

Table S2: List of protein identifications in *Clostridium difficile* exoproteome after SDS-PAGE, tryptic digestion, LC-MS/MS and database search (Mascot)

Protein_Name	Protein_ID	Coverage (%)	Peptides unique
Cell surface protein (S-layer protein) OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=slpA	Q183M8 Q183M8_CLOD6	80	63
Flagellin subunit OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=fliC	Q18CX7 Q18CX7_CLOD6	74	31
Flagellar hook-associated protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=flgL	Q18CX5 Q18CX5_CLOD6	71	24
Flagellar cap protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=fliD	Q18CX9 Q18CX9_CLOD6	69	51
Rubrerythrin OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=rbr	Q18A24 Q18A24_CLOD6	67	17
Putative cell-wall hydrolase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2768	Q183K6 Q183K6_CLOD6	61	11
Acetyl-CoA acetyltransferase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=thlA	Q18AR0 THLA_CLOD6	58	14
Putative flagellar hook-associated protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=flgK	Q18CW5 Q18CW5_CLOD6	55	20
Putative fructose-bisphosphate aldolase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=fba	Q188J1 Q188J1_CLOD6	50	11
Aldehyde-alcohol dehydrogenase [includes: alcohol dehydrogenase and pyruvate-formate-lyase deactivase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=albA]	Q184F6 Q184F6_CLOD6	48	33
Enolase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=eno	Q181T5 ENO_CLOD6	48	20
Cell surface protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2767	Q183K2 Q183K2_CLOD6	48	28
Putative exported protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2830	Q183R7 Q183R7_CLOD6	47	10
Elongation factor G OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=fusA	Q18CF4 EFG_CLOD6	47	28
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2 OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=gapB	Q181T9 Q181T9_CLOD6	47	14
ABC transporter, substrate-binding lipoprotein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD0873	Q18A65 Q18A65_CLOD6	45	11
Cell surface protein (Putative S-layer protein) OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2791	Q183M5 Q183M5_CLOD6	44	25
Putative transglycosylase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD0226	Q18CX0 Q18CX0_CLOD6	44	10
Cell surface protein (Putative penicillin-binding protein) OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD1469	Q18BY9 Q18BY9_CLOD6	43	54
Putative polysaccharide deacetylase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD1522	Q18C42 Q18C42_CLOD6	43	12
Cell surface protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2784	Q183L9 Q183L9_CLOD6	42	29
Putative flagellar basal-body rod protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD0269	Q18D04 Q18D04_CLOD6	42	8
Putative cold shock protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=cspB	Q18BL9 Q18BL9_CLOD6	41	2
Triosephosphate isomerase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=tpi	Q181T6 Q181T6_CLOD6	40	9
Cell surface protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2193	Q185Y1 Q185Y1_CLOD6	39	18
Flagellar hook protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=flgE	Q18CZ4 Q18CZ4_CLOD6	39	10
Putative exported protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD1156	Q18B20 Q18B20_CLOD6	37	16
Putative cell wall hydrolase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD0183	Q18CS3 Q18CS3_CLOD6	36	10
30S ribosomal protein S8 OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=rpsH	Q18CH0 RS8_CLOD6	36	6
Formate acetyltransferase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=plfB	Q189V5 Q189V5_CLOD6	35	19
Oligopeptide ABC transporter, substrate-binding protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=appA	Q183A6 Q183A6_CLOD6	34	17
Putative cell wall hydrolase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD1135	Q18AZ7 Q18AZ7_CLOD6	33	12
Cell surface protein (Putative N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase) OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD1035	Q18AN5 Q18AN5_CLOD6	31	19

