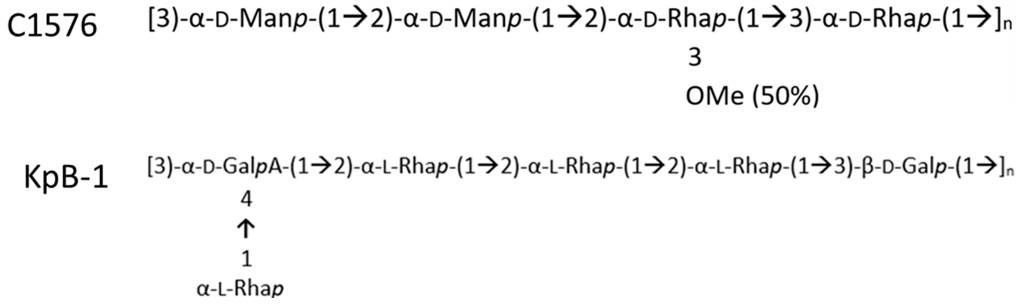
Supplementary Figure 1



C1576

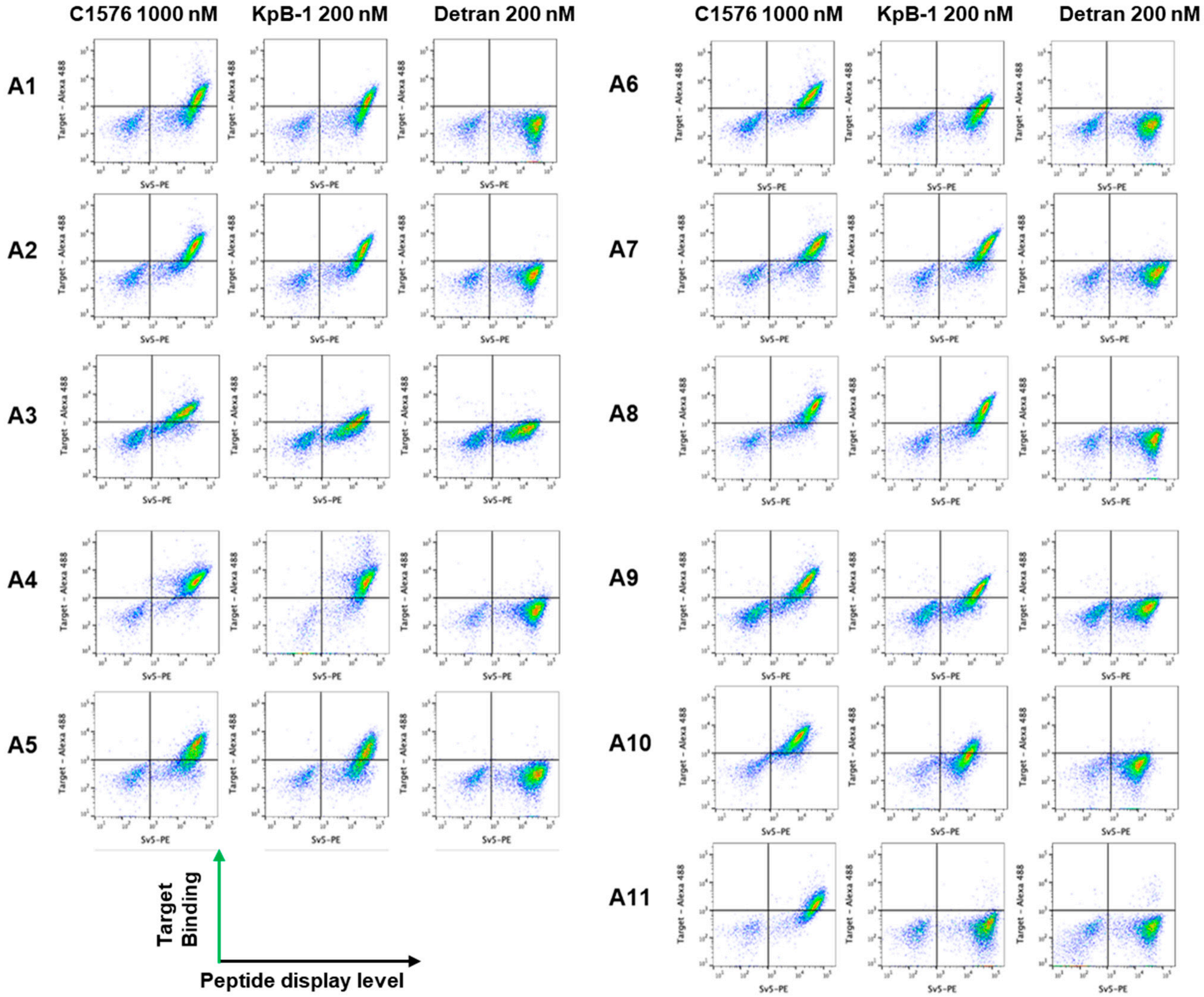
$$[3)\text{-}\alpha\text{-}\mathrm{D}\text{-Man}p\text{-}(1\rightarrow 2)\text{-}\alpha\text{-}\mathrm{D}\text{-Man}p\text{-}(1\rightarrow 2)\text{-}\underset{\substack{3\\ \text{OMe (50\%)}}}{\alpha\text{-}\mathrm{D}\text{-Rha}p}\text{-}(1\rightarrow 3)\text{-}\alpha\text{-}\mathrm{D}\text{-Rha}p\text{-}(1\rightarrow]_n$$

