

Table S2. Integration of the transcriptome and proteomic data using ProteinPilot™ tool.

Underlined sequences are matched to 99% confidence to the MS/MS fragments obtained from reduced-alkylated and reduced-alkylated-trypsin digested extracted venom from *C. flavidus* (FLA), *C. frigidus* (FRI) collected from One Tree Island reef.

Sequence ID	Seq. Freq.	Mature Sequence	Cystein Mod.	FLA	FRI
FLA_01_A	155	<u>DCCNDPACAVNHQDLCT</u>	Y	✓	✓
FLA_05_A	4	<u>DCCSSVACAHHTPSC</u>	Y	✓	0
FLA_12_A	2	<u>GCCSDPPCARHNPAC</u>	Y	✓	0
FLA_14_A	2	<u>GCCSNPPCAHINPDC</u>	Y	✓	0
FLA_15_A*	8	<u>GCCSNPPCAHLNPAC</u>	Y	✓	✓
FLA_17_A	336	<u>GCCSNPPCALNNPDC</u>	Y	✓	0
		AADENLEERRGHNSNVDKSAFDSESDPGAFMKFLEDNGNK LPFEEMDGASPDLGNFEPSAENDHEENKFRFFDQQP	N	✓	0
FLA_22_B1	19	AADENLEERREHAKFQADKSAFDSESSPEDFMKFLEENGNTNPFEDASPDLGKFESDQNGQEENKFNSFNQQP	N	✓	0
FLA_23_B2	12	AADENLEERREHAKFQADKSAFDSESSPEDFMKFLEENGNTNPFEDASPDLGKFESDQNGQEENKFNSFNQQP	N	✓	0
FLA_24_B2	26	AADENLEERREHAKFQADKSAFDSESSPEDFMKFLEENGNTNPFEDASPDLGKFESDQNGQEENKFNSFNQQP	N	✓	0
		SIGTEQTCTPDEPADPQGRCPALSQYHERMCELEIRHGG TFDPQKKRGRASLLRKRRGFLSMLKARAKRNEAGSLQRAGR <u>GIVCECCQNHCSD</u> EETEYCPPVTESSS	Y	✓	0
FLA_31_ConIns	3	TCEPEDPPDPQGK <u>CGPALSQY</u> HERMCELEIRHGGTFDPQ	Y	✓	0
FLA_33_ConIns	3	KKRGRVSSLRKRRGFLSMLKARAKRNEAGSLQRAGRGII CQNRCSD E EETEYCPPVTESSS TCEPEDPPDPQGRCGPALSQYHERMCELEIRHGGTFDPQ	Y	✓	0
		KKRGRASPLRKRRGFLSMLKARAKRNEAGSLQRAGRG <u>GI</u> <u>CE</u>	Y	✓	0
FLA_34_ConIns*	2	<u>CCQNRCSD</u> EETEYCPPVTESSS SIEQCRYCSFGKCVWPIVCCGNSGCEIGTVEANTCRPEAGQ	Y	✓	0
FLA_35_Conophy	2	PFPCKVIGK <u>SCIMNNPSDPNSYYGH</u> <u>CIDADGRG</u> ICCVDDN TCTAHSVCP	Y	✓	0
FLA_36_Conophy	9	STECWYCSFGKCVWPPIICC GDDGCEMGTAEANS C RPEGDQ HFPCRVIGK <u>SCIMNNPSNP</u> SYYGH <u>CIGADGLG</u> <u>ICCV</u> DDD <u>TCTLHSGCP</u>	Y	✓	0
FLA_37_Conophy	2	STECWYCSFGKCVWPPIICC GDDGCEMGTAEANS C RPEGDQ HFPCRVIGK <u>SCIMNNPSNP</u> SYYGH <u>CIGADGLG</u> <u>ICCV</u> DDD <u>TCTLHSGCP</u>	Y	✓	0
FLA_38_Conophy	3	STEECWCSFGK <u>CVWPIVCCGDDGCEMGTAEADK</u> <u>C RPEG</u> <u>GQSFP</u> CRVTGQYCFMNNPSNPRNYHGHC VGGDGTGICCV DDNTCTSHSGCP	Y	✓	0
