

UniprotKB ID	Entry name	organism	full name	oglcnacscore	oglcnac sites	phosphorylation sites	PMIDS	sequence	intracellular	extracellular	cytosol	nucleus	mitochondri
075179	ANR17_HUMAN	Homo sapiens	Ankyrin repeat domain-containing protein 17	28.684706	S156;T1537;T1540;T1541;S1635;T1644;T1645;T1646;S1820;S1821;T1824;T1825;T1826;T1830;T1838;T1839;S1844;T1845;T1848;T1850;T1853;S1858;T2001;T2005;S2006;T2022;S2041;T2175;T2185;S2192;S2194;S2288;S2303;S2373;T2379;S2382;S2383;S2395;S2401;S2441	S19;S50;S156;S803;S1457;S1635;S1639;S1696;S1700;S1709;S2042;S2044;S2045;S2047;S2059;S2067;S2373;S2401	28657654;31492838;34846842;23301498;37340703;34019948;34725712;37217939;32574038;36240223;21740066;35254053;29237092;28510447;29351928;35138101;30397120;30620550;30059200;30379171;28604694;22661428;35132862;33214551;35289036;32119511;27114449;38665916	MEKATVPVAAATAAEGEGSPPAVAA VAGPPAAAEVGGVGGSSRSARSASS PRGMVVRCDLLKKKPPQQHHKA KRNRTRCPPSSSESSSDNSGSGGG GGGGGGGGGGTSSNNSEEEEDDD DEEEEVSEVESFILDQDDLENPMLE TASKLLSGTAGDADLRTVDPETQA RLEALLEAAGIGKLTADGKAFADPE VLRRLTSSVSCALDEAAAALTRMRA ESTANAGQSDNRSLAEACSEGDNV AVRKLLEGRSVNEHTEEGESLLCLA CSAGYYELAQVLLAMHANVEDRGIK GDITPLMAAANGGHVKIVKLLLAHK ADVNAQSSTGNTALTYACAGGYVDV VKVLESGASIEDHNENGHITPLMEA GSAGHVEVARLLENGAGINTHSNE FKESALTACYKGHLEMVRFLLLEAG ADQEHKTDDEMHTALMEACMDGHV EVARLLDLSGAQVNMPADSFESPLT LAACGGHVELAALLIERGASLEEVN DEGYTPLMEAAREGHEEMVALLG QGANINAQTEETQETALTACCGGF LEVADFLIKAGADIELGCSTPLMEAA QEGHLELVKYLLAAGANVHATTATG DTALTYACENGHTDADVLLQAGAD LEHESEGGRTPLMKAARAGHVCTV QFLISKGANVNRRTANNHTVLSLA CAGGHLAVVELLHAHGADPTHRKLD GSTMILEAAKGGHTSVVYLLDYPN NLLSAPPDVVTQLTPPSHDLNRAPR VPVQALPMVVPPEPKPPANVATT LPIRNKAASKQKSSSHLPANSQDVQ GYITNQSPESIVEEAQKLETEQRI KEAIEKNAQLQSELEAHADQLTKEKI EELNKTREEQIQKQKILEELQKVER ELQLKTQQQLKQYLEVKAQRