

**SUPPLEMENTAL TABLE 1. Primers used for PCR amplification**

Primer name	Sequences (5'-3')*	Target sequences
FlgA1 <i>Bam</i> HI Upstream FW	AGTATGGATCCCGTCCTCGT CGTCCA	700 bp upstream of <i>flgA1</i> start codon, extension towards gene
FlgA1 Upstream Downstream RV	TGAACATTTGAATCTCCTCA CATAGATTTCGTGGGTTTGG	<i>flgA1</i> start codon, extension away from gene (fused with <i>flgA1</i> stop codon)
FlgA1 UpstreamDownstream m FW	CCAAACCCACGAAATCTATG TGAGGAGATTCAAATGTTCA	<i>flgA1</i> stop codon, extension away from gene (fused with <i>flgA1</i> start codon)
FlgA1 <i>Xba</i> I Downstream RV	AGCTTCTAGAAAATGAAAG GAAAGTTTCGG	700 bp downstream of <i>flgA1</i> stop codon, extension towards gene
FlgA1 <i>Nde</i> I FW	ATTAATCATATGTTTCGAAAA CATCAACGAA	<i>flgA1</i> start codon, extension towards gene
FlgA2 6-His <i>Eco</i> RI RV	TATATTGAATTCTCAGTGATG GTGATGGTGATGCGGGCCGC CCAGTTCGACGGGT	1 bp upstream of <i>flgA2</i> stop codon, extension towards gene
FlgA2 <i>Nde</i> I FW	ATTAATCATATGTTCAACAA CATCACTGACG	<i>flgA2</i> start codon, extension towards gene
FlgA1 6-His <i>Eco</i> RI RV	TATATTGAATTCTCAGTGATG GTGATGGTGATGCGGGCCGC CGAGCGCAATGGGGTC	1 bp upstream of <i>flgA1</i> stop codon, extension towards gene
N70QFV	CCACGGCTTGTTTCAGAAGA CCGCGAGG	Single mutation of the amino acid N with Q at position 70 (forward)
N70QRV	CCTCGCCGGTCTTCTGAACC AAGCCGTGG	Single mutation of the amino acid N with Q at position 70 (reverse)
N115QFW	CGAACCTCACCTACCAGGA CACCGTCACCGGC	Single mutation of the amino acid N with Q at position 115 (forward)
N115QRV	GCCGGTGACGGTGTCTGCTGGT AGGTGAGGGTTCG	Single mutation of the amino acid N with Q at position 115 (reverse)
N172Q	GGGTGACAACCCAGGGG ACGCCACGG	Single mutation of the amino acid N with Q at position 172 (forward)

N172Q	<u>CCGTGGCCGTCCCCTGGGTG</u> <u>TTGTCACCC</u>	Single mutation of the aminoacid N with Q at position 172 (reverse)
-------	---	---

\*Restriction endonuclease sites are underlined. Sequences encoding 6xHis tags are italicized

**Supplemental Table 2. Complete list of identified peptides of *Hfx. volcanii* Flagellin A1.** 35-kDa band from CsCl purification was excised from the gel and analysed using a nanoLC-QIT-MS/MS after digestion with trypsin, endoproteinase GluC or double digestion with both enzyme.

Peptide	MH+	DeltaM	z	P (pep)	Sf	XC	DeltaCn
Trypsin							
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	0.70	3	7.57E-09	0.98	6.14	0.63
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	1.23	3	1.02E-09	0.97	6.09	0.61
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	1.23	3	2.12E-11	0.97	5.99	0.49
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	1.06	3	4.63E-09	0.97	5.79	0.53
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	1.41	3	4.48E-08	0.98	5.57	0.59
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.90	3	6.81E-04	0.98	5.55	0.45
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	1.49	3	1.77E-13	0.97	5.51	0.51
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.27	2	2.77E-06	0.98	5.42	0.72
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.42	2	3.90E-09	0.98	5.37	0.68
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.53	2	2.55E-08	0.98	5.32	0.67
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.59	2	2.40E-09	0.98	5.24	0.71
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.67	3	1.20E-05	0.97	5.20	0.45
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	1.31	2	1.54E-08	0.98	5.17	0.71
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	1.44	3	4.86E-05	0.96	5.16	0.47
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.61	2	4.30E-08	0.98	5.16	0.70
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.44	2	2.43E-08	0.98	5.15	0.68
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.71	3	1.34E-02	0.96	5.08	0.36
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	0.91	3	1.87E-05	0.95	5.05	0.54
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.83	3	1.74E-06	0.98	5.04	0.43
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNDPIAL.-	2695.38	1.07	3	2.65E-07	0.97	5.01	0.59
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNNDPIAL.-	2679.38	1.33	2	1.19E-04	0.96	5.00	0.62
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.41	2	1.30E-05	0.98	4.98	0.71
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.51	2	1.15E-06	0.98	4.96	0.70
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	1.33	3	5.19E-07	0.97	4.93	0.46
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.93	3	4.82E-07	0.97	4.92	0.44
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.52	2	1.60E-09	0.97	4.90	0.71
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	1.73	3	3.39E-05	0.96	4.83	0.63
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.40	2	1.04E-08	0.97	4.81	0.68
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.76	3	2.05E-04	0.97	4.80	0.50
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGK.D	1842.98	0.44	2	3.34E-07	0.97	4.73	0.50
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.38	2	3.35E-07	0.98	4.71	0.69
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.74	3	4.93E-06	0.96	4.71	0.37
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.22	2	8.94E-11	0.97	4.70	0.73
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGK.D	1842.98	0.55	2	3.89E-05	0.97	4.65	0.52
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNNDPIAL.-	2679.38	1.19	2	3.90E-03	0.95	4.61	0.59
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNNDPIAL.-	2679.38	1.36	3	2.28E-07	0.95	4.59	0.60
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGK.D	1842.98	0.80	2	4.44E-07	0.95	4.58	0.50
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.37	2	2.33E-07	0.97	4.55	0.65
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	0.93	3	1.63E-06	0.95	4.55	0.66
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.51	2	9.47E-07	0.97	4.54	0.52
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.30	2	2.19E-05	0.97	4.53	0.63
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.60	3	1.26E-03	0.97	4.50	0.43
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNNDPIAL.-	2679.38	1.51	2	5.36E-05	0.93	4.48	0.56
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.46	2	1.11E-06	0.96	4.44	0.66
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.86	3	5.47E-03	0.96	4.42	0.51
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNNDPIAL.-	2679.38	1.43	2	4.96E-03	0.93	4.40	0.51
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	0.52	2	4.71E-09	0.95	4.39	0.66
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.28	2	1.58E-04	0.98	4.39	0.59
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	0.22	2	1.16E-08	0.94	4.37	0.60
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGK.D	1842.98	0.38	2	5.63E-05	0.97	4.36	0.53
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.34	2	1.18E-04	0.98	4.35	0.58
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	1.01	2	2.04E-09	0.96	4.35	0.69
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	1.07	3	1.31E-08	0.94	4.35	0.56
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNDPIAL.-	2695.38	1.78	3	1.25E-03	0.95	4.34	0.51
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNDPIAL.-	2695.38	1.48	3	5.89E-05	0.95	4.34	0.53

K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.47	2	1.41E-05	0.96	4.32	0.56
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.43	2	8.38E-06	0.97	4.32	0.54
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	1.14	3	3.34E-06	0.95	4.31	0.42
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNNDPIAL.-	2679.38	1.78	3	2.55E-09	0.96	4.29	0.51
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	0.15	2	3.40E-09	0.94	4.27	0.62
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGK.D	1842.98	0.72	2	3.78E-07	0.96	4.25	0.48
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNDPIAL.-	2695.38	1.06	2	1.20E-03	0.93	4.25	0.55
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	0.40	2	1.49E-06	0.93	4.25	0.63
K.LDITSRNGGTAQVILTMPQQLAGKDNNDPIAL.-	3364.75	1.64	3	3.74E-02	0.91	4.19	0.45
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.36	2	1.98E-04	0.97	4.19	0.60
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNNDPIAL.-	2679.38	1.23	2	5.95E-02	0.90	4.17	0.49
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.34	2	5.67E-04	0.97	4.17	0.58
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNDPIAL.-	2695.38	1.56	3	4.51E-06	0.95	4.15	0.59
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNDPIAL.-	2695.38	1.52	3	3.64E-07	0.93	4.15	0.58
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	1.07	2	4.61E-07	0.94	4.12	0.50
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	0.43	2	1.66E-03	0.91	4.12	0.55
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.55	2	1.26E-04	0.94	4.11	0.52
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.36	2	5.09E-04	0.97	4.10	0.56
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNDPIAL.-	2695.38	1.80	3	3.25E-02	0.92	4.09	0.63
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	0.84	2	1.37E-08	0.94	4.04	0.65
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.25	2	1.63E-09	0.97	4.04	0.69
K.LDITSRNGGTAQVILTMPQQLAGKDNNDPIAL.-	3364.75	1.44	3	2.42E-04	0.91	4.00	0.47
K.LDITSRNGGTAQVILTMPQQLAGKDNNDPIAL.-	3364.75	1.79	3	4.79E-03	0.84	3.99	0.45
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.22	2	9.99E-04	0.97	3.96	0.57
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNDPIAL.-	2695.38	1.78	2	1.04E-04	0.87	3.96	0.53
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.30	2	6.85E-06	0.92	3.96	0.54
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNDPIAL.-	2695.38	1.72	2	6.57E-04	0.88	3.92	0.47
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNNDPIAL.-	2679.38	1.99	2	8.04E-03	0.86	3.92	0.41
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	0.11	2	9.61E-06	0.93	3.89	0.55
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.16	2	3.11E-05	0.97	3.86	0.56
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNDPIAL.-	2695.38	1.44	3	4.27E-06	0.94	3.86	0.49
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	0.63	2	2.12E-09	0.92	3.86	0.65
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.35	2	1.89E-08	0.93	3.85	0.55
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.63	2	2.45E-08	0.93	3.85	0.63
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNNDPIAL.-	2679.38	1.88	2	2.73E-01	0.90	3.85	0.61
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.49	2	1.77E-10	0.95	3.84	0.60
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNNDPIAL.-	2679.38	1.79	2	8.79E-02	0.90	3.83	0.59
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	-0.14	1	7.93E-04	0.94	3.82	0.66
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	0.58	2	1.87E-09	0.93	3.80	0.63
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNDPIAL.-	2695.38	1.52	3	1.01E-04	0.90	3.77	0.50
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNNDPIAL.-	2679.38	1.36	2	9.60E-03	0.85	3.75	0.42
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNNDPIAL.-	2679.38	1.86	3	1.25E-07	0.95	3.75	0.58
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNDPIAL.-	2695.38	1.83	2	4.14E-04	0.90	3.74	0.65
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	0.48	2	3.55E-06	0.90	3.72	0.50
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	0.92	2	5.59E-05	0.93	3.70	0.64
K.LDITSRNGGTAQVILTMPQQLAGKDNNDPIAL.-	3364.75	1.87	3	3.77E-02	0.82	3.68	0.43
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNNDPIAL.-	2679.38	1.32	2	1.51E-02	0.84	3.67	0.43
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGK.D	1842.98	0.17	2	4.10E-04	0.91	3.66	0.49
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.36	2	2.47E-10	0.93	3.65	0.60
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	1.27	3	1.46E-01	0.92	3.60	0.41
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	-0.10	1	6.67E-05	0.93	3.58	0.67
K.LDITSRNGGTAQVILTMPQQLAGKDNNDPIAL.-	3364.75	1.88	3	4.13E-03	0.87	3.58	0.50
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	0.93	2	2.31E-05	0.90	3.57	0.61
K.LDITSRNGGTAQVILTMPQQLAGKDNNDPIAL.-	3364.75	1.82	3	2.80E-03	0.80	3.56	0.28
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGK.D	1842.98	1.97	3	6.85E-02	0.94	3.53	0.50
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.01	2	1.73E-04	0.96	3.50	0.55
K.LDITSRNGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNDPIAL.-	3380.75	1.96	3	1.21E-02	0.86	3.49	0.51
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.27	1	8.38E-05	0.88	3.48	0.62
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	1.15	2	2.28E-07	0.87	3.42	0.59
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.76	3	4.84E-04	0.94	3.42	0.60
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNDPIAL.-	2695.38	1.46	3	3.33E-08	0.90	3.39	0.45
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.14	2	3.89E-05	0.92	3.38	0.61
K.LDITSRNGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNDPIAL.-	3380.75	1.87	3	1.36E-02	0.84	3.34	0.52
K.LDITSRNGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNDPIAL.-	3380.75	1.33	3	1.08E-02	0.89	3.32	0.42

