

Table S1. Spreading distance normalized by initial droplet radius (r/R) for spreading of *Laranioidies cornutus* (LC) and *Cyrtarachne akirai* (CA) on glass and mothwings (MW). r/R were converted into initial radius (μm) using the known glue droplet sizes. These displacements were used to calculate a linear velocity ($\mu\text{m/s}$). Averages, variance, and standard deviation of velocity are calculated over the entirety of spreading for each sample.

[Click here to download Table S1](#)

Table S2. The average amount of energy (μJ) absorbed, work done, during adhesive pull-off tests for *Cyrtarachne akirai* and *Laranioidies cornutus* on mothwings at 90% RH and glass at 60% and 90% RH. Also shows the number of tests (N) and standard deviation.

[Click here to download Table S2](#)

Fig. S1. Alignment of PGTTPG repeat units used to construct ML tree in Figure 5c.

```
>T.clav_AgSp1
PGTTPGTVTGPDPGKPSKIIIVPTG--P-----
-----A-FTTPGSIPGPDGKPIQIEPAG
>A.tri_AgSp1_RM1_1
PGTTPGTVTGPDPGPKKFVLPKG-----
-----A-FTTPGSIPGPDGKPIHVEPAG
>A.tri_AgSp1_RM2_1
PGTTPGTVTGPDPGPKKFVLPKG-----
-----A-FTTPGSIPGPDGKPIHVEPAG
>A.arg_AgSp1_RM2_1
PGTTPGMTGPDGKPKKFVVPKG-----
-----A-FTTPGSIPGPDGKPIHVEPAG
>A.arg_AgSp1_RM1_1
PGTTPGTVTGS DGKPKKFVVPKG-----
-----A-FTTPGSIPGPDGKPIHVEPAG
>A.arg_AgSp1_RM3_1
PGTTPGXVTGPDPGXPVKFIVPQG-----
-----A-FTTPGSIPGPN GKPIHVGPAG
>M.hutch_AgSp1_RM1_1
PGTTPGTITGXDGRPIKFIXPYG-----
-----A-FSTPGSIPGPDGTPIHVEPAG
>M.phry_AgSp1_1a
PGTTPGVITNRDGPVEYIVPQG-----
-----A-LRTPGTIKGPHGKPIHV KPAG
>M.hutch_AgSp1_RM2_1a
PGTTPGVITNRDGPVEYIVPQG-----
-----A-LRTPGTIKGPHGKPIHV KPAG
>M.phry_AgSp1_1b
PGTTPGVITNHDGPVEFIVPQG-----
-----A-FTTPGTIKGPHGKPIHV KPAG
>M.hutch_AgSp1_RM2_1b
PGTTPGVITNHDGPVEFIVPQG-----
-----A-FTTPGTIKGPHGKPIHV KPAG
>M.hutch_AgSp1_RM3_1
PGTTPGVVTGPDGRGVK FIVPQX-----
-----A-FITPGTIPGPHGKPIHV GPAG
>A.tri_AgSp2_1
PGTTPGVVTGPDQKPSQVIVPPG-----
-----G-GSTPGTLPGGGKPVQVEPAK
>A.arg_AgSp2_1
PGTTPGVVTGPDQKPSQVIVPPG-----
-----G-ETTPGTLPGGGKPVQVEPAK
>M.phry_AgSp2_1a
PGTTPGIVTGQDHKPSQVLLPPG-----
-----G-ESTPGILPGGDGKPVLVQPAR
>M.hutch_AgSp2_1a
PGTTPGIVTGQDHKPSQVLLPPG-----
-----G-ESTPGILPGGDGKPVLVQPAR
>M.phry_AgSp2_1b
```