KpB-1

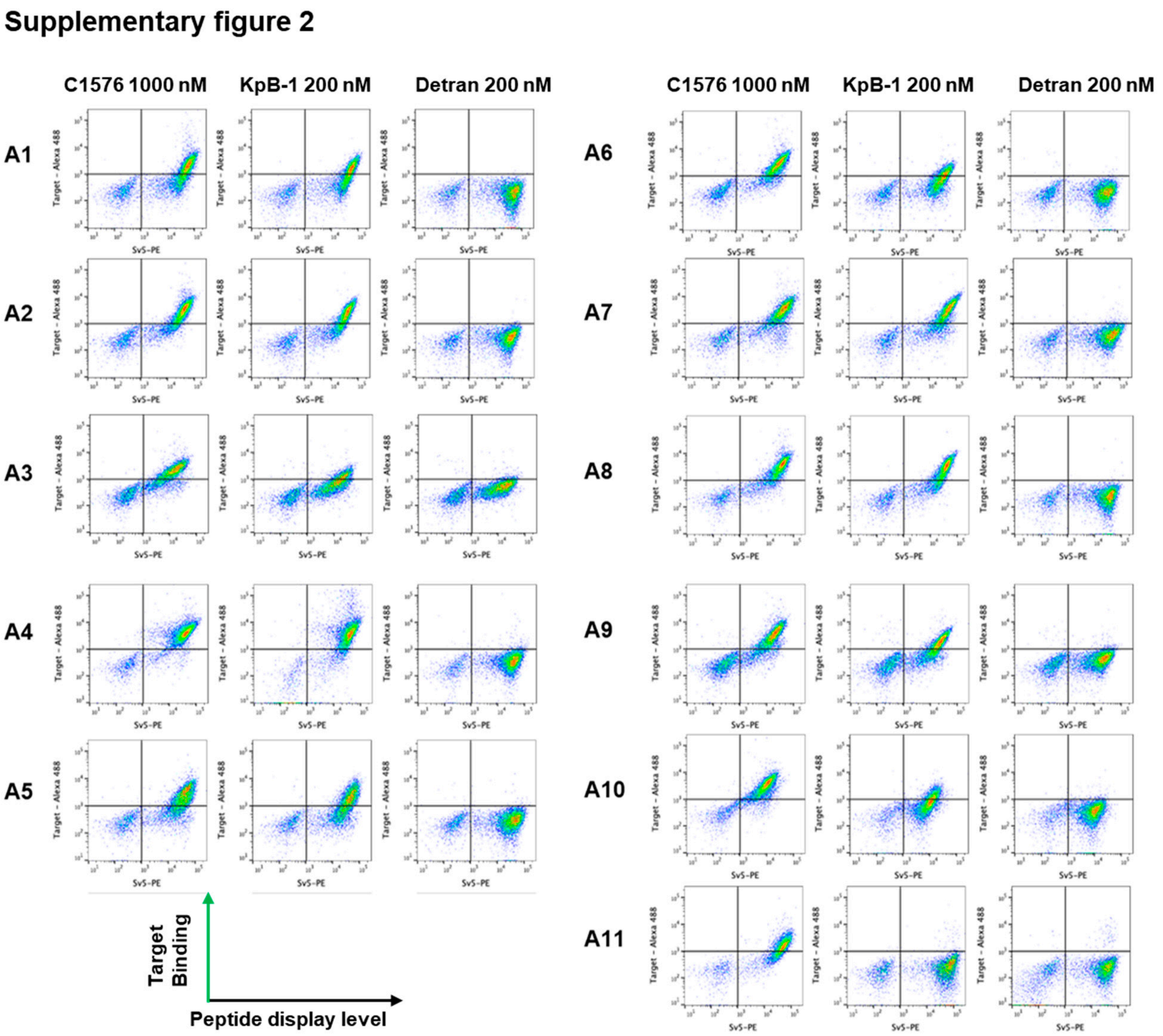
$$[3)\text{-}\underset{\substack{4\\ \uparrow\\ 1\\ \alpha\text{-}\mathrm{L}\text{-Rha}p}}{\alpha\text{-}\mathrm{D}\text{-Gal}p\mathrm{A}}\text{-}(1\rightarrow 2)\text{-}\alpha\text{-}\mathrm{L}\text{-Rha}p\text{-}(1\rightarrow 2)\text{-}\alpha\text{-}\mathrm{L}\text{-Rha}p\text{-}(1\rightarrow 2)\text{-}\alpha\text{-}\mathrm{L}\text{-Rha}p\text{-}(1\rightarrow 3)\text{-}\beta\text{-}\mathrm{D}\text{-Gal}p\text{-}(1\rightarrow]_n$$

