**Supplementary Table 1**

**Sup.Table 1: Linear B-cell epitopes from membrane proteins of *Staphylococcus aureus* and *Streptococcus pyogenes***

|  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **S.No.** | **Protein name** | **BCPred** | | **AAPPred** | | **ABCpred** | |
|  | **20 mer Epitopes** | **BC score** | **20 mer Epitopes** | **AAP score** | **16 mer Epitopes** | **ABC**  **score** |
| ***Staphylococcus aureus*** | | | | | | | |
| 1. | sak | EVSASSSFDKGKYKKGDDAS  KIEVTYYDKNKKKEETKSFP  PTGPYLMVNVTGVDGKGNEL | 1  0.997  0.956 | - | - | LCCCSARESXGNSAKP  AKIEVTYYDKNKKKEE  ASESSTAPHYLCCCSA  STAASTAPHYLKINAS  ALDATAYKEFRVVELD  DGKGNELLSPHYVEFP  YLMVNVTGVDGKGNEL  ESXGNSAKPESVMLKR | 0.86  0.84  0.83  0.80  0.78  0.72  0.70  0.62 |
| 2. | tst | VDLNTKRTKKSQHTSEGTYI  GLYRSSDKTGGYWKITMNDG  VHGKDSPLKYGPKFDKKQLA | 0.982  0.872  0.81 | EKVDLNTKRTKKSQHTSEGT  VKVHGKDSPLKYGPKFDKKQ  EYNTEKPPINIDEIKTIEAE  TQIHGLYRSSDKTGGYWKIT | 1  1  1  1 | CSHCKSYNDRMETXIN  DSPLKYGPKFDKKQLA  SSTSTAATXICSHCKS  RESXGNTSTPESVMNK  GSTYQSDLSKKFEYNT  DGSISLIIFPSPYYSP  AFTKGEKVDLNTKRTK  EGTYIHFQISGVTNTE  LCCCSARESXGNTSTP  PTPIELPLKVKVHGKD  YSSGSDTFTNSEVLDN  YWKITMNDGSTYQSDL  KQLAISTLDFEIRHQL  LSKKFEYNTEKPPINI  RSSDKTGGYWKITMND  KVDLNTKRTKKSQHTS  NFFIVSPLLLATTATD  EVLDNSLGSMRIKNTD  ESVMNKKLLMNFFIVS  SMRIKNTDGSISLIIF  GPKFDKKQLAISTLDF | 0.92  0.91  0.89  0.89  0.89  0.88  0.87  0.86  0.85  0.85  0.85  0.83  0.83  0.82  0.81  0.79  0.77  0.72  0.67  0.67  0.61 |
| 3 | isdA | AKPNNVKPVQPKPAQPKTPT  VNAATEATNATNNQSTQVSQ  ADTRTINVAVEPGYKSLTTK  TAKSESNNQAVSDNKSQQTN  DNHSTKVVSTDTTKDQTKTQ  TKHNETPKQASKAKELPKTG  HIVVPQINYNHRYTTHLEFE | 1  0.998  0.99  0.987  0.972  0.916  0.865 | TAKSESNNQAVSDNKSQQTN  GADSQQVNAATEATNATNNQ  VEPGYKSLTTKVHIVVPQIN  AHTVKTAQTAQEQNKVQTPV  KYQSEQRSSAMKKITMGTAS | 1  1  1  1  0.925 | VKTAQTAQEQNKVQTP  CSARESSTRAINNCTC  RTEINASSTAPHYLCC  TERMINANTPRTEINA  LVYIGADSQQVNAATE  SDASTAAIRNREGLAT  NHRYTTHLEFEKAIPT  