	<0.001
	<i>SNAI2</i>	2.05	0.11	<0.001	1.19	0.27	0.993	0.70	0.02	<0.001
	<i>ZEB1</i>	1.54	0.10	0.186	0.51	0.00	0.003	1.68	0.02	0.006
	<i>ZEB2</i>	#			#			#		
	<i>TWIST1</i>	#			#			#		
	<i>CDH1</i>	1.45	0.08	0.273	0.46	0.22	0.131	0.70	0.08	0.735
	<i>KRT19</i>	1.13	0.13	0.944	2.35	0.14	0.003	1.50	0.07	0.003
	<i>OCN</i>	1.05	0.09	1.000	0.48	0.03	<0.001	0.41	0.03	<0.001
	<i>STEAP1</i>	1.17	0.07	0.349	0.54	0.04	<0.001	0.69	0.11	0.232
	<i>TSPAN13</i>	0.85	0.02	0.002	1.08	0.03	0.365	1.03	0.15	1.000
	<i>CDH2</i>	0.60	0.03	<0.001	1.51	0.05	<0.001	0.72	0.06	0.002
	<i>FN1</i>	0.72	0.03	0.003	7.20	0.20	<0.001	4.56	0.34	0.009
	<i>ITGA5</i>	1.53	0.05	1.000	9.80	0.32	<0.001	11.55	0.91	<0.001
	<i>BMP2</i>	0.87	0.06	0.406	2.86	0.28	0.016	2.69	0.05	<0.001
	<i>NID2</i>	1.53	0.33	0.762	1.23	0.03	0.288	0.69	0.05	0.042
	<i>SERPINE1</i>	2.55	0.21	0.011	3.11	0.09	0.009	5.21	0.53	0.025
	<i>DSC2</i>	1.13	0.04	1.000	2.56	0.37	0.007	3.90	0.52	<0.001
<b>MIA PaCa-2</b>	<i>CCL5</i>	3.96	0.21	<0.001	2.35	0.40	0.155	2.15	0.06	0.002
	<i>CXCR4</i>	1.43	0.36	1.000	38.3	1.62	<0.001	20.69	0.83	<0.001
	<i>VEGFA</i>	2.58	0.54	0.236	1.05	0.23	1.000	1.21	0.24	0.967
	<i>SNAI1</i>	0.26	0.05	<0.001	0.11	0.01	<0.001	0.51	0.16	0.232
	<i>SNAI2</i>	#			#			#		
	<i>ZEB1</i>	3.34	0.00	<0.001	0.39	0.04	0.001	0.67	0.10	0.038
	<i>ZEB2</i>	#			#			#		
	<i>TWIST1</i>	#			#			#		
	<i>CDH1</i>	#			#			#		
	<i>KRT19</i>	1.38	0.11	0.151	1.33	0.13	0.327	1.64	0.13	0.004
	<i>OCN</i>	3.57	0.21	0.004	1.16	0.05	0.282	0.09	0.00	<0.001
	<i>STEAP1</i>	#			#			#		
	<i>TSPAN13</i>	0.58	0.04	0.003	1.08	0.05	1.000	0.40	0.14	<0.001
	<i>CDH2</i>	#			#			#		
	<i>FN1</i>	1.17	0.23	0.986	1.67	0.09	0.004	1.89	0.18	0.035
	<i>ITGA5</i>	0.95	0.03	1.000	0.46	0.02	<0.001	0.36	0.14	<0.001
	<i>BMP2</i>	#			#			#		
	<i>NID2</i>	#			#			#		
	<i>SERPINE1</i>	10.39	0.37	<0.001	0.78	0.06	0.061	1.84	0.16	0.016
	<i>DSC2</i>	#			#			#		
<b>PANC-1</b>	<i>CCL5</i>	1.60	0.15	0.008	1.19	0.07	1.000	1.21	0.11	1.000
	<i>CXCR4</i>	0.66	0.22	1.000	12.78	0.98	<0.001	8.88	1.34	<0.001
	<i>VEGFA</i>	1.04	0.11	1.000	1.04	0.07	0.997	1.02	0.05	1.000
	<i>SNAI1</i>	0.81	0.01	0.020	0.49	0.15	0.155	0.40	0.12	0.067
	<i>SNAI2</i>	1.55	0.06	<0.001	1.07	0.05	0.926	0.78	0.13	0.598
	<i>ZEB1</i>	1.58	0.37	0.772	0.94	0.11	0.998	0.99	0.07	1.000
	<i>ZEB2</i>	#			#			#		