Supplementary Figure 1.
Structure of the repeating unit of the Epol C1576 and kpB-1

Supplementary figure 2



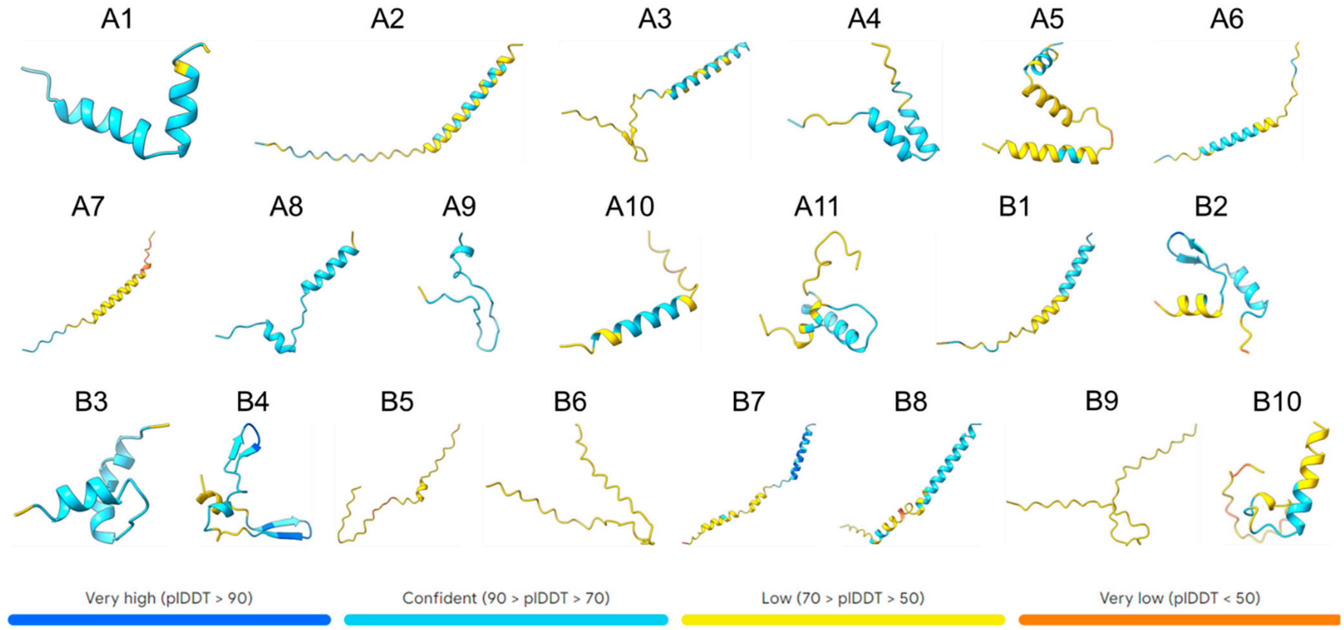
Supplementary Figure 2.
Single clones obtained from the final population of the selection against Epol C1576 were tested by flow cytometry using the target polysaccharides Epol C1576 (1000 nM), KpB-1 (200 nM), and the negative control dextran (200 nM). The X-axis shows the signal of the V5 antibody, indicating peptide expression on the yeast surface, while the Y-axis reports the Alexa Fluor signal, corresponding to the binding to the tested polysaccharide.