TKVVSTDTTKDQTKTQ  KDVATAKSESNNQAVS  TRAINNCTCXGNISDA  TCXGNISDAPESVMTK  DGSSEKSHMDDYMQHP  TKTQTAHTVKTAQTAQ  PTVTTTSKVEDNHSTK  TQVSQATSQPINFQVQ  NKSQQTNKVTKHNETP  SQQVNAATEATNATNN  NSKYQSEQRSSAMKKI  QELATTVVNDNKKADT  KVHIVVPQINYNHRYT  EPGYKSLTTKVHIVVP  KHNETPKQASKAKELP  ATNNQSTQVSQATSQP  DNKKADTRTINVAVEP  SSTAPHYLCCCSARES  ATEATNATNNQSTQVS | 0.94  0.92  0.92  0.92  0.89  0.86  0.86  0.85  0.84  0.83  0.82  0.80  0.79  0.79  0.79  0.78  0.78  0.76  0.76  0.73  0.73  0.70  0.70  0.69  0.67  0.66 |
| 4 | clfB | DSDSDSDSDSDSDSDSDSGS  PTPGPPVDPEPEPEPTPDPE  SDSDSDSDSDSDSESDSESD  TSNTTTTEPASTNETPQPTA  SVTGNGDVDYSNSNNTMPIA  ANSQVDNKTTNDANNIATNS  SEKNNTIETPQLNTTANDTS  LPQSSPQTISNAQGTSKPSV  DALPETGDKSENTNATLFDA  GNTWVYIKGYQDKIEESSGK  TAFDPNQSGNTFMAANFKVT  VAEPVVNAADAKGTNVNDKV | 1  1  1  1  1  0.999  0.996  0.992  0.985  0.983  0.885  0.777 | QHQTDALPETGDKSENTNAT  VPQEANSQVDNKTTNDANNI  SANVDSTAKTMSTQTSNTTT  GSADGDSAVNPVDPTPGPPV  PVVNAADAKGTNVNDKVTAS  NNTIETPQLNTTANDTSDIS  SSPQTISNAQGTSKPSVRTR  DSVTGNGDVDYSNSNNTMPI  EPASTNETPQPTAIKDQATA  IKSTNGDVVAKATYDILTKT  DKIEESSGKVSATDTKLRIF  LKTQVIQENIDPATGKDYSI  PTPDPEPSPEPDPDSDSDSD  DKPNGANISSQIIGVDTASG  DSDSDSDSGSDSESDSDSDS  SGSDSDSDSDSDSDSDSDSN  SGNTFMAANFKVTGQVKSGD  SDSDSDSESDSDSDSDSNSD  SDSDSDSNSDSESDSDSDSD | 1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  0.61  0.24  0.18  0.118  0.118 | TGEATTTTTNQANTPA  DSSSDSDSESDSNSDS  SGSGDGIDKPVVPEQP  CSARESSTRAINNCTC  DSDSDSASDSDSGSDS  ASDSDSDNDSDSDSDS  ASDSDSASDSDSDNDS  PEDSDSDPGSDSGSDS  DSDSDSDSDSDSESDS  DSDSDSASDSDSDSDS  KDDVKATLTMPAYIDP  DSDSDSDSDSDSDSDS  KELNLNGVTSTAKVPP  SSVSAAPKTDDTNVSD  PNPNQYKVEFNTPDDQ  GNVIYTFTDYVNTKDD  STTQDTSTEATPSNNE  ESAPQSTDASNKDVVN  ETTSNDTNTVSSVNSP  SMSWDNEVAFNNGSGS  ATTEETPVTGEATTTT  DSDSDSDSDSDSDSAS  GSDSGSDSTSDSGSDS  TDYVNTKDDVKATLTM  TNVSDTKTSSNTNNGE  ESDSNSDSESVSNNNV  ASDSDSGSDSDSSSDS  IVVVNGHIDPNSKGDL  ACTRASSTAPHYLCCC  TQSDSASNESKSNDSS  EPLPDTGSEDEANTSL  DSNSDSGSDSGSDSTS  TLTMPAYIDPENVKKT  