FLA_39_Conophy	5	STEQCWYCSFGKCVWPPIICC GDDGCEMGTAEANS C RPEGD QRFPCRIGK <u>SCIMNNPSNP</u> DDHVGNC <u>IGGDGLG</u> <u>ICCV</u> DDD <u>NTCASHSGCL</u>	Y	✓	0
FLA_51_I1	18	<u>GTC</u> SGIGQQ <u>CIHHLNCCWDMCCYGH</u> <u>T</u> <u>VVNIIGCPH</u>	Y	✓	0
FLA_52_I1	8	<u>GTC</u> SGIGQQ <u>CIHLS</u> <u>CCWDMCCYGH</u> <u>T</u> <u>VVNIIGCPH</u>	Y	✓	0
FLA_53_I1*	25	TCSDIGQQCTRHLNCC <u>WDMCCYGH</u> <u>TCVMNIIGCPH</u>	Y	✓	✓
FLA_54_I1	136	QFFCPDSEN <u>DPLN</u> CIETKASDATCMKSNSDQTYSYVC GYCG QKK <u>ESC</u> FGNKVPVSDYN <u>CQTR</u> KIVNNCGGSAL	Y	✓	0
FLA_59_I2	32	<u>CSPSGAHCTKHIPCCNGSCSGKCKHLC</u> <u>FVR</u>	Y	✓	0
FLA_60_I2	30	<u>CSSSGSYCTKHIPCCNGSCSGKCKHLC</u> <u>CFVR</u>	Y	✓	0
FLA_61_I2	990	<u>CIREDAPCSFAHCCRNCCRGY</u> <u>CERPCRWIGKRTLFQKSP</u> PTSLKCCTEVCCFSS	Y	✓	0
FLA_63_I2*	20	<u>CTREDAPCSLPIQCCRNCCRG</u> <u>TKHPCRTV</u>	Y	✓	✓
FLA_65_I2*	8	<u>CLSDGTVCRHHQQCC</u> <u>HRSCCFRTCLHPCRNT</u>	Y	✓	✓

FLA_69_I2	109	CLHDGTPCRYSF <u>I</u> <u>CCNGIC</u> <u>CHGRCKYSGWII</u>	Y	✓	0
FLA_77_I2*	203	IPCHETGGWCSSVMWCCR <u>S</u> <u>DV</u> <u>CCELPQ</u> <u>QAR</u> <u>CTSASVCSS</u> LT	Y	✓	✓
FLA_79_I2	9	TNV <u>C</u> <u>L</u> <u>PDGMRCRHYHQCCRRTCCFFCRYACATN</u>	Y	✓	0
FLA_80_I2	211	<u>CYQDETPCRGSIFC</u> <u>CRKKCC</u> <u>IGTC</u> <u>RFPC</u> <u>CYVKLERATFQELILQ</u> P	Y	✓	0
FLA_94_M	47	<u>CCSRDCSVC</u> <u>IPCCPYGSP</u>	Y	✓	0
FLA_100_M	2	<u>QQVCCDPDV</u> <u>CDGGCYTCC</u> <u>DCQWGCVGCRNRAGCCC</u> <u>G</u> <u>DQVC</u> <u>V</u> <u>DNNRCESRSSQTTTR</u>	Y	✓	0
FLA_107_NSF2*	23	PTQHL	x	✓	✓
FLA_112_bt01	22	EGAVNIFPCNPGR <u>C</u> <u>A</u> <u>LPME</u> <u>GT</u> <u>TSYQC</u> <u>QCSIHSSTANC</u> <u>VG</u> <u>N</u> <u>E</u> <u>C</u> <u>I</u> <u>T</u> <u>E</u> <u>S</u> <u>G</u> <u>W</u>	Y	✓	0
FLA_113_bt01	13	EGAVNIFPCNPGR <u>C</u> <u>A</u> <u>LPRE</u> <u>GT</u> <u>TSYQC</u> <u>QCSIHTSTANC</u> <u>VG</u> <u>N</u> <u>E</u> <u>C</u> <u>I</u> <u>T</u> <u>E</u> <u>D</u> <u>E</u> <u>W</u>	Y	✓	0
FLA_120_O1	2	<u>DCGEQGQGCYTRPCCP</u> <u>NLM</u> <u>CRGGGTGGGV</u> <u>CQP</u>	Y	✓	0
FLA_122_O1	400	<u>DCGEQGQGCYTRPCCP</u> <u>NLV</u> <u>CRGGGTGGGV</u> <u>CQP</u>	Y	✓	0