R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	0.44	2	5.38E-07	0.90	3.31	0.66
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.67	3	1.00E+00	0.86	3.26	0.57
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	1.01	2	5.30E-07	0.87	3.20	0.63
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.34	1	1.77E-05	0.90	3.14	0.57
K.LDITSRNGGTAQVILTMPQQLAGKDNNNDPIAL.-	3364.75	1.95	3	7.92E-02	0.73	3.13	0.43
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.34	2	5.07E-05	0.91	3.12	0.56
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNNDPIAL.-	2695.38	1.20	2	1.11E-03	0.75	3.10	0.43
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.11	2	1.52E-05	0.89	3.08	0.54
K.YLSETTAR.T	940.47	0.53	2	3.18E-05	0.95	3.08	0.52
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNNNDPIAL.-	2679.38	1.28	3	2.66E-07	0.93	3.01	0.58
K.LDITSRNGGTAQVILTMPQQLAGKDNNNDPIAL.-	3364.75	1.67	3	6.68E-02	0.75	3.01	0.33
K.LDITSRNGGTAQVILTMPQQLAGKDNNNDPIAL.-	3364.75	1.93	3	6.03E-01	0.77	3.00	0.46
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	-0.11	1	1.30E-03	0.89	2.99	0.67
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	0.94	2	1.93E-05	0.86	2.99	0.60
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNNDPIAL.-	2695.38	0.63	2	1.34E-04	0.84	2.99	0.59
R.NGGTAQVILTMPQQLAGK.D	1826.98	0.74	3	5.94E-02	0.89	2.98	0.50
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNNNDPIAL.-	2679.38	1.18	3	5.40E-03	0.83	2.95	0.51
R.NGGTAQVILTMPQQLAGK.D	1826.98	0.76	2	1.14E-02	0.79	2.94	0.52
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.92	2	1.85E-04	0.87	2.93	0.64
K.YLSETTAR.T	940.47	0.50	2	2.30E-03	0.92	2.90	0.54
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNNNDPIAL.-	2679.38	1.73	3	3.12E-03	0.87	2.88	0.47
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNNNDPIAL.-	2679.38	1.49	3	7.91E-03	0.89	2.87	0.50
K.LDITSRNGGTAQVILTMPQQLAGKDNNNDPIAL.-	3364.75	1.10	3	5.98E-01	0.78	2.87	0.44
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSETTAR.T	2456.25	0.02	2	4.36E-04	0.74	2.86	0.57
K.YLSETTAR.T	940.47	0.61	2	1.54E-04	0.93	2.86	0.50
R.NGGTAQVILTMPQQLAGK.D	1826.98	1.57	3	1.65E-01	0.75	2.76	0.16
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	-0.09	1	9.22E-01	0.88	2.74	0.69
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNNDPIAL.-	2695.38	1.38	3	4.53E-06	0.81	2.70	0.54
R.NGGTAQVILTMPQQLAGK.D	1826.98	0.72	2	2.54E-02	0.75	2.70	0.55
K.LDITSRNGGTAQVILTMPQQLAGKDNNNDPIAL.-	3364.75	1.20	3	8.58E-02	0.84	2.68	0.59
R.NGGTAQVILTMPQQLAGK.D	1826.98	0.46	3	2.24E-03	0.69	2.68	0.13
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNNDPIAL.-	2695.38	1.46	3	5.79E-02	0.82	2.67	0.50
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	0.78	2	7.71E-03	0.91	2.66	0.53
K.LDITSRNGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNNDPIAL.-	3380.75	1.37	3	2.16E-02	0.72	2.65	0.36
K.LDITSRNGGTAQVILTMPQQLAGKDNNNDPIAL.-	3364.75	1.96	3	3.62E-05	0.55	2.64	0.31
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	-0.14	1	2.76E-03	0.77	2.62	0.57
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNNDPIAL.-	2695.38	1.28	3	8.29E-02	0.78	2.61	0.47
K.YLSETTAR.T	940.47	0.16	2	8.64E-05	0.92	2.59	0.43
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNNDPIAL.-	2695.38	0.45	2	9.33E-06	0.58	2.59	0.46
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	-0.20	1	5.90E-01	0.72	2.56	0.61
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNNDPIAL.-	2695.38	1.91	3	1.41E-03	0.65	2.54	0.46
K.LDITSRNGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNNDPIAL.-	3380.75	1.75	3	4.51E-02	0.77	2.53	0.38
R.NGGTAQVILTMPQQLAGK.D	1826.98	1.28	2	2.32E-03	0.65	2.47	0.45
K.YLSETTAR.T	940.47	0.48	2	7.45E-05	0.93	2.39	0.51
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.05	1	2.14E-02	0.83	2.36	0.54
K.LDITSR.N	704.39	0.10	2	8.81E-02	0.89	2.36	0.29
K.TGEERTVDQIFLTVR.L	1763.93	1.70	2	1.81E-03	0.70	2.32	0.43
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNNDPIAL.-	2695.38	0.36	2	1.81E-05	0.74	2.31	0.56
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	-0.03	1	9.30E-01	0.54	2.30	0.29
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNNNDPIAL.-	2695.38	-0.87	2	4.87E-03	0.61	2.29	0.53
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNNNDPIAL.-	2679.38	1.05	2	1.32E-01	0.49	2.26	0.35
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.75	1	1.80E-02	0.60	2.23	0.56
K.YLSETTAR.T	940.47	0.30	2	3.35E-01	0.92	2.17	0.58
K.LDITSR.N	704.39	0.29	2	9.55E-02	0.75	2.11	0.31
K.LDITSR.N	704.39	0.32	2	5.63E-02	0.81	2.06	0.27
K.LDITSR.N	704.39	0.31	2	6.59E-02	0.78	2.05	0.39
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	-0.01	1	2.69E-01	0.33	1.91	0.50
K.DNNNDPIAL.-	871.42	-0.15	1	7.52E-03	0.65	1.79	0.56
K.DNNNDPIAL.-	871.42	-0.15	1	3.25E-02	0.68	1.77	0.60
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	-0.14	1	3.46E-01	0.05	1.77	0.16
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.08	1	9.42E-01	0.28	1.75	0.39
K.YLSETTAR.T	940.47	-0.02	1	1.15E-01	0.49	1.72	0.30
K.DNNNDPIAL.-	871.42	-0.11	1	4.98E-04	0.67	1.72	0.63
K.DNNNDPIAL.-	871.42	0.22	1	1.04E-02	0.27	1.70	0.44