PAQQETTQSSSTNATT  KHAIRKKSIGVASVLV  ASDSDSASDSDSASDS  ASDSDSASDSDSASDS  ASDSDSASDSDSASDS  TVGIDSGTTVYPHQAG  NSPQNSTNAENVSTTQ  DSTSDSGSDSASDSDS  SKSNDSSSVSAAPKTD  SVMNMKKKEKHAIRKK  LATGIGSTTANKTVLV  PNSAVKGDTFKITVPK  GDLALRSTLYGYNSNI  TRAINNCTCXGNCLFA  TSSNTNNGETSVAQNP  NVVPPNSPKNGTNASN  GSDSGSDSNSDSGSDS  GVTSTAKVPPIMAGDQ  TFKITVPKELNLNGVT  AVAADAPVAGTDITNQ  GTTVYPHQAGYVKLNY  QAVNTSAPRMRAFSLA  TDASNKDVVNQAVNTS  SVNITFPNPNQYKVEF  NPENFEDVTNSVNITF  KKTGNVTLATGIGSTT  ANTPATTQSSNTNAEE  TEATPSNNESAPQSTD  LLSSKEADASENSVTQ  NALIDQQNTSIKVYKV  DSESVSNNNVVPPNSP  QITTPYIVVVNGHIDP  TGNLKPNTDSNALIDQ  PRMRAFSLAAVAADAP  IDPENVKKTGNVTLAT  GDQVLANGVIDSDGNV  TQSSNTNAEELVNQTS  GSEDEANTSLIWGLLA  SPKNGTNASNKNEAKD | 0.93  0.92  0.92  0.92  0.91  0.91  0.91  0.91  0.91  0.91  0.91  0.90  0.90  0.90  0.89  0.89  0.89  0.88  0.88  0.87  0.87  0.86  0.86  0.86  0.86  0.85  0.85  0.85  0.85  0.84  0.83  0.83  0.83  0.83  0.82  0.82  0.82  0.82  0.82  0.82  0.81  0.81  0.80  0.80  0.80  0.79  0.79  0.79  0.78  0.78  0.78  0.78  0.78  0.77  0.77  0.76  0.75  0.75  0.75  0.74  0.73  0.70  0.70  0.69  0.68  0.66  0.52  0.62  0.62  0.62  0.53  0.63 |
| 5 | cna | YTTDINGTTITNKYTPGETS  VNAQGKDTTPEGYTKKEDGL  DGKATGKTATLNESNNWTHT  YVSKDITIKDQIQGGQQLDL  TQTNTSDDKVATITSGNKST  NGKAFNHTVHNINANAGIEG  VKMTFDDKNGKIQNGDTIKV  TVTKNWDDNNNQDGKRPTEI  NINVTGTHSNYYSGPNAITD  TIYFKLYKQDDNQNTTPVDK  LPKYDEGKKIEYTVTEDHVK  KVWDDKDNQDGKRPEKVSVN  STNVTDLTVSPSKIEDGGKT  VVKDNQKEIEIKTDANGIAN  TTKVTWSNLPENDKNGKTIK | 1  0.998  0.995  0.993  0.985  0.983  0.979  0.96  0.956  0.946  0.942  0.927  0.923  0.905  0.899 | TPVDKAEIKKLEDGTTKVTW  NGTTITNKYTPGETSATVTK  NVTGTHSNYYSGPNAITDFE  QDGKATGKTATLNESNNWTH  KPKDKTPPTKPDHSNKVKPT  ATITSGNKSTNVTVHKSEAG  LPKYDEGKKIEYTVTEDHVK  SKIEDGGKTTVKMTFDDKNG  PGSKITVDNTKNTIDVTIPQ  VNNSQAWYQEHGKEEVNGKA  QNGDTIKVAWPTSGTVKIEG  DKNGKTIKYLVKEVNAQGKD  HTVHNINANAGIEGTVKGEL  FAEFEVQGRNLTQTNTSDDK  ANGEKVKTLDVTSETNWKYE  NEKRYVSKDITIKDQIQGGQ  