	<i>TWIST1</i>	#			#			#		
	<i>CDH1</i>	#			#			#		
	<i>KRT19</i>	0.92	0.12	0.990	0.74	0.05	0.008	0.67	0.03	<0.001
	<i>OCLN</i>	1.85	0.26	0.002	0.96	0.07	1.000	0.86	0.04	1.000
	<i>STEAP1</i>	#			#			#		
	<i>TSPAN13</i>	0.83	0.07	0.340	1.17	0.17	0.939	0.96	0.06	0.991
	<i>CDH2</i>	#			#			#		
	<i>FN1</i>	1.14	0.10	1.000	1.20	0.10	1.000	1.00	0.07	1.000
	<i>ITGA5</i>	1.03	0.12	1.000	1.01	0.15	1.000	0.95	0.13	0.999
	<i>BMP2</i>	#			#			#		
	<i>NID2</i>	#			#			#		
	<i>SERPINE1</i>	1.79	0.34	0.040	1.58	0.12	0.228	1.53	0.05	0.337
	<i>DSC2</i>	1.50	0.27	0.696	5.60	0.47	<0.001	4.04	0.19	<0.001
<b>SU.86.86</b>	<i>CCL5</i>	1.43	0.52	0.008	3.13	0.49	<0.001	3.08	0.85	0.003
	<i>CXCR4</i>	1.00	0.19	1.000	5.56	0.24	<0.001	7.22	0.61	<0.001
	<i>VEGFA</i>	8.13	0.06	<0.001	3.82	0.36	0.003	5.80	0.25	<0.001
	<i>SNAI1</i>	1.18	0.09	1.000	1.49	0.23	0.149	2.93	0.12	<0.001
	<i>SNAI2</i>	1.64	0.17	0.001	0.40	0.10	0.001	0.42	0.02	0.002
	<i>ZEB1</i>	2.13	0.14	<0.001	0.59	0.10	0.019	0.67	0.02	<0.001
	<i>ZEB2</i>	#			#			#		
	<i>TWIST1</i>	#			#			#		
	<i>CDH1</i>	1.05	0.08	1.000	2.52	0.14	<0.001	1.32	0.41	1.000
	<i>KRT19</i>	1.39	0.28	0.840	0.78	0.18	0.867	0.89	0.14	0.979
	<i>OCLN</i>	1.46	0.11	0.070	0.50	0.04	<0.001	0.95	0.22	1.000
	<i>STEAP1</i>	1.68	0.17	<0.001	0.36	0.10	<0.001	0.38	0.08	<0.001
	<i>TSPAN13</i>	1.12	0.11	1.000	0.74	0.14	0.694	0.74	0.16	0.851
	<i>CDH2</i>	2.04	0.22	0.055	1.05	0.04	0.864	1.43	0.13	0.151
	<i>FN1</i>	1.81	0.14	0.009	8.73	0.26	<0.001	19.14	1.21	<0.001
	<i>ITGA5</i>	1.66	0.04	1.000	8.37	0.30	<0.001	13.34	0.61	<0.001
	<i>BMP2</i>	1.25	0.12	1.000	7.09	0.51	<0.001	9.13	0.37	<0.001
	<i>NID2</i>	1.17	0.13	0.829	0.43	0.06	<0.001	1.30	0.30	0.948
	<i>SERPINE1</i>	3.01	0.35	0.054	4.89	0.75	<0.001	5.80	0.34	<0.001
	<i>DSC2</i>	1.42	0.07	<0.001	0.80	0.04	0.065	1.11	0.08	1.000

# Unexpressed in Controls (DMEM under normoxic conditions); CM, conditioned media in normoxia; HY, DMEM in hypoxia; CM+HY, CM in hypoxia

**Table S4.** Gene expression changes after 6 days of exposure

Condition		CM			HY			CM+HY		
Cell line	Gene	FC	SEM	p-value	FC	SEM	p-value	FC	SEM	p-value
<b>BxPC-3</b>	<i>CCL5</i>	0.81	0.19	0.825	1.26	0.08	0.790	1.07	0.08	1.000
	<i>CXCR4</i>	0.87	0.07	1.000	4.65	0.19	<0.001	10.39	0.86	<0.001
	<i>VEGFA</i>	1.21	0.03	0.282	1.90	0.12	0.038	2.30	0.11	<0.001
	<i>SNAI1</i>	1.00	0.26	0.991	0.90	0.14	0.980	1.00	0.07	1.000
	<i>SNAI2</i>	0.69	0.18	0.504	1.46	0.07	0.002	1.69	0.12	0.002
	<i>ZEB1</i>	#			#			#		
	<i>ZEB2</i>	1.76	0.42	1.000	2.62	0.48	0.314	3.73	0.73	0.043
	<i>TWIST1</i>	#			#			#		
	<i>CDH1</i>	0.54	0.03	0.008	0.72	0.07	0.424	0.41	0.00	<0.001
	<i>KRT19</i>	1.03	0.16	1.000	1.04	0.05	0.999	1.03	0.07	1.000
	<i>OCLN</i>	0.72	0.08	0.367	0.35	0.01	0.005	0.16	0.01	<0.001
	<i>STEAP1</i>	1.33	0.11	0.124	0.85	0.07	0.602	1.43	0.08	0.015
	<i>TSPAN13</i>	0.85	0.03	0.246	0.61	0.05	<0.001	0.51	0.02	<0.001
	<i>CDH2</i>	0.64	0.03	<0.001	0.95	0.05	1.000	0.34	0.02	<0.001
	<i>FN1</i>	0.69	0.10	0.201	3.79	0.20	<0.001	4.14	0.09	<0.001
	<i>ITGA5</i>	0.94	0.08	0.989	4.64	0.13	0.004	8.21	0.31	0.001
	<i>BMP2</i>	0.69	0.06	0.013	1.92	0.18	<0.001	1.90	0.08	<0.001
	<i>NID2</i>	0.65	0.21	0.780	0.99	0.04	1.000	0.42	0.05	0.318
	<i>SERPINE1</i>	2.22	0.15	<0.001	1.34	0.04	0.006	2.55	0.09	<0.001
	<i>DSC2</i>	0.96	0.18	0.999	1.31	0.22	0.990	1.28	0.12	0.955
	<i>DNMT1</i>	0.77	0.04	0.037	0.60	0.04	<0.001	0.40	0.01	<0.001
	<i>DNMT3A</i>	1.22	0.11	0.507	1.00	0.06	1.000	0.92	0.02	1.000
	<i>DNMT3B</i>	0.80	0.04	0.037	0.48	0.02	<0.001	0.32	0.01	0.018
	<i>TET1</i>	#			#			#		
<b>MIA PaCa-2</b>	<i>CCL5</i>	7.07	0.45	0.023	0.33	0.03	0.999	2.95	0.22	0.091
	<i>CXCR4</i>	6.72	0.54	<0.001	7.31	0.76	<0.001	24.36	1.18	<0.001
	<i>VEGFA</i>	1.44	0.53	1.000	1.89	0.46	1.000	2.56	0.62	0.617
	<i>SNAI1</i>	1.34	0.02	0.305	0.81	0.02	0.555	0.95	0.04	0.998
	<i>SNAI2</i>	#			#			#		
	<i>ZEB1</i>	0.75	0.02	0.830	0.52	0.03	0.393	1.01	0.01	1.000
	<i>ZEB2</i>	#			#			#		
	<i>TWIST1</i>	#			#			#		
	<i>CDH1</i>	#			#			#		
	<i>KRT19</i>	1.49	0.10	0.104	1.03	0.03	1.000	1.48	0.08	0.097
	<i>OCLN</i>	1.37	0.09	0.197	0.76	0.07	0.257	1.06	0.09	1.000
	<i>STEAP1</i>	#			#			#		
	<i>TSPAN13</i>	1.21	0.12	1.000	0.65	0.05	0.169	0.72	0.08	0.328
	<i>CDH2</i>	#			#			#		
	<i>FN1</i>	1.1	0.13	1.000	0.99	0.04	1.000	1.63	0.18	0.017
	<i>ITGA5</i>	1.9	0.25	1.000	0.96	0.15	0.235	1.8	0.19	1.000
	<i>BMP2</i>	#			#			#		
	<i>NID2</i>	#			#			#		
	<i>SERPINE1</i>	2.76	0.15	<0.001	1.14	0.04	0.287	4.15	0.21	<0.001
	<i>DSC2</i>	#			#			#		
	<i>DNMT1</i>	0.74	0.03	1.000	0.54	0.01	1.000	0.56	0.02	1.000
	<i>DNMT3A</i>	0.96	0.03	1.000	0.49	0.02	0.013	0.65	0.10	0.421
	<i>DNMT3B</i>	1.01	0.03	1.000	0.51	0.03	<0.001	0.51	0.04	<0.001