Supplementary Figure 3.

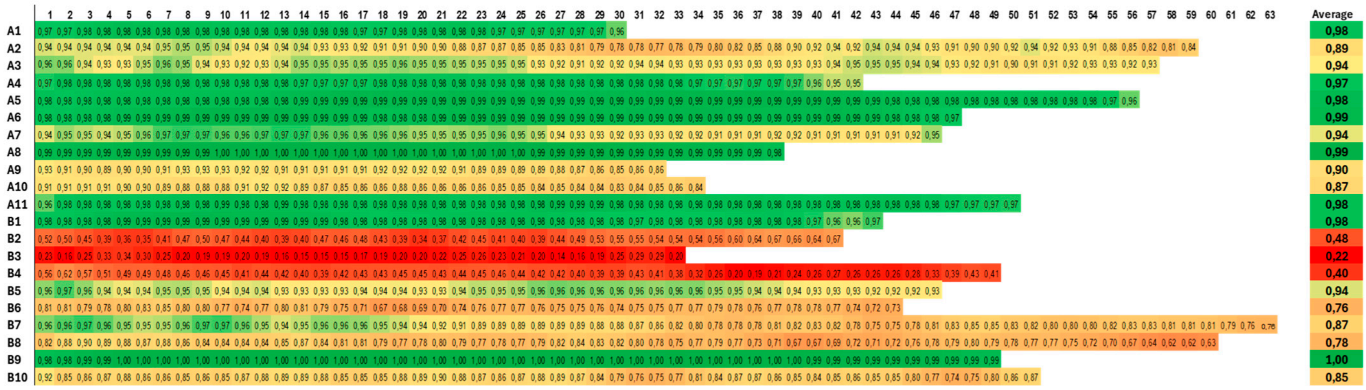
Single clones obtained from the final population of the selection against CPS KpB-1 were tested by flow cytometry using the target polysaccharides Epol C1576 (1000 nM), KpB-1 (200 nM), and the negative control dextran (200 nM). The X-axis shows the signal of the V5 antibody, indicating peptide expression on the yeast surface, while the Y-axis reports the Alexa Fluor signal, corresponding to the binding to the tested polysaccharide.

Supplementary figure 4



Supplementary Figure 4.
Predicted 3D structures of the selected peptides based on their amino acid sequences, obtained using AlphaFold 3 (https://alphafoldserver.com/). The color scale represents the predicted Local Distance Difference Test (pLDDT) scores, which indicate the confidence of the structural prediction.

Supplementary figure 5



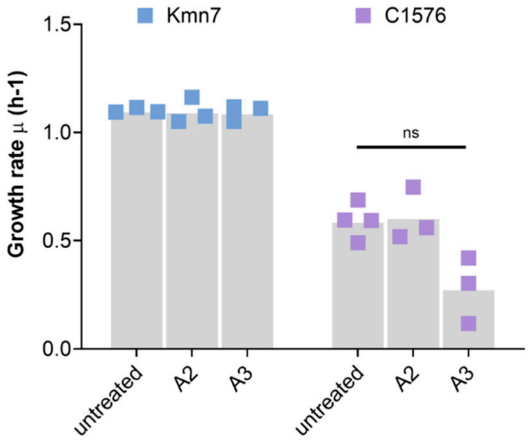
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	Average
A1	0,97	0,97	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,97	0,97	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,97	0,97	0,97	0,97	0,97	0,97	0,96																																		0,98
A2	0,94	0,94	0,94	0,94	0,94	0,94	0,95	0,95	0,95	0,94	0,94	0,94	0,94	0,94	0,93	0,93	0,92	0,91	0,91	0,90	0,90	0,88	0,87	0,87	0,85	0,85	0,83	0,81	0,79	0,78	0,78	0,77	0,78	0,79	0,80	0,82	0,85	0,88	0,90	0,92	0,94	0,92	0,94	0,94	0,94	0,93	0,91	0,90	0,90	0,92	0,94	0,92	0,93	0,91	0,88	0,85	0,82	0,81	0,84					0,89
A3	0,96	0,96	0,94	0,93	0,93	0,95	0,96	0,95	0,94	0,93	0,92	0,93	0,94	0,95	0,95	0,95	0,95	0,95	0,96	0,95	0,95	0,95	0,95	0,95	0,95	0,93	0,92	0,91	0,92	0,92	0,94	0,94	0,93	0,93	0,93	0,93	0,93	0,93	0,93	0,93	0,94	0,95	0,95	0,95	0,94	0,94	0,93	0,92	0,91	0,90	0,91	0,91	0,92	0,93	0,93	0,92	0,93							0,94
A4	0,97	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,97	0,97	0,97	0,97	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,97	0,97	0,97	0,97	0,97	0,97	0,96	0,95	0,95																						0,97
A5	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,97	0,96								0,98
A6	0,98	0,98	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,98	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,98	0,98	0,98	0,97																	0,99
A7	0,94	0,95	0,95	0,94	0,95	0,96	0,97	0,97	0,97	0,96	0,96	0,97	0,97	0,97	0,96	0,96	0,96	0,96	0,96	0,95	0,95	0,95	0,95	0,96	0,95	0,95	0,94	0,93	0,93	0,92	0,93	0,93	0,92	0,92	0,91	0,91	0,91	0,92	0,92	0,91	0,91	0,91	0,91	0,91	0,92	0,95																		0,94
A8	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,98																										0,99
A9	0,93	0,91	0,90	0,89	0,90	0,90	0,91	0,93	0,93	0,93	0,92	0,92	0,91	0,91	0,91	0,91	0,91	0,92	0,92	0,92	0,92	0,91	0,89	0,89	0,89	0,89	0,88	0,87	0,86	0,85	0,86	0,86																																0,90
A10	0,91	0,91	0,91	0,91	0,90	0,90	0,89	0,88	0,88	0,88	0,91	0,92	0,92	0,89	0,87	0,85	0,86	0,86	0,88	0,86	0,86	0,86	0,86	0,85	0,85	0,84	0,85	0,84	0,84	0,83	0,84	0,85	0,86	0,84																														0,87
A11	0,96	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,99	0,98	0,98	0,99	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,97	0,97	0,97	0,97														0,98