	R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	-0.02	1	9.04E-01	0.11	1.66	0.26
	K.DNNDPIAL.-	871.42	0.17	1	2.09E-02	0.39	1.58	0.48
	K.DNNDPIAL.-	871.42	-0.08	1	1.79E-01	0.49	1.54	0.44
<b>GluC</b>	D.ITSRNGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	3152.64	1.66	3	2.99E-01	0.95	5.16	0.58
	D.ITSRNGGTAQVILTM*PQQLAGKDND.P	2758.38	1.97	3	2.04E-03	0.94	4.23	0.49
	D.ITSRNGGTAQVILTMPQQLAGKDNDPIAL.-	3136.64	1.06	3	2.34E-04	0.91	4.04	0.56
	D.ITSRNGGTAQVILTMPQQLAGKDNDPIAL.-	3136.64	0.92	3	1.54E-05	0.84	3.40	0.41
	E.DTTVKYLSE.T	1055.53	0.18	2	3.62E-04	0.94	3.31	0.48
	D.ITSRNGGTAQVILTMPQQLAGKDNDPIAL.-	3136.64	1.26	3	8.28E-04	0.83	3.31	0.53
	E.DTTVKYLSE.T	1055.53	0.27	2	3.81E-04	0.94	3.15	0.47
	D.ITSRNGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	3152.64	1.31	3	1.80E-02	0.77	3.12	0.38
	E.DTTVKYLSE.T	1055.53	-0.01	2	3.66E-04	0.93	2.92	0.54
	E.GDNTNGTATGQTVKLD.I	1591.76	1.13	2	4.32E-03	0.74	2.80	0.33
	E.DTTVKYLSE.T	1055.53	-0.15	1	4.60E-04	0.80	2.40	0.48
	E.DTTVKYLSE.T	1055.53	0.52	1	6.40E-02	0.82	2.27	0.52
	E.GDNTNGTATGQTVKLD.I	1591.76	1.34	2	1.02E-02	0.23	2.15	0.20