	<i>TET1</i>	1.96	0.24	0.011	1.01	0.22	0.995	3.11	0.27	<0.001
<b>PANC-1</b>	<i>CCL5</i>	2.48	0.40	0.184	0.71	0.14	0.812	1.14	0.11	1.000
	<i>CXCR4</i>	2.26	0.47	1.000	10.74	0.66	<0.001	25.61	1.99	<0.001
	<i>VEGFA</i>	0.96	0.25	0.991	2.46	0.16	0.001	2.00	0.07	0.007
	<i>SNAI1</i>	0.98	0.02	1.000	0.77	0.05	0.685	0.12	0.01	<0.001
	<i>SNAI2</i>	0.50	0.04	0.073	1.47	0.09	0.955	0.75	0.09	1.000
	<i>ZEB1</i>	1.35	0.06	0.037	0.85	0.05	0.401	0.73	0.02	0.026
	<i>ZEB2</i>	#			#			#		
	<i>TWIST1</i>	#			#			#		
	<i>CDH1</i>	#			#			#		
	<i>KRT19</i>	1.15	0.27	1.000	1.02	0.03	1.000	1.13	0.09	0.980
	<i>OCLN</i>	1.03	0.26	1.000	0.96	0.25	0.994	0.96	0.12	1.000
	<i>STEAP1</i>	#			#			#		
	<i>TSPAN13</i>	0.75	0.05	0.022	0.97	0.09	1.000	0.98	0.05	1.000
	<i>CDH2</i>	#			#			#		
	<i>FN1</i>	0.61	0.13	0.430	2.02	0.17	0.002	1.03	0.05	1.000
	<i>ITGA5</i>	1.11	0.30	1.000	0.88	0.24	0.965	1.32	0.02	0.745
	<i>BMP2</i>	#			#			#		
	<i>NID2</i>	#			#			#		
	<i>SERPINE1</i>	0.97	0.06	1.000	0.67	0.05	0.015	0.83	0.07	0.234
	<i>DSC2</i>	1.51	0.33	0.899	2.05	0.27	0.294	5.76	0.27	0.006
	<i>DNMT1</i>	0.74	0.08	0.556	0.44	0.02	0.006	0.29	0.16	0.039
	<i>DNMT3A</i>	0.52	0.03	0.110	0.34	0.03	0.013	0.45	0.02	0.057
	<i>DNMT3B</i>	0.85	0.14	0.893	0.25	0.07	0.022	0.21	0.09	0.013
	<i>TET1</i>	1.46	0.09	0.007	1.26	0.09	0.140	0.41	0.02	<0.001
<b>SU.86.86</b>	<i>CCL5</i>	0.75	0.02	0.024	1.47	0.13	0.006	1.60	0.12	<0.001