B1	0,98	0,98	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,97	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,97	0,96	0,96	0,97																					0,98
B2	0,52	0,50	0,45	0,39	0,36	0,35	0,41	0,47	0,50	0,47	0,44	0,40	0,39	0,40	0,47	0,46	0,48	0,43	0,39	0,34	0,37	0,42	0,45	0,41	0,40	0,39	0,44	0,49	0,53	0,55	0,55	0,54	0,54	0,54	0,56	0,60	0,64	0,67	0,66	0,64	0,67																							0,48
B3	0,23	0,16	0,25	0,33	0,34	0,30	0,25	0,20	0,19	0,19	0,20	0,19	0,16	0,15	0,15	0,15	0,17	0,19	0,20	0,20	0,22	0,25	0,26	0,23	0,21	0,20	0,14	0,16	0,19	0,25	0,29	0,29	0,20																															0,22
B4	0,56	0,62	0,57	0,51	0,49	0,49	0,48	0,46	0,46	0,45	0,41	0,44	0,42	0,40	0,39	0,42	0,43	0,43	0,45	0,45	0,43	0,44	0,45	0,46	0,44	0,42	0,42	0,40	0,39	0,39	0,43	0,41	0,38	0,32	0,26	0,20	0,19	0,21	0,24	0,26	0,27	0,26	0,26	0,26	0,28	0,33	0,39	0,43	0,41															0,40
B5	0,96	0,97	0,96	0,94	0,94	0,94	0,95	0,95	0,95	0,94	0,94	0,94	0,93	0,93	0,93	0,93	0,94	0,94	0,94	0,93	0,93	0,94	0,95	0,95	0,95	0,96	0,96	0,96	0,96	0,96	0,96	0,96	0,96	0,96	0,95	0,95	0,94	0,94	0,94	0,93	0,93	0,93	0,92	0,92	0,92	0,93																		0,94
B6	0,81	0,81	0,79	0,78	0,80	0,83	0,85	0,80	0,80	0,77	0,74	0,77	0,80	0,81	0,79	0,75	0,71	0,67	0,68	0,69	0,70	0,74	0,76	0,77	0,77	0,76	0,75	0,75	0,76	0,74	0,75	0,75	0,77	0,77	0,79	0,78	0,76	0,77	0,78	0,78	0,77	0,74	0,72	0,73																				0,76
B7	0,96	0,96	0,97	0,96	0,95	0,95	0,95	0,96	0,97	0,97	0,96	0,95	0,94	0,95	0,96	0,96	0,96	0,95	0,94	0,94	0,92	0,91	0,89	0,89	0,89	0,89	0,89	0,89	0,88	0,88	0,87	0,86	0,82	0,80	0,78	0,78	0,78	0,81	0,82	0,83	0,82	0,78	0,75	0,75	0,78	0,81	0,83	0,85	0,85	0,83	0,82	0,80	0,80	0,80	0,82	0,83	0,83	0,81	0,81	0,81	0,79	0,76	0,76	0,87
B8	0,82	0,88	0,90	0,89	0,88	0,87	0,88	0,86	0,84	0,84	0,84	0,84	0,85	0,87	0,84	0,81	0,81	0,79	0,77	0,78	0,80	0,79	0,77	0,78	0,77	0,79	0,82	0,84	0,83	0,82	0,80	0,78	0,75	0,77	0,79	0,77	0,73	0,71	0,67	0,67	0,69	0,72	0,71	0,72	0,76	0,78	0,79	0,80	0,79	0,78	0,77	0,77	0,75	0,72	0,70	0,67	0,64	0,62	0,62	0,63				0,78
B9	0,98	0,98	0,99	0,99	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99															1,00
B10	0,92	0,85	0,86	0,87	0,88	0,86	0,86	0,85	0,86	0,85	0,87	0,88	0,89	0,89	0,88	0,85	0,85	0,85	0,88	0,89	0,90	0,88	0,87	0,86	0,87	0,88	0,89	0,87	0,84	0,79	0,76	0,75	0,77	0,81	0,84	0,87	0,87	0,86	0,85	0,84	0,85	0,86	0,85	0,85	0,80	0,77	0,74	0,75	0,80	0,86	0,87													0,85