### Trypsin and GluC

	R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDND.P	2285.12	1.39	3	7.88E-05	0.98	5.98	0.58
	R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDND.P	2285.12	0.37	2	8.14E-07	0.97	5.61	0.58
	R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDND.P	2285.12	0.73	3	3.63E-04	0.97	5.58	0.62
	R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDND.P	2285.12	1.58	3	1.47E-03	0.98	5.38	0.55
	R.NGGTAQVILTM*PQQLAGK.D	1842.98	0.24	2	2.56E-06	0.98	5.25	0.53
	R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDND.P	2285.12	0.24	2	4.24E-06	0.96	5.20	0.60
	R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDND.P	2285.12	1.03	2	1.49E-05	0.96	5.15	0.60
	R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDND.P	2285.12	1.42	3	2.11E-03	0.96	5.00	0.54
	R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	2695.38	0.94	3	2.07E-05	0.97	4.97	0.61
	R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	2695.38	1.26	3	1.88E-07	0.98	4.94	0.65
	R.NGGTAQVILTM*PQQLAGK.D	1842.98	0.46	2	2.75E-08	0.97	4.90	0.53
	R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.41	2	9.39E-08	0.97	4.87	0.64
	R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	0.19	2	5.74E-07	0.97	4.85	0.58
	R.NGGTAQVILTM*PQQLAGK.D	1842.98	0.41	2	1.68E-05	0.97	4.81	0.50
	R.NGGTAQVILTM*PQQLAGK.D	1842.98	0.88	2	5.50E-05	0.97	4.74	0.54
	R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNDPIAL.-	2679.38	1.24	2	3.31E-03	0.93	4.68	0.66
	R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDND.P	2285.12	1.60	3	2.26E-03	0.93	4.65	0.45
	R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	2695.38	0.31	3	5.30E-05	0.95	4.64	0.60
	R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDND.P	2285.12	1.61	3	5.14E-05	0.95	4.60	0.55
	R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSE.T	2027.02	1.03	2	2.08E-05	0.96	4.57	0.63
	R.NGGTAQVILTM*PQQLAGK.D	1842.98	0.85	2	6.80E-08	0.96	4.52	0.50
	R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDND.P	2285.12	1.38	2	2.06E-05	0.95	4.51	0.54
	E.ERTVDQIFLTVR.L	1476.82	0.56	2	4.97E-06	0.97	4.49	0.43
	R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	2695.38	0.47	2	1.79E-04	0.94	4.44	0.63
	R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.37	2	7.22E-04	0.97	4.43	0.50
	R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDND.P	2285.12	1.73	2	4.08E-02	0.93	4.42	0.48
	R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNDPIAL.-	2679.38	1.34	2	2.95E-04	0.91	4.39	0.54
	R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	2695.38	1.55	3	1.58E-06	0.95	4.38	0.64
	R.NGGTAQVILTMPQQLAGK.D	1826.98	0.68	3	4.90E-02	0.94	4.36	0.32
	R.NGGTAQVILTMPQQLAGK.D	1826.98	0.72	3	4.59E-03	0.95	4.36	0.48
	R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDND.P	2301.12	1.37	2	3.71E-07	0.95	4.35	0.46
	R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNDPIAL.-	2679.38	1.46	2	1.43E-04	0.91	4.32	0.59
	R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.27	2	3.19E-04	0.97	4.29	0.58
	R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	2695.38	0.48	2	3.71E-03	0.94	4.26	0.65
	R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.81	2	2.13E-03	0.96	4.26	0.47
	R.LAAGSGSVSLE.D	990.51	0.05	2	1.28E-05	0.97	4.24	0.42
	R.NGGTAQVILTM*PQQLAGK.D	1842.98	0.68	2	3.65E-04	0.94	4.20	0.53
	R.LAAGSGSVSLE.D	990.51	0.10	2	1.12E-05	0.97	4.18	0.40
	R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNDPIAL.-	2679.38	1.50	3	3.08E-05	0.93	4.11	0.47
	R.LAAGSGSVSLE.D	990.51	0.10	2	1.65E-05	0.97	4.07	0.42
	R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.78	2	4.85E-04	0.97	4.06	0.52
	R.LAAGSGSVSLE.D	990.51	0.13	2	3.02E-06	0.97	4.02	0.37
	R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNDPIAL.-	2679.38	1.60	2	1.70E-04	0.87	4.01	0.56
	R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	2695.38	1.48	2	3.91E-04	0.90	4.00	0.64