FLA_123_O1*	56	DCGERGEG <u>CYTRPCCPGLE</u> <u>CHGTHAGGL</u> <u>CQY</u>	Y	✓	✓
FLA_125_O1	8	DCGERGEG <u>CYTRPCCPGLE</u> <u>CIGSYLGGV</u> <u>CQWQ</u>	Y	✓	0
FLA_128_O1	7	<u>DCGERGQGCYTRPCCP</u> <u>GRQCVGGATGGSCL</u>	Y	✓	0
FLA_131_O1	368	<u>DCGNNGEGCHTRPCC</u> <u>CTGLVC</u> <u>ITNYDGRIC</u> <u>CVWL</u>	Y	✓	0
FLA_135_O1	3697	<u>DCGNQGEGCYTRPCCP</u> <u>GLECIGTRAGGL</u> <u>CQW</u>	Y	✓	0
FLA_136_O1	989	<u>DCGNQGEGCYTRPCCP</u> <u>GLECSGTYAGGV</u> <u>CQP</u>	Y	✓	0
FLA_137_O1	5	<u>DCGNQGEGCYTRPCCP</u> <u>GLECV</u> <u>VGGRPGGL</u> <u>CQY</u>	Y	✓	0
FLA_138_O1	707	<u>DCGNQGEGCYTRPCCSGLH</u> <u>CTGTHAGGL</u> <u>CQW</u>	Y	✓	0
FLA_144_O1	87	<u>DCGQQGQGCYTRPCCP</u> <u>NLV</u> <u>CRGGGTGGGS</u> <u>CQP</u>	Y	✓	0
FLA_148_O1	7	<u>FPFGGFCALEGENC</u> <u>RIRPCCRG</u> <u>LS</u> <u>SDNTG</u> <u>FECH</u>	Y	✓	0
FLA_149_O1	32	<u>FPVGGFCALEGENCRIRPCCP</u> <u>GLS</u> <u>SDNTG</u> <u>FECH</u>	Y	✓	0
FLA_150_O1	25	<u>FPVGGFCLEGENC</u> <u>RIRPCC</u> <u>CAGL</u> <u>SCSDNTG</u> <u>FECH</u>	Y	✓	0
FLA_151_O1	26	IPIGGF <u>CALEGENC</u> <u>RIRPCCP</u> <u>GLS</u> <u>SDNTG</u> <u>FECH</u>	Y	✓	0
FLA_152_O1	26	IPIPMF <u>CALEGENCL</u> <u>IRPCC</u> <u>CHGL</u> <u>SCSDNTG</u> <u>FECH</u>	Y	✓	0
FLA_157_O1	118	RGLEMF <u>DVAEM</u> <u>CTRGETCFI</u> <u>IGCCSGLR</u> <u>CGGGTP</u> <u>WGNTC</u> QP	Y	✓	0
FLA_159_O1	30	RGLEMF <u>NVDKL</u> <u>CAANGQT</u> <u>CFI</u> <u>IRCCSGLT</u> <u>CGGGTT</u> <u>WGTKC</u> KP	Y	✓	0
FLA_177_O3	405	AVDEECKEYCEQQNKNC <u>CGKT</u> <u>NGEPV</u> <u>CAQTCL</u>	Y	✓	0
FLA_180_O3	58	TADE <u>ACKEYCEERNK</u> <u>NCCGRT</u> <u>NGEPV</u> <u>CAQLCF</u>	Y	✓	0
FLA_187_O3	19	TTEECKEYCEQQNKNC <u>CCGLT</u> <u>NGEP</u> <u>PRCASM</u> <u>CV</u>	Y	✓	0
FLA_188_O3	56	TTEECNEYCEQQNKNC <u>CCGLT</u> <u>NGEP</u> <u>PRCASM</u> <u>MCL</u>	Y	✓	0
FLA_190_P*	2	<u>YSCARP</u> <u>CDYHND</u> <u>PTSCP</u> <u>YCTPFQRCM</u>	Y	✓	✓
FLA_191_P*	9	<u>YSCARP</u> <u>CGYHND</u> <u>PTSCP</u> <u>YCTPFQRCM</u>	Y	✓	✓
FLA_198_T*	8	<u>HCCPIDLP</u> <u>CCPI</u>	Y	✓	✓
FLA_199_T	139	<u>HCCPIDLP</u> <u>CCPL</u>	Y	✓	0