	<i>CXCR4</i>	1.68	0.21	0.102	6.03	1.37	0.004	7.95	0.86	<0.001
	<i>VEGFA</i>	2.81	0.50	0.015	6.07	1.03	0.037	18.91	0.66	<0.001
	<i>SNAI1</i>	1.67	0.10	0.642	0.34	0.09	0.021	2.34	0.06	0.084
	<i>SNAI2</i>	0.69	0.13	0.397	2.65	0.21	0.001	2.32	0.15	0.004
	<i>ZEB1</i>	#			#			#		
	<i>ZEB2</i>	1.02	0.19	1.000	0.86	0.07	1.000	1.77	0.17	0.069
	<i>TWIST1</i>	#			#			#		
	<i>CDH1</i>	0.92	0.03	0.996	1.15	0.21	1.000	1.19	0.05	0.925
	<i>KRT19</i>	0.93	0.08	1.000	1.32	0.17	0.536	1.77	0.10	0.003
	<i>OCLN</i>	1.28	0.15	0.067	1.52	0.10	0.704	1.57	0.11	0.080
	<i>STEAP1</i>	1.32	0.30	1.000	0.52	0.09	0.352	0.88	0.20	0.990
	<i>TSPAN13</i>	0.94	0.16	1.000	0.38	0.03	0.087	0.50	0.12	0.331
	<i>CDH2</i>	1.22	0.10	0.425	0.64	0.20	1.000	1.47	0.10	0.013
	<i>FN1</i>	1.50	0.06	0.032	11.11	1.41	<0.001	10.84	0.45	<0.001
	<i>ITGA5</i>	1.50	0.28	1.000	4.13	1.31	0.266	17.70	0.98	0.003
	<i>BMP2</i>	1.47	0.07	0.614	1.60	0.25	0.449	3.34	0.05	0.006
	<i>NID2</i>	1.94	0.20	0.007	0.73	0.05	0.920	2.58	0.44	0.081
	<i>SERPINE1</i>	1.41	0.09	0.340	2.57	0.97	1.000	5.07	0.69	<0.001
	<i>DSC2</i>	1.47	0.24	0.792	0.80	0.16	0.890	2.60	0.30	0.035
	<i>DNMT1</i>	0.90	0.07	0.733	0.54	0.03	<0.001	0.47	0.01	<0.001
	<i>DNMT3A</i>	0.91	0.03	0.722	0.63	0.08	0.064	0.77	0.02	0.050
	<i>DNMT3B</i>	0.90	0.04	0.978	0.58	0.04	0.001	0.48	0.01	<0.001
	<i>TET1</i>	1.32	0.14	0.442	1.01	0.06	1.000	1.32	0.13	0.258