E.RTVDQIFLTVR.L	1347.77	0.43	2	1.72E-04	0.97	3.99	0.53
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	2695.38	1.65	2	6.85E-04	0.91	3.98	0.57
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.84	2	7.29E-06	0.97	3.97	0.58
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNDPIAL.-	2679.38	1.81	2	1.67E-04	0.84	3.97	0.43
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNDPIAL.-	2679.38	1.50	3	1.51E-03	0.94	3.96	0.60
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.14	2	1.58E-04	0.97	3.95	0.53
E.RTVDQIFLTVR.L	1347.77	0.54	3	4.77E-03	0.93	3.94	0.26
E.RTVDQIFLTVR.L	1347.77	0.35	3	1.46E-03	0.94	3.93	0.38
E.RTVDQIFLTVR.L	1347.77	0.35	2	6.10E-04	0.96	3.93	0.50
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.14	2	6.83E-03	0.96	3.90	0.56
E.ERTVDQIFLTVR.L	1476.82	0.84	2	1.18E-08	0.95	3.89	0.39
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	2695.38	0.87	2	3.49E-03	0.90	3.88	0.58
E.GDNTNGTATGQTVKLD.I	1591.76	1.71	2	4.37E-02	0.90	3.85	0.44
E.GDNTNGTATGQTVKLD.I	1591.76	1.58	2	6.24E-03	0.91	3.85	0.50
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNDPIAL.-	2679.38	2.00	3	3.71E-05	0.93	3.84	0.42
E.ERTVDQIFLTVR.L	1476.82	0.24	3	7.04E-04	0.94	3.84	0.34
R.LAAGSGSVSLE.D	990.51	0.21	2	1.55E-04	0.97	3.83	0.51
R.LAAGSGSVSLE.D	990.51	0.06	2	2.93E-06	0.96	3.83	0.37
E.ERTVDQIFLTVR.L	1476.82	0.80	3	7.29E-04	0.93	3.81	0.43
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNDPIAL.-	2679.38	1.88	3	5.29E-06	0.93	3.79	0.59
E.RTVDQIFLTVR.L	1347.77	0.40	2	3.59E-04	0.96	3.78	0.47
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.43	2	2.98E-03	0.97	3.78	0.55
E.RTVDQIFLTVR.L	1347.77	0.45	2	4.01E-09	0.95	3.77	0.51
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSE.T	2027.02	0.39	2	4.02E-02	0.93	3.75	0.57
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNDPIAL.-	2679.38	0.98	2	1.57E-03	0.87	3.74	0.53
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSE.T	2027.02	-0.22	2	3.39E-07	0.96	3.72	0.57
E.RTVDQIFLTVR.L	1347.77	0.49	3	2.90E-03	0.91	3.69	0.25
E.RTVDQIFLTVR.L	1347.77	0.61	3	1.12E-03	0.93	3.68	0.29
E.RTVDQIFLTVR.L	1347.77	0.58	2	4.34E-06	0.95	3.66	0.47
E.RTVDQIFLTVR.L	1347.77	0.44	3	2.35E-03	0.94	3.65	0.33
E.ERTVDQIFLTVR.L	1476.82	0.42	2	6.32E-05	0.95	3.60	0.39
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.12	2	3.48E-06	0.95	3.58	0.47
E.RTVDQIFLTVR.L	1347.77	0.97	2	1.19E-01	0.96	3.58	0.50
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	2695.38	0.95	3	4.22E-04	0.90	3.52	0.42
E.ERTVDQIFLTVR.L	1476.82	0.48	3	9.61E-07	0.89	3.51	0.40
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	0.68	2	5.02E-05	0.94	3.51	0.47
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDND.P	2301.12	1.42	2	1.28E-04	0.88	3.49	0.34
E.DTTVKYLSE.T	1055.53	0.28	2	3.37E-02	0.95	3.46	0.36
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	2695.38	0.64	2	5.81E-03	0.90	3.45	0.63
E.ERTVDQIFLTVR.L	1476.82	0.68	2	1.69E-03	0.93	3.44	0.27
E.DTTVKYLSE.T	1055.53	0.40	2	3.40E-03	0.95	3.38	0.41
E.ERTVDQIFLTVR.L	1476.82	0.40	3	1.07E-04	0.86	3.38	0.33
E.GDNTNGTATGQTVKLD.I	1591.76	1.41	2	4.80E-01	0.90	3.38	0.49
R.NGGTAQVILTMPQQLAGK.D	1826.98	1.99	3	4.24E-01	0.88	3.36	0.19
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDND.P	2285.12	-0.05	2	1.91E-02	0.85	3.35	0.48
R.NGGTAQVILTMPQQLAGK.D	1826.98	1.48	3	2.11E-02	0.86	3.30	0.26
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDND.P	2285.12	1.15	2	6.07E-06	0.77	3.28	0.38
E.DTTVKYLSE.T	1055.53	0.16	2	1.02E-03	0.95	3.20	0.40
E.ERTVDQIFLTVR.L	1476.82	0.86	3	4.42E-01	0.90	3.19	0.36
E.DTTVKYLSE.T	1055.53	-0.04	2	2.87E-04	0.94	3.18	0.44
E.ERTVDQIFLTVR.L	1476.82	1.88	2	1.04E-03	0.92	3.18	0.36
E.DTTVKYLSE.T	1055.53	0.73	2	2.76E-04	0.94	3.17	0.38
E.GDNTNGTATGQTVKLD.I	1591.76	1.45	2	3.01E-02	0.89	3.09	0.44
E.RTVDQIFLTVR.L	1347.77	0.49	3	6.20E-03	0.86	3.07	0.31
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	2695.38	1.91	3	1.95E-04	0.83	3.03	0.33
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSE.T	2027.02	1.12	2	4.89E-02	0.82	3.03	0.42
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNDPIAL.-	2679.38	1.58	3	9.55E-05	0.89	2.97	0.44
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNDPIAL.-	2679.38	1.35	3	1.71E-02	0.65	2.93	0.21
R.NGGTAQVILTMPQQLAGK.D	1826.98	1.14	2	2.33E-07	0.83	2.92	0.34
R.NGGTAQVILTMPQQLAGK.D	1826.98	1.11	2	2.70E-03	0.84	2.92	0.39
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	2695.38	1.19	2	3.86E-04	0.66	2.91	0.41
R.NGGTAQVILTMPQQLAGK.D	1942.01	1.56	2	1.06E-05	0.81	2.88	0.31
E.DTTVKYLSE.T	1055.53	0.11	2	1.29E-03	0.91	2.88	0.37
E.GDNTNGTATGQTVKLD.I	1591.76	1.19	2	1.03E-07	0.87	2.84	0.34