FLA_203_V	4	<u>RDCTTCGEECC</u> <u>GRCTCTWDNCDCVAW</u>	Y	✓	0
FLA_02_A / FRI_01_A^*	43/31	<u>DCCNDPA</u> <u>CAVN</u> <u>NNPGL</u> <u>CT</u>	Y	✓	✓
FLA_07_A / FRI_14_A*	575/208	<u>GCCSDPP</u> <u>CAHHNPAC</u>	Y	0	✓
FLA_08_A / FRI_09_A^*	462/4	<u>GCCSDPP</u> <u>CAHKHC</u>	Y	✓	✓
FLA_09_A / FRI_07_A*	104/66	<u>GCCSDPP</u> <u>CAHKYC</u>	Y	0	✓
FLA_11_A / FRI_05_A^*	402/72	<u>GCCSDPP</u> <u>CAHNNPDC</u>	Y	✓	✓
FLA_16_A / FRI_12_A*	240/11	<u>GCCSNPP</u> <u>CAHNNPDC</u>	Y	0	✓
FLA_19_A / FRI_06_A^	104/70	<u>DCCSDPP</u> <u>CAHNNPDC</u> STEQCWYCSFGKCVWPIVCCGSGGCQIGTAEANTCRPPAG	Y	✓	0
FLA_40_Conophy / FRI_21_Conophy*	4/15	ERFCKVIGKSCVMNNPSDPSNYYGH <u>CIGAE</u> <u>GHGV</u> <u>CCVD</u> <u>DNT</u> <u>TAHSV</u> <u>CP</u>	Y	0	✓

FLA_41_Conophy / FRI_22_Conophy*	11/21	STEQCWYCSFGKCVWPIVCCGSGGCQIGTAEANTCRPQAG ERFPCKVMGKSCVMNNPSDPSNYYGH <u>CIGAEGYGVCVDD</u> DNTCTAHSVCP	Y	0	✓
FLA_55_I1 / FRI_28_I1*	148/70	QFFCPDSENDPLNCVETKPTAACMHSRSDKTYSVCGYC GQKKESCFGNKVPVSDYSCQSRSRKIVNNCGGSAL QFFCPDSENDPLNCVETKPTSATCMHSRSDKTYSVCGYC GQKKESCFGNKVPVSDYSCQSRSRKIVNNCGGSAL	Y	0	✓
FLA_57_I1 / FRI_31_I1*	66/4	GQKKESCFGNKVPVSDYSCQSRSRKIVNNCGGSAL	Y	0	✓
FLA_64_I2 / FRI_41_I2*	11/21	CISEDAPCSVNSQCCE <u>GSCCDATCSNP</u> <u>CRWV</u>	Y	0	✓
FLA_66_I2 / FRI_40_I2^	100/3	CLSDGTVCRHHRQCCCHRSCCNRTCLHPCRN	Y	✓	0
FLA_73_I2 / FRI_32_I2*	14/31	CRPDQSSCRGHHS<u>CCSGNCCY</u>KFFSGT<u>CRPNAC</u>II	Y	0	✓
FLA_93_M / FRI_53_M^	85/40	CCSQDCWVCIPCCPNGSP	Y	✓	0
FLA_117_O1 / FRI_74_O1*	4/17	DCAGQQGESCFTRPCCSGLQ<u>CTGPRPLGV</u>CQ	Y	0	✓
FLA_127_O1 / FRI_59_O1^	7076/11 02	DCGERGE<u>GCY</u>TRPCCPGLE<u>VGGRP</u>GG<u>LCQY</u>	Y	✓	0
FLA_126_O1 / FRI_67_O1^*	93/44	DCGERGE <u>GCY</u> TRPCCPGLE <u>CRGTHAGGL</u> <u>CQY</u>	Y	✓	✓
FLA_133_O1 / FRI_62_O1*	330/154	DCGNQGEGCRTRRCCPGLE<u>CGGYP</u>GGVCQW	Y	0	✓
FLA_140_O1 / FRI_66_O1*	2962/76	DCGNRGEG<u>GCY</u>TRPCCPGLE<u>CRGTHAGGL</u><u>CQW</u>	Y	0	✓
FLA_147_O1 / FRI_72_O1^	21/166	ECGEQQGQCYTRPCCPGQE <u>CVAGATGGGV</u> <u>CL</u>	Y	✓	0
FLA_153_O1 / FRI_78_O1^*	2009/31	IPVGGFCALEG<u>EN</u><u>CRIRP</u><u>CCPDLS</u><u>SDNTGFECH</u>	Y	✓	✓