Protein_Name	Protein_ID	Coverage	Peptides unique
Putative peptidoglycan-binding/hydrolysing protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2388	Q181X4 Q181X4_CLOD6	31	8
Rubredoxin oxidoreductase (Desulfoferrodoxin) OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=rbo	Q18A22 Q18A22_CLOD6	30	3
Cell surface protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=cwp66	Q183M7 Q183M7_CLOD6	30	17
Pyruvate-flavodoxin oxidoreductase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=nifJ	Q183B6 Q183B6_CLOD6	30	35
Putative oxidative stress protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD0828	Q18A21 Q18A21_CLOD6	29	11
Putative membrane protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2127	Q185R5 Q185R5_CLOD6	29	6
Cell surface protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2798	Q183N5 Q183N5_CLOD6	29	10
Putative basal-body rod modification protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=flgD	Q18CZ5 Q18CZ5_CLOD6	29	4
Acd OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=acd	Q5S4P9 Q5S4P9_CLOD6	28	15
Putative exported protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2797	Q183N3 Q183N3_CLOD6	28	51
Putative multidrug efflux pump, outer membrane protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2408	Q181Z3 Q181Z3_CLOD6	27	9
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=ppiB	Q18D70 Q18D70_CLOD6	26	3
Proline racemase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD3237	Q17ZY4 PRAC_CLOD6	26	7
Putative exported protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD3043	Q184N0 Q184N0_CLOD6	25	6
Cell surface protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD0844	Q18A40 Q18A40_CLOD6	25	8
3-hydroxybutyryl-CoA dehydrogenase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=hbd	Q18AQ7 Q18AQ7_CLOD6	25	4
Surface surface protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2794	Q183N1 Q183N1_CLOD6	24	14
Putative propanediol utilization protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2683	Q183B8 Q183B8_CLOD6	24	4
Putative rubrerythrin OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD1524	Q18C45 Q18C45_CLOD6	23	3
Probable amino-acid ABC transporter,substrate-binding protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2177	Q185W5 Q185W5_CLOD6	23	4
Phosphoglycerate kinase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=pgk	Q181T8 PGK_CLOD6	23	5
Cell surface protein (Putative cell surface-associated cysteine protease) OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=cwp84	Q183M1 Q183M1_CLOD6	22	12
Leucyl-tRNA synthetase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=leuS	Q182K8 SYL_CLOD6	21	14
Putative cell wall hydrolase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2402	Q181Y8 Q181Y8_CLOD6	21	8
Flagellar basal-body rod protein FlgG OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=flgG	Q18D05 Q18D05_CLOD6	21	4
Putative flagellar hook-length control protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=fliK	Q18CZ6 Q18CZ6_CLOD6	20	9
NAD-specific glutamate dehydrogenase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=gluD	Q18CS0 Q18CS0_CLOD6	20	6
Phosphate butyryltransferase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=ptb	Q18CK4 Q18CK4_CLOD6	20	4
Elongation factor Tu OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=tuf1	Q18CE4 EFTU_CLOD6	20	5
Pyruvate kinase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=pykF	Q180P2 Q180P2_CLOD6	19	10
6-phosphofructokinase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=pfkA	Q180P4 K6PF_CLOD6	19	6
Acyl-CoA dehydrogenase, short-chain specific OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=acdB	Q188I5 Q188I5_CLOD6	19	4
Proline reductase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=prdB	Q17ZY6 Q17ZY6_CLOD6	18	3
Putative exported protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD3669	Q181S4 Q181S4_CLOD6	18	4
Signal peptidase I OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=sip3	Q18BJ6 Q18BJ6_CLOD6	18	2