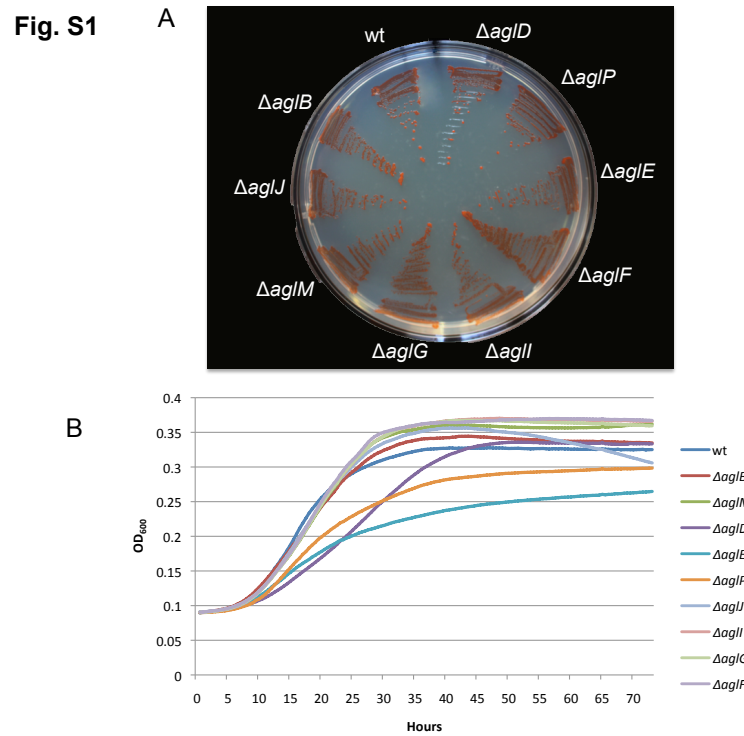
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	2695.38	0.63	3	5.76E-05	0.82	2.79	0.47
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNDPIAL.-	2679.38	1.39	3	1.93E-06	0.85	2.78	0.43
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKD.N	1942.01	1.51	2	4.85E-04	0.84	2.75	0.32
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	2695.38	1.71	3	3.15E-02	0.85	2.73	0.46
R.LAAGSGSVSLEDTTVKYLSE.T	2027.02	1.58	2	9.64E-05	0.82	2.73	0.49
R.NGGTAQVILTMPQQLAGK.D	1826.98	1.09	3	7.19E-01	0.70	2.70	0.25
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNDPIAL.-	2679.38	0.87	3	4.62E-03	0.73	2.67	0.43
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	2695.38	1.49	2	6.55E-03	0.49	2.67	0.34
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	1.14	2	8.61E-02	0.89	2.67	0.33
E.ERTVDQIFLTVR.L	1476.82	0.39	2	6.02E-04	0.80	2.67	0.21
R.NGGTAQVILTMPQQLAGK.D	1826.98	1.76	2	1.37E-03	0.68	2.56	0.27
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	2695.38	0.71	3	1.21E-03	0.83	2.54	0.54
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDND.P	2285.12	0.31	2	2.18E-06	0.69	2.50	0.58
D.TTVKYLSE.T	940.50	0.23	2	2.20E-01	0.90	2.47	0.49
R.NGGTAQVILTM*PQQLAGKDNDPIAL.-	2695.38	0.57	2	3.08E-01	0.69	2.28	0.60
R.LAAGSGSVSLEDTTVK.Y	1534.80	1.23	2	9.30E-01	0.56	2.23	0.43
R.NGGTAQVILTMPQQLAGKDNDPIAL.-	2679.38	1.55	2	2.81E-02	0.44	2.23	0.37
D.TTVKYLSE.T	940.50	0.23	2	1.10E-02	0.83	2.16	0.43
R.TVDQIFLTVR.L	1191.67	1.11	2	5.84E-01	0.82	2.13	0.24
K.DNDPIAL.-	871.42	0.97	1	2.66E-01	0.42	1.92	0.27
K.DNDPIAL.-	871.42	-0.22	1	1.85E-02	0.52	1.91	0.34
K.DNDPIAL.-	871.42	0.88	1	9.87E-02	0.37	1.84	0.23
D.QIFLTVR.L	876.53	-0.04	1	5.38E-01	0.14	1.79	0.01
K.DNDPIAL.-	871.42	1.03	1	3.37E-01	0.23	1.68	0.27
R.LAAGSGSVSLE.D	990.51	0.01	1	4.53E-01	0.20	1.66	0.40
R.LAAGSGSVSLE.D	990.51	-0.37	1	7.98E-01	0.03	1.53	0.09

\*methionine oxidation

1  
2



1



2

3 **Figure S1. Growth rates of most *agl* mutants do not correlate to motility**

4 **defects.** *Hfx. volcanii* H53 (wt) and  $\Delta agl$  strains were grown on 1.5% MGM agar

5 medium at 45°C for 4 days (A). Growth curves of *Hfx. volcanii* H53 (wt) and  $\Delta agl$

6 strains incubated in MGM liquid media at 45°C (B). Cell densities were determined by

7 measuring optical densities at 600 nm.

8