FLA_154_O1 / FRI_79_O1^*	781/27	IPVGGFCALEG<u>EN</u><u>CRIRP</u><u>CCPGL</u>S<u>SDNTGFECH</u> KSTAQKWWWDGE <u>CPG</u> SSNG <u>CRSPW</u> <u>DC</u> <u>CAGD</u> <u>CAEGY</u> <u>CVL</u>	Y	✓	✓
FLA_163_O2 / FRI_95_O2*	36/15	R	Y	0	✓
FLA_183_O3 / FRI_97_O3*	35/19	TTDEECEYCEQRNK <u>DCC</u> <u>GLTN</u> <u>GEPR</u> CASMCF	Y	0	✓
FLA_185_O3 / FRI_101_O3^*	129/19	TTEECEYCEQRNK <u>DCC</u> <u>GLTN</u> <u>GEPR</u> CASMCF	Y	✓	✓
FLA_196_T / FRI_104_T*	114/2	GCCPDIAM<u>CCVGI</u>*	Y	0	✓
FLA_197_T / FRI_103_T^*	18/39	SCCPDIAM<u>CCVGI</u>	Y	✓	✓
FLA_201_V / FRI_108_V*	16/22	DECVTCDGE<u>EC</u><u>CCR</u>CTCVWGDCDCVDW	Y	0	✓
FRI_02_A	11	DCCNLPACAASNPGLCT	Y	0	✓
FRI_03_A^	3	DCCNDPA<u>T</u>VNNPGLCT	Y	✓	✓
FRI_04_A	87	DCCSSAACAHHTPSC	Y	0	✓
FRI_08_A	21	GCCSDPPCAHHNPSC	Y	0	✓
FRI_11_A	17	GCCSNPPCAHHNPDC	Y	0	✓
FRI_13_A	3	GCCSDPPCAHHNPDC	Y	0	✓
FRI_5_A	8	GCCSNPPCAHHNPAC	Y	0	✓
FRI_17_B1	5	AGHGAATDVRSA <u>D</u> NTLKRLHD <u>FRR</u> ALKRR <u>SDS</u> <u>RY</u> <u>DRKR</u> SISVNLDTEILAETVRGSQEDSREAVAGSLEMILEEAGR STEQCWYCSFGKCVWPIVCCGSGGCQIGTAEANTCRPQAG	N	0	✓
FRI_20_Conophy	17	ERFPCKVIGKSCVMNNPSDPSNYYGH <u>CIGAEGHG</u> <u>VCVDD</u> NTCTAHSVCP STEQCWYCSFGK <u>CVW</u> PIVCCGSGGCQIGTPEANTCRPQA	Y	0	✓
FRI_23_Conophy	4	GQHFPC <u>KVIGK</u> <u>SCVMNN</u> PSDPSNYYGR <u>CIGAEGHG</u> <u>CCVD</u> DNTCTAHSVCP	Y	0	✓
FRI_33_I2	40	CLSDGTVCRHHQQCCHRSCCFRT <u>CLHPC</u> <u>RLG</u> TRATFQE <u>FIL</u> H	Y	0	✓
FRI_39_I2	4	CFPEGNR <u>RRNF</u> HCCREN <u>CCRGFC</u> <u>QHP</u> <u>CGIA</u>	Y	0	✓
FRI_42_M	45	YCPRPVC	Y	0	✓
FRI_63_O1	145	DCGNQGEG <u>GCY</u> TRPCCPGLE <u>CHGTHAGGL</u> <u>CQW</u>	Y	0	✓
FRI_68_O1	31	NCGNIGEG <u>GCY</u> TR <u>RC</u> CP <u>GLE</u> <u>CGGYP</u> GGVCQW	Y	0	✓

FRI_76_O1^	5	ACGKEGERCLIRPCCTGLTCSGIIGGKCES	Y	✓	✓
FRI_77_O1	41	IPVGGFCALEGQNCIRPCCPGLSCSDNTGFECH	Y	0	✓
FRI_80_O1	3	IPVGGDCAGQQGESCFKRPCCSGLQCTGPRPLGVHQ	Y	0	✓
FRI_81_O1	3	LIFGGWCCTEGESCKILPCCSDLTCSGIFEGICQS	Y	0	✓
FRI_82_O1	2	DGMESLKSVGLCWKEGLPCIIFPCCPGLTCGDGIIGDTQS	Y	0	✓
FRI_104_T	2	GCCPDIAMCCVGI	Y	0	✓
FRI_106_V	3	RDCTTCSGEECCGRCTCTWGDNCDCIAW	Y	0	✓