Protein_Name	Protein_ID	Coverage	Peptides unique
Putative NUDIX-family hydrolase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD0790	Q189Y6 Q189Y6_CLOD6	18	2
Putative chorismate biosynthesis-related protein [includes: phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase and chorismate muta	Q187E1 Q187E1_CLOD6	18	4
Glucosamine-fructose-6-phosphate aminotransferase [isomerizing] OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=glmS	Q18CK9 Q18CK9_CLOD6	17	6
Putative uncharacterized protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2790	Q183M6 Q183M6_CLOD6	17	4
Shikimate kinase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=aroK	Q187E9 Q187E9_CLOD6	16	2
Cell surface protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2795	Q183N0 Q183N0_CLOD6	16	7
Tellurium resistance protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD1635	Q186J1 Q186J1_CLOD6	15	2
Cell surface protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD3192	Q181V6 Q181V6_CLOD6	15	6
Putative amino acid aminotransferase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD3664	Q181R8 Q181R8_CLOD6	15	3
Putative peptidase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD1086	Q18AU1 Q18AU1_CLOD6	14	4
Putative 2-hydroxyacyl-CoA dehydratase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD1749	Q186V7 Q186V7_CLOD6	14	4
50S ribosomal protein L1 OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=rplA	Q18CE9 RL1_CLOD6	14	2
60 kDa chaperonin OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=groL	Q18CT5 CH60_CLOD6	13	4
Putative uncharacterized protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD0577	Q189C2 Q189C2_CLOD6	12	2
DNA-directed RNA polymerase subunit beta' OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=rpoC	Q18CF3 RPOC_CLOD6	11	10
Prolyl-tRNA synthetase 2 OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=proS2	Q18CD7 SYP2_CLOD6	11	4
Proline reductase subunit proprotein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=prdA	Q17ZY9 Q17ZY9_CLOD6	11	5
DNA-directed RNA polymerase subunit beta OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=rpoB	Q18CF1 RPOB_CLOD6	11	11
Glucose-6-phosphate isomerase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=pgi	Q180C9 G6PI_CLOD6	10	3
Putative uncharacterized protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD0672	Q189L6 Q189L6_CLOD6	10	2
Phosphoenolpyruvate-protein phosphotransferase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=ptsI	Q183J1 Q183J1_CLOD6	10	4
Cell surface protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2796	Q183N2 Q183N2_CLOD6	10	3
Putative exported protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD3366	Q180L0 Q180L0_CLOD6	9	2
Cell surface protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2518	Q182K4 Q182K4_CLOD6	9	3
Chaperone protein dnaK OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=dnaK	Q182E8 DNAK_CLOD6	9	4
Subunit of oxygen-sensitive 2-hydroxyisocaproyl-CoA dehydratase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=hadB	Q188I1 Q188I1_CLOD6	9	3
Phenylalanyl-tRNA synthetase beta chain OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=pheT	Q189P6 Q189P6_CLOD6	8	5
(R)-2-hydroxyisocaproate dehydrogenase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=idhA	Q188H7 Q188H7_CLOD6	8	3
Spermidine synthase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=speE	Q18A85 SPEE_CLOD6	8	2
Putative lipoprotein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD0545	Q188Y7 Q188Y7_CLOD6	8	2
Butyrate kinase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=buk	Q18CK3 Q18CK3_CLOD6	8	2
Electron transfer flavoprotein alpha-subunit OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=etfA1	Q188I8 Q188I8_CLOD6	8	2
Putative penicillin-binding protein repressor OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2765	Q183K0 Q183K0_CLOD6	8	3
Glycyl-tRNA synthetase beta subunit OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=glyS	Q182B8 SYGB_CLOD6	7	3
Cell surface protein (Putative hemagglutinin/adhesin) OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD0514	Q188W0 Q188W0_CLOD6	7	10

Protein_Name	Protein_ID	Coverage	Peptides unique
Prolyl-tRNA synthetase 1 OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=proS1	Q18CD2 SYP1_CLOD6	7	3
Phosphomethylpyrimidine synthase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=thiC	Q186R0 THIC_CLOD6	7	2
Putative O-acetylhomoserine sulfhydrylase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=cysD	Q187D4 Q187D4_CLOD6	6	2
Aspartyl-tRNA synthetase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=aspS	Q183H4 Q183H4_CLOD6	6	3
Oligopeptide ABC transporter, substrate-binding lipoprotein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=oppA	Q18A51 Q18A51_CLOD6	6	2
GMP synthase [glutamine-hydrolyzing] OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=guaA	Q18CT8 GUAA_CLOD6	5	3
Penicillin-binding protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD0781	Q189X7 Q189X7_CLOD6	4	2
Putative serine-aspartate-rich surface anchored fibrinogen-binding protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD3145	Q184Y2 Q184Y2_CLOD6	3	2
Valyl-tRNA synthetase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=vals	Q180A1 Q180A1_CLOD6	3	2
Alanyl-tRNA synthetase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=alaS	Q18BE7 SYA_CLOD6	3	2
Putative collagen-binding protein OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2831	Q183R6 Q183R6_CLOD6	2	2
Isoleucyl-tRNA synthetase OS=Clostridium difficile (strain 630) GN=CD2618	Q182V2 Q182V2_CLOD6	2	2