# Unexpressed in Controls (DMEM under normoxic conditions); CM, conditioned media in normoxia; HY, DMEM in hypoxia; CM+HY, CM in hypoxia

**Table S5.** DNA methylation and gene expression changes after DAC treatment

Condition		DNA methylation				Gene expression			
		Control		DAC		P-value	DAC		
Cell line	Gene	%	SEM	%	SEM		FC	SEM	p-value
BxPC-3	<i>TWIST1</i>	77.43	0.53	57.66	1.83	<0.001	99.2 <sup>#</sup>		
	<i>CDH1</i>	na		na			1.79	0.27	0.042
	<i>KRT19</i>	na		na			0.48	0.05	0.001
	<i>OCN</i>	na		na			4.43	0.22	<0.001
	<i>STEAP1</i>	53.33	5.17	49.88	4.27	0.38	1.14	0.11	0.339
	<i>TSPAN13</i>	na		na			1.85	0.1	<0.001
	<i>CDH2</i>	88.49	3.43	67.85	3.90	0.002	4.79	0.41	0.004
	<i>FN1</i>	7.57	2.02	9.47	3.01	0.494	4.55	0.14	<0.001
	<i>ITGA5</i>	na		na			3.42	0.12	0.008
	<i>BMP2</i>	4.44	1.26	4.55	1.35	1.000	3.98	0.37	0.003
	<i>NID2</i>	93.51	0.40	68.38	3.42	<0.001	0.87	0.04	0.019
	<i>DSC2</i>	4.63	0.90	4.57	1.11	0.949	5.46	0.19	0.002
MIA PaCa-2	<i>TWIST1</i>	95.48	1.85	44.52	5.38	<0.001	15.4 <sup>#</sup>		
	<i>CDH1</i>	na		na			68.5 <sup>#</sup>		
	<i>KRT19</i>	na		na			9.34	0.31	<0.001
	<i>OCN</i>	na		na			1.56	0.11	0.005
	<i>STEAP1</i>	81.04	1.01	50.67	2.47	0.001	45.3 <sup>#</sup>		
	<i>TSPAN13</i>	na		na			7.97	0.16	<0.001
	<i>CDH2</i>	97.57	0.29	49.42	0.79	<0.001	356.5 <sup>#</sup>		
	<i>FN1</i>	83.09	4.58	54.17	1.39	<0.001	5.69	0.3	<0.001
	<i>ITGA5</i>	na		na			2.46	0.12	0.004
	<i>BMP2</i>	83.27	5.02	61.20	3.93	0.007	656. <sup>#</sup>		
	<i>NID2</i>	92.23	1.80	39.72	1.88	<0.001	631.4 <sup>#</sup>		
	<i>DSC2</i>	81.42	2.56	50.58	4.89	0.002	148.9 <sup>#</sup>		
PANC-1	<i>TWIST1</i>	95.39	2.13	42.34	3.39	<0.001	17.8 <sup>#</sup>		
	<i>CDH1</i>	na		na			106.4 <sup>#</sup>		
	<i>KRT19</i>	na		na			1.39	0.08	0.003
	<i>OCN</i>	na		na			1.66	0.07	0.001
	<i>STEAP1</i>	50.29	3.70	39.49	1.83	0.144	15.1 <sup>#</sup>		
	<i>TSPAN13</i>	na		na			2.36	0.23	<0.001
	<i>CDH2</i>	94.95	0.26	48.55	5.39	<0.001	282.1 <sup>#</sup>		
	<i>FN1</i>	86.50	0.63	50.73	5.90	<0.001	1.94	0.02	0.006
	<i>ITGA5</i>	na		na			1.37	0.16	0.075
	<i>BMP2</i>	79.24	2.83	66.02	2.03	0.114	749.4 <sup>#</sup>		
	<i>NID2</i>	87.42	0.04	45.13	6.61	<0.001	174.8 <sup>#</sup>		
	<i>DSC2</i>	36.27	3.33	30.71	2.49	0.040	46.85	11.15	<0.001
SU.86.86	<i>TWIST1</i>	95.07	2.99	74.15	3.69	<0.001	332.8 <sup>#</sup>		
	<i>CDH1</i>	na		na			1.52	0.13	0.004
	<i>KRT19</i>	na		na			0.59	0.04	<0.001
	<i>OCN</i>	na		na			2.32	0.21	0.002
	<i>STEAP1</i>	59.15	0.85	57.75	0.19	0.723	1.13	0.08	0.390
	<i>TSPAN13</i>	na		na			0.79	0.04	0.043
	<i>CDH2</i>	4.08	0.92	4.30	1.35	0.886	2.42	0.16	<0.001

<i>FN1</i>	6.80	1.51	5.93	0.29	0.717	10.23	0.69	0.029
<i>ITGA5</i>	na		na			3.97	0.2	<0.001
<i>BMP2</i>	3.50	0.02	4.54	1.58	0.478	2.93	0.21	0.016
<i>NID2</i>	36.55	2.07	35.69	4.11	0.715	6.5	0.39	<0.001
<i>DSC2</i>	5.12	1.42	6.38	2.63	0.442	2.65	0.18	0.002

---

na, not analyzed; # Unexpressed in Controls, Fold Change calculated based on ct = 40