KMTFDDKNGKIQNGDTIQNG | 1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  0.998  0.996  0.261  1 | DKTPPTKPDHSNKVKP  PGETSATVTKNWDDNN  KVTWSNLPENDKNGKT  QKEIEIKTDANGIANI  AWYQEHGKEEVNGKAF  GKKIEYTVTEDHVKDY  NGKAFNHTVHNINANA  ARDISSTNVTDLTVSP  DITIKDQIQGGQQLDL  GTTITNKYTPGETSAT  DVTSETNWKYEFKNLP  TPEGYTKKEDGLVVTN  PSKVDKDDQPKDNKTK  SFSINYKTKITNEQQK  KSEAGTSSVFYYKTGD  GENINDINGPRTEINC  YTTDINGTTITNKYTP  EDHVKDYTTDINGTTI  RESSSPARESXGNCNA  EKVWDDKDNQDGKRPE  AKEIEKTKDVSAQKVW  GGKTTVKMTFDDKNGK  PSKIEDGGKTTVKMTF  THTWTGLDEKAKGQQV  AAEAMAAEAMSTAACL  NGKIQNGDTIKVAWPT  TKNWDDNNNQDGKRPT  KAEIKKLEDGTTKVTW  PTEIKVELYQDGKATG  AQGKDTTPEGYTKKED  NAGIEGTVKGELKVLK  SDDKVATITSGNKSTN  EGTQKVKPTIYFKLYK  NQDGKRPTEIKVELYQ  PTIYFKLYKQDDNQNT  GSVVKDNQKEIEIKTD  RNLTQTNTSDDKVATI  PESVMNKNVLKFMVFI  TVHNINANAGIEGTVK  LNINVTGTHSNYYSGP  TVKIEGYSKTVSLTVK  EINCNASSTAPHYLCC  TITSGNKSTNVTVHKS  NGEKVKTLDVTSETNW  APHYLCCCSARESSSP  SLTVKGEQVGQAVITP  DDNQNTTPVDKAEIKK  KFKLSKKDGSVVKDNQ  TVKGELKVLKQDKDTK  KMTFDDKNGKIQNGDT  KDNQDGKRPEKVSVNL  QGYGSLNSFSINYKTK  EKVSVNLLANGEKVKT  GGQQLDLSTLNINVTG | 0.96  0.95  0.94  0.93  0.92  0.90  0.90  0.90  0.89  0.88  0.88  0.88  0.87  0.87  0.87  0.87  0.86  0.86  0.86  0.85  0.85  0.85  0.85  0.84  0.84  0.83  0.82  0.82  0.81  0.81  0.81  0.81  0.80  0.78  0.77  0.75  0.75  0.74  0.74  0.74  0.74  0.73  0.73  0.72  0.72  0.72  0.71  0.71  0.69  0.69  0.66  0.66  0.61  0.61 |
| ***Streptococcus pyogenes*** | | | | | | | |
| 6 | SPy | VMIEKTTKGGQAPVQTEASI  IDKVPGVSYDTTSYTVQVHV  YVVTEDDYKSEKYTTNVEVS  MTKVTYTNSDKGGSNTKTAE  NIAGNSTEQETSTDKDMTIT  STTLTVKKKVSGTGGDRSKD  PNTDFTFKIEPDTTVNEDGN  YHFTLKDGESIKVTNLPVGV | 0.999  0.984  0.972  0.972  0.953  0.932  0.917  0.849 | TTKGGQAPVQTEASIDQLYH  STEQETSTDKDMTITFTNKK  VTEDDYKSEKYTTNVEVSPQ  YTNSDKGGSNTKTAEFDFSE  VTEEKIDKVPGVSYDTTSYT  DSTTLTVKKKVSGTGGDRSK  IPNTDFTFKIEPDTTVNEDG  FGLTLKANQYYKASEKVMIE | 1  1  1  1  1  1  1  0.986 | TFKIEPDTTVNEDGNK  