Supplementary Figure 5.

AIUPred analysis. The 21 selected peptides are analyzed by AIUPred web site (https://aiupred.elte.hu/). Prediction profile is generated using the default options (AIUPred - only disorder, Default smoothing).

The value of the prediction profile is represented for each amino acid with values >0.5 indicating disordered regions. The values are represented by a color scale.

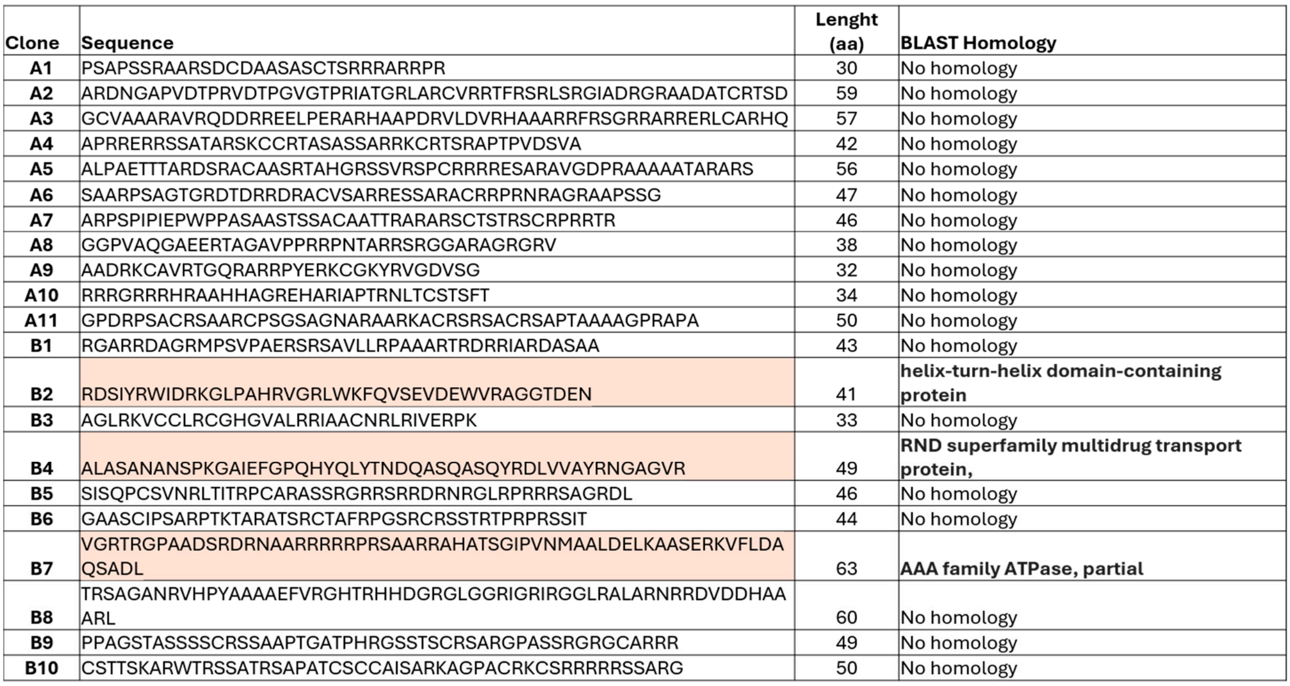
Supplementary Figure 6



Supplementary Figure 6.

Growth rate determination. Cultures of *K. pneumoniae* KMn7 or *B. multivorans* C1576 were grown in absence or presence of 32 µM of peptide A2 or A3. Maximum growth rates were determined during early exponential phase. All cultures grew to saturation indicating that this peptide concentration is below the MIC

Supplementary Table 1



Clone	Sequence	Lenght (aa)	BLAST Homology
A1	PSAPSSRAARSDCDAASASCTSRRRARRPR	30	No homology
A2	ARDNGAPVDTPRVDTPGVGTPRIATGRLARCVRRTFRSRLSRGIADRGRAADATCRTSD	59	No homology
A3	GCVAAARAVRQDDRREELPERARHAAPDRVLDVRHAAARRFRSGRRARRERLCARHQ	57	No homology
A4	APRRERRSSATARSKCCRTASASSARRKCRTSRAPTPVDSVA	42	No homology
A5	ALPAETTTARDSRACAASRTAHGRSSVRSPCRRRRESARAVGDPRAAAAATARARS	56	No homology
A6	SAARPSAGTGRDTDRRDRACVSARRESSARACRRPRNRAGRAAPSSG	47	No homology
A7	ARPSPIPIEPWPPASAASTSSACAATTRARARSCTSTRSCRPRRTR	46	No homology
A8	GGPVAQGAEERTAGAVPPRRPNTARRSRGGARAGRGRV	38	No homology
A9	AADRKCAVRTGQRARRPYERKCGKYRVGDVSG	32	No homology
A10	RRRGRRRHRAAHHAGREHARIAPTRNLTCSTSFT	34	No homology
A11	GPDRPSACRSAARCPSGSAGNARAARKACRSRSACRSAPTAAAAGPRAPA	50	No homology
B1	RGARRDAGRMPSVPAERSRSAVLLRPAAARTRDRRIARDASAA	43	No homology
B2	RDSIYRWIDRKGLPAHRVGRLWKFQVSEVDEWVRAGGTDEN	41	**helix-turn-helix domain-containing protein**
B3	AGLRKVCCLRCGHGVALRRIAACNRLRIVERPK	33	No homology
B4	ALASANANSPKGAIEFGPQHYQLYTNDQASQASQYRDLVVAYRNGAGVR	49	**RND superfamily multidrug transport protein,**
B5	SISQPCSVNRLTITRPCARASSRGRRSRRDRNRGLRPRRRSAGRDL	46	No homology
B6	GAASCIPSARPTKTARATSRCTAFRPGSRCRSSTRTPRPRSSIT	44	No homology
B7	VGRTRGPAADSRDRNAARRRRRPRSAARRAHATSGIPVNMAALDELKAASERKVFLDAQSADL	63	**AAA family ATPase, partial**
B8	TRSAGANRVHPYAAAAEFVRGHTRHHDGRGLGGRIGRIRGGLRALARNRRDVDDHAAARL	60	No homology
B9	PPAGSTASSSSCRSSAAPTGATPHRGSSTSCRSARGPASSRGRGCARRR	49	No homology
B10	CSTTSKARWTRSSATRSAPATCSCCAISARKAGPACRKCSRRRRRSSARG	50	No homology