PGTTPGIVTGQDHKPSEVLLPPG-----
-----G-ESTPGILQGPDGRPVWIEPAR
>M.phry_AgSp2_1c
PGTTPGIVTGQDHKPSQVLLPPG-----
-----G-ESTPGILQGPDGRPVWIEPAK
>M.hutch_AgSp2_1c
PGTTPGIVTGQDHKPSQVLLPPG-----
-----G-ESTPGILQGPDGRPVWIEPAR
>M.hutch_AgSp2_1b
PGTTPGIVTGQDHKPSEVLLPPG-----
-----G-ESTPGILQGPDGRPVWIEPAR
>M.phry_AgSp2_1d
PGATPGIVTGPDKHISQVLLPPG-----
-----G-ESTPGTLPGPNGKPIWVEPAG
>M.hutch_AgSp2_1d
PGATPGIVTGPDKHISQVLLPPG-----
-----G-ESTPGTLPGPNGKPIWVEPAG
>A.tri_AgSp1_RM1_2
PGTTPGAQTGPDGKINKLVVPTTTTTPKGPVGP GGMPLSPYSPQGGQ-----
PMYFPGSPYGPGE-QTTTTPIPGPDGKPLPIEPAG
>A.arg_AgSp1_RM2_2
PGTTPGAQTGPDGKINKLVVPTTTTTPKGPVGP GGMPLSPYNPQGGQ-----
PMNPFPGSPYGPGE-QTTTTPIPGPDGKPLQIEPAG
>A.arg_AgSp1_RM1_2
PGTTPGAQTGPDGKINKLVVPTTTTTPKGPVG-----GPGGQ-----
PMXPFPGSPYGPGE-QTTTTPIPGPDGKPLQIEPAG
>A.tri_AgSp1_RM2_2
PGTTPGAQTGPDGKINKLVVPTTTTTPKGPL-----GPGGQ-----PMYPSG---
PQGPGG-QTTTTPIPGPDGKPLQIEPAG
>A.tri_AgSp2_2
PGTTPGAI TGPDRQVSKIILPTG--PGNAPQK-----PLG---
-----P-GQTTQMIPQPGSQPIQVKPAQ
>A.arg_AgSp2_2
PGTTPGAI TGPDRQVSKVILPTG--PGNAPQK-----MGPGGAP-----QQPGQPLA---
-----P-GQTTQMIPQPGSQPIQVKPAQ
>M.phry_AgSp2_2a
PGTTPGVITGPDHQVSEIILHST--TESPGKA-----PKKPVT---
-----S-EQTTQMIPQPDGQPIIVKHAL
>M.hutch_AgSp2_2a
PGTTPGVITGPDHQVSEIILHST--TESPGKA-----PKKPVT---
-----S-EQTTQMIPQPDGQPIIVKHAL
>M.phry_AgSp2_2b
HGTTPGAITGPDHQVSEIILHST--TESPGKA-----PKKPVT---
-----S-EQTTQMIPQPDGQPIIVKHAP
>M.hutch_AgSp2_2b
HGTTPGAITGPDHQVSEIILHST--TESPGKA-----PKKPVT---
-----S-EQTTQMIPQPDGQPIIVKHAP
>M.phry_AgSp2_2c
LGTTPGALTGPDHLVSKIVLQST--TASPEQK-----PSQAFT---
-----PAREKTQIVPQPGGQPIQVKPAA
>M.hutch_AgSp2_2c
PGTTPGALTGPDHLVSKIVLQST--TASPEQK-----PSQAFT---
-----P-EEKTQIVPQPGGQPIQVKPAA
>M.phry_AgSp1_2a

```
PGATPGAKTDSGSDGSVESIVLPTT--PFQT-----GPGS-----
-----G-LMTTEPITKPDGEPHVVVPAG
>M.hutch_AgSp1_RM2_2a
PGATPGAKTDSGSDGSVESIVLPTT--PFQT-----GPGS-----
-----G-FMTTEPITKPDGEPHVVVPAG
>M.phry_AgSp1_2b
PGATPGAKTDSGSDGSVESIVLPAT--PFGS-----GPGS-----
-----G-FQTTEPITKPDGEPHVVVPAG
>M.hutch_AgSp1_RM2_2b
PGATPGAKTDSGSDGSVESIVLPAT--PFGS-----GPGS-----
-----G-FQTTEPITKPDGEPHVVVPAG
>M.hutch_AgSp1_RM3_2
PGTTPGAKTDSGSDGSIESIILPAA--PKES-----GPGF-----
-----Q-FPIPGRAPQPDGQPIQIIPAG
>A.arg_AgSp1_RM3_2
PGTTPGAKTXSDGXIDSIVLPST--PKGP-----SPGF-----
-----Q-FQTPXPIKGPDXPIQIIPAG
>M.hutch_AgSp1_RM1_2
PGTTPGVETGPDGKVYKIYLPTT--PKGPG-----GPGF-----
-----Y-FGMPQYIPGPGXPIQIVPAG
>M.phry_AgSp2_2d
PGSTPGVITGPDYLVLELIIILPRY--PKDTETDRQ---TTRQPLSPGMQPLQSGQQLTTIKETQKPKDPFY---
-----P-GKTTQMIAQPDGEPILVKLAP
>M.hutch_AgSp2_2d
PGSTPGVITGPDYLVLELIIILPRY--PKDTETDRQ---TTRQPLSPGMQPLQSGQQLTTIKETQKPKDPFY---
-----P-GKTTQMIAQPDGEPILVKLAP
```