YVVTEDDYKSEKYTTN  TEEKIDKVPGVSYDTT  CCSPYGENESSERTYP  VSPQDGAVKNIAGNST  TKGGQAPVQTEASIDQ  GTGGDRSKDFNFGLTL  GGSNTKTAEFDFSEVT  EQETSTDKDMTITFTN  TVVNGAKLTVTKNLDL  TTVHGETVVNGAKLTV  EASIDQLYHFTLKDGE  PMTKVTYTNSDKGGSN  VGYKEGSKVPIQFKNS  GVALNTPMTKVTYTNS  PGVSYDTTSYTVQVHV  PGVYYYKVTEEKIDKV  TTVNEDGNKFKGVALN  KVPIQFKNSLDSTTLT  DFEVPTGVAMTVAPYI  KSEKYTTNVEVSPQDG  GESIKVTNLPVGVDYV  NSLDSTTLTVKKKVSG  AVKNIAGNSTEQETST  HFTLKDGESIKVTNLP  SKDFNFGLTLKANQYY | 0.95  0.92  0.90  0.87  0.86  0.85  0.85  0.85  0.84  0.83  0.83  0.83  0.83  0.82  0.81  0.79  0.79  0.79  0.74  0.73  0.71  0.67  0.67  0.62  0.60  0.58 |
| 7 | scpA | APQAPAKTADTPATSKATIR  TPQPTAVSEEVPSSKETKTP  APDKKPEAKPEQDGSGQTPD  PEKDSSGQTPGKTPQKGQPS  KPEQDGSGQTPDKKPEAKPE  HANGEPYAAISPNGDGNRDY  FEKTRWDGKDKDGKVVANGT  HTDFDVIVDNTTPEVATSAT  LSGNAPSETKEPYRLEGAMP  DAKKASAATMYVTDKDNTSS  LNDPSQVKTLQEKAGKGAGT  TKASTRDQLPTTNDKDTNRL  SWGLTADGNIKPDIAAPGQD  LQKQYETQYPDMTPSERLDL  KTKARYQSKEDLEKAKKEHG  AYANRGMKEDDFKDVKGKIA  KDQLDGDGLQFYALKNNFTA  TAMVKTDDQQDKEMPVLSTN  RGDIDFKDKVANAKKAGAVG  NAQSDIKANTVTEDTPVTEQ | 1  1  0.999  0.999  0.998  0.997  0.995  0.993  0.981  0.978  0.965  0.941  0.935  0.912  0.889  0.873  0.855  0.84  0.83  0.755 | TKPEKDSSGQTPGKTPQKGQ  NAQSDIKANTVTEDTPVTEQ  KSKGVSIVTSAGNDSSFGGK  ETPQPTAVSEEVPSSKETKT  LLEGHSNKPEQDGSGQTPDK  QEHGTHVSGILSGNAPSETK  EQHTDFDVIVDNTTPEVATS  RDLNDPSQVKTLQEKAGKGA  PRQQGAGAVDAKKASAATMY  NDLAPQAPAKTADTPATSKA  TAMVKTDDQQDKEMPVLSTN  APDKKPEAKPEQDGSGQTPD  ANGEPYAAISPNGDGNRDYV  QYETQYPDMTPSERLDLAKK  RTLEKRSSKRALATKASTRD  SWGLTADGNIKPDIAAPGQD  FEKTRWDGKDKDGKVVANGT  PTTNDKDTNRLHLLKLVMTT | 1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  0.872  0.549 | KVVANGTYTYRVRYTP  TVTEDTPVTEQAVETP  SGAKEQHTDFDVIVDN  YETQYPDMTPSERLDL  NGEPYAAISPNGDGNR  EGHSNKPEQDGSGQTP  SSGQTPGKTPQKGQPS  TAMVKTDDQQDKEMPV  DASESSTREPTCCCSP  DKKPETKPEKDSSGQT  CCSPYGENESXGNSCP  DGSGQTPDKKPETKPE  DKVAYYHDYSKDGKTA  DKKPEAKPEQDGSGQT  DGSGQTPDKKPEAKPE  GSTRFEKTRWDGKDKD  