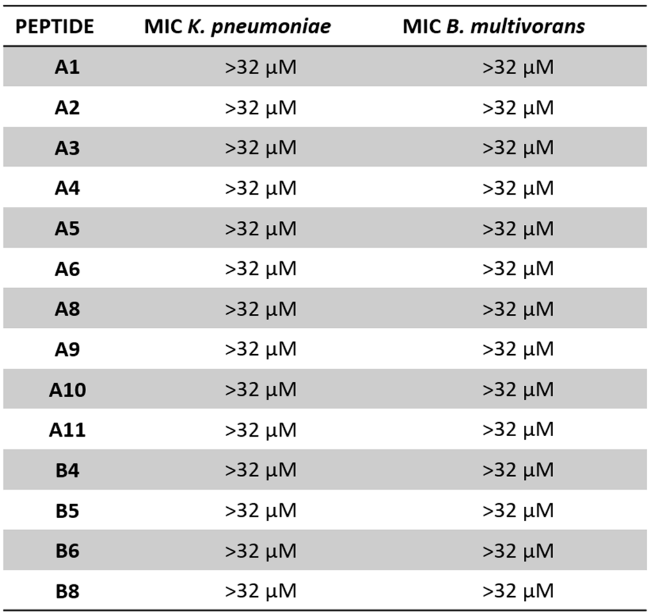
BLAST homology match for the 21 selected peptides

Supplementary Table 2

CLONE ID	AA length		Server	Result	AA start	AA end	
A1	**30**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	21	-
A1	**30**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	30	-
A2	**59**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	21	-
A3	**57**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	23	-
A3	**57**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	9	23	-
A4	**42**	SignalP_GRAM_POSITIVE	SignalP-TM	SignalP-TM	1	22	-
A4	**42**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	42	-
A5	**56**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	39	56	-
A5	**56**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	56	-
A6	**47**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	11	28	-
A6	**47**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	47	-
A7	**46**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	14	39	-
A7	**46**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	13	-
A7	**46**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	46	-
A8	**38**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	38	-
A8	**38**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	22	38	-
A10	**34**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	34	-
A10	**34**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	25	34	-
A10	**34**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	13	-
A11	**50**	SignalP_GRAM_POSITIVE	SignalP-TM	SignalP-TM	1	24	-
A11	**50**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	22	-
B1	**43**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	30	43	-
B1	**43**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	43	-
B2	**41**	Pfam	PF12728	Helix-turn-helix domain	1	35	Helix-turn-helix domain, group 17
B2	**41**	NCBIfam	TIGR01764	DNA binding domain, excisionase family	1	34	SinI-like, DNA-binding domain
B4	**49**	SUPERFAMILY	SSF82714	Multidrug efflux transporter AcrB TolC docking domain; DN and DC subdomains	1	49	Multidrug efflux transporter AcrB TolC docking domain, DN/DC subdomains
B5	**46**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	22	46	-
B5	**46**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	12	-
B5	**46**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	46	-
B6	**44**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	25	44	-
B6	**44**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	44	-
B7	**63**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	33	-
B7	**63**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	17	31	-
B9	**49**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	17	-
B9	**49**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	1	49	-
B9	**49**	MobiDBLite	mobidb-lite	consensus disorder prediction	30	43	-
B10	**50**	SignalP_GRAM_POSITIVE	SignalP-TM	SignalP-TM	1	28	-

Interpro server output data for the selected peptides.

Supplementary Table 3



PEPTIDE	MIC *K. pneumoniae*	MIC *B. multivorans*
A1	>32 µM	>32 µM
A2	>32 µM	>32 µM
A3	>32 µM	>32 µM
A4	>32 µM	>32 µM
A5	>32 µM	>32 µM
A6	>32 µM	>32 µM
A8	>32 µM	>32 µM
A9	>32 µM	>32 µM
A10	>32 µM	>32 µM
A11	>32 µM	>32 µM
B4	>32 µM	>32 µM
B5	>32 µM	>32 µM
B6	>32 µM	>32 µM
B8	>32 µM	>32 µM

Antimicrobial activity of selected peptides tested against *Burkholderia multivorans* strain C1576