	UniprotKB ID	Entry name	organism	full name	oglcnacscore	oglcnac sites	phosphorylation sites	PMIDS	sequence	intracellular	extracellular	cytosol	nucleus	mitochndrion	endoplasmic reticulum	golgi apparatus	plasma membrane	extracellular region
	A1Z9M5	A1Z9M5_DROME	Drosophila melanogaster	Titin	28.06426	T19;T25	NaN	40245499	MVSKSNKKKQVSQQQQSSTSPPPAT STTTSTSSAEATKLTKKLGPDAFATL TTSNSSSSMQHESVTYGGDPVGPST SGASLPAAGVRSYSSRSSQSKSKASQ SHSSYTEQSQSQLQSEQYSSKISRDY ANQKIISSIDLLESEKKEPVFSVPIDV VEIATPTLSVSASGGSVSKMFTSSSM SSSQQQQQASSSSSYFEATTSSSRSA NETLIASERADTATGMTSSGPRKQV GFDTDTKTVTNATTSNSNSSSSSTST NININTSGSRSSNLSESQSVPKLPMS GTADAPASVTSQGYPEPVAASSGATT TKATSSTRRNDKLEVASAKTAVDRA TSSSSMVDQRSTKEVSESSVLKSSTS SKQSKSSSKKEVYDVKTKTWTEYSD GSSHGPSKTRPTFERYVSKESDGTS KVTYKKKIYDRRNNRWRVVDERTVD STADTGYPEIVDDVINTTRTTYTTKVY DTKLGKWTVVDEKSFTDTKAFVPND IAREIEKDNTDVANITTTTEVTKIFDA SINDWRVLDEKVHTDVIEKIVEAPKK TIYVDEFVEIEKNTSISENNENITLNL KETSKHKNITENIYDEIDYVRTDKQR LNDSRTRGVAKNKSTTHSERCICEIC TCGRHHCSSSTTKSTENTVIQTEDN VDEAYTRIRTNTWSKEDNGNIPKQN EDILVDYIVIKKPEDNLRPEGDFIVPP KEPYKPGEKREKIVHTDNLRTEGEM TFVEKEEYQYTVRPGYVKPTDNLKPE GEFYSPEKPKYQPGDRPSQVRHQDN LKPEGEFYTPEKPGYAPADRPTQKRP VDNLKPEGEFVSPEKPKYTPAERPE KIIRSDNLRTEGEMTFVEKEEYQYVT RPGQVKPTDNLRPEGSFYSPEKAKY RPGERPSQVRPVDNLKPEGDFYTPE RPGFESAERPVQKKPEDNLKPDGEF VRPEKQVYKPADKTERIIRKDNLRTE GEMTFVEREEYHYVVRPDQVKPLDN LKPEGEFYSPEKPKYKPGERPSQVRP EDNLRPEGEFYTPEKPGFRPAERPV QKKPQDNLKPEGEFVKPEKQVYRPA DKTERIIRKDNLRTEGEMTFVEREEY QYVVRPDQVKPLDNLKPEGEFYSPE KPKYKPGERPSQVRPEDNLRPEGEF YTPEKPGFRPAERPEQKKPEDNLKP EGEFYSPEKPKYKPGERPSQVRPED NLRPEGEFYTPEKPGFRPAERPEQK KPEDNLKPEGEFYSPEKPKYKPGER PSQVRPEDNLRPEGEFYTPEKPGFR PAERPVQKKPQDNLKPEGEFVKPEK QVYRPADKTERIIRKDNLRTEGEMTF VEREEYQYVVRPDQVKPLDNLKPEG EFYSPEKPKYKPGERPSQVRPEDNL RPEGEFYTPEKPGFRPAERPEQKKP EDNLKPEGEFYSPEKPKYKPGERPS QVRPEDNLRPEGEFYTPEKPGFRPA ERPEQKKPQDNLKPEGEFYSPEKPK YKPGERPSQVRPEDNLRPEGEFYTP EKPGFRPAERPEQKKPEDNLKPEGE FYSPEKPKYKPGERPSQVRPEDNLR PEGEFYTPEKPGFRPAERPEQKKPQ DNLKPEGEFYSPEKPKYKPGERPSQ VRPEDNLRPEGEFYTPEKPGFRPAE RPEQKKPQDNLKPEGEFYSPEKPKY KPGERPSQVRPEDNLRPEGEFYTPE KPGFRPAERPEQKKPEDNLKPEGEF YSPEKPKYKPGERPSQVRPEDNLRP EGEFYTPEKPGFRPAERPEQKKPQD NLKPEGEFYSPEKPKYKPGERPSQV RPEDNLRPEGEFYTPEKPGFRPAER PVQKKPQDNLKPEGEFVKPEKQVYR PADKTERIIRKDNLRTEGEMTFVERE EYQYVVRPDQVKPLDNLKPEGEFYS PEKPKYKPGERPSQVRPEDNLRPEG EFYTPEKPGFRPAERPEQKKPEDNL	False	False	1.453	2.578	False	False	False	False	False

									MTRIISGGTSGSNAERSTVTRSHVSG GGGIDFSSQSHSHTGSHTSRHRGG NQQVSSLGGGIDFPSYSAHGHGAER VVTRRGNQSSISLGNEKFTGSSLYKS EYITAPKTTCAVHKIKQGAFQHTRST QEHKFFKTSN										