YIHRHANGEPYAAISP  GSSYYHEANSDAKDQL  SYSPDKQLTETAMVKT  DKKPEAKPEQDGSDQA  AETMEGATVPLKMSDF  KTRWDGKDKDGKVVAN  SRFSSWGLTADGNIKP  AKTADTPATSKATIRD  STRDQLPTTNDKDTNR  YRVRYTPISSGAKEQH  SIVTSAGNDSSFGGKT  TEQAVETPQPTAVSEE  ELYYQATVQTDKVDGK  AGAVDAKKASAATMYV  TAVSEEVPSSKETKTP  TAVDQEHGTHVSGILS  SRTLEKRSSKRALATK  YVTDKDNTSSKVHLNN  MKEDDFKDVKGKIALI  APSETKEPYRLEGAMP  EKAGKGAGTVVAVIDA  GKTPQKGQPSRTLEKR  SDIKANTVTEDTPVTE  TDKTKARYQSKEDLEK  YQSKEDLEKAKKEHGI  ANNKYAKLSGTSMSAP  TADGNIKPDIAAPGQD  LKLVMTTFFFGLVAHI  RGDIDFKDKVANAKKA  DANDLAPQAPAKTADT  AYANRGMKEDDFKDVK  SPNGDGNRDYVQFQGT  DPSQVKTLQEKAGKGA  VQTDKVDGKHFALAPK  SSKVHLNNVSDKFEVT  LVAHIFKTKRQKETKK | 0.97  0.97  0.94  0.94  0.93  0.93  0.92  0.91  0.91  0.90  0.89  0.89  0.88  0.88  0.88  0.87  0.87  0.87  0.86  0.86  0.86  0.84  0.84  0.84  0.84  0.83  0.82  0.81  0.81  0.81  0.81  0.80  0.80  0.79  0.78  0.76  0.76  0.76  0.75  0.75  0.74  0.73  0.73  0.71  0.70  0.68  0.67  0.65  0.65  0.60  0.57  0.56 |
| 8 | hylpL | KADKETVYTKAESKQELDKK  KKTNGAGTAAQGIYINSTSG  NITSGNENGSAMQLRGSEKA  FYVKSDGGFYAKETSQIDGN  NLKGGVMTGQLKFKPAATVA | 0.979  0.933  0.899  0.877  0.796 | QPTTPNFSSALNITSGNENG  STRGAGVVVYSDNDTSDGPL  NGAGTAAQGIYINSTSGTTG  KADKETVYTKAESKQELDKK  KLKDPTANDHAATKAYVDKA  MTGQLKFKPAATVAYSSSTG  FETDTGFARAGDGHNRFSDL | 1  1  1  1  1  1  1 | AMQAMSTRPHYALRNI  ATEDSSTREPTCCCSP  NPSIGADYDKNAAALS  YTKAESKQELDKKLNL  CCSPYGENESSERTYP  ASEPHAGEASSCIATE  DPTANDHAATKAYVDK  SSTRGAGVVVYSDNDT  GGVMTGQLKFKPAATV  ARAGDGHNRFSDLGYI  AVNIDLSSTRGAGVVV  YAKETSQIDGNLKLKD  TSGTTGKLLRIRNLSD  NGAGTAAQGIYINSTS  GNLKLKDPTANDHAAT  DYKGTTNAVNIAMRQP  TSGNENGSAMQLRGSE  KPNIDGLATKVETAQK  PESVMSENIPLRVQFK  AYSSSTGGAVNIDLSS  GTLKITHENPSIGADY  ATKVETAQKLQQKADK  AALSIDIVKKTNGAGT  AQGIYINSTSGTTGKL  YNLLTNKPNIDGLATK  GSAMQLRGSEKALGTL | 0.91  0.90  0.88  0.88  0.87  0.87  0.85  0.85  0.84  0.84  0.82  0.80  0.80  0.80  0.77  0.76  0.75  0.75  0.73  0.73  0.71  0.69  0.64  0.61  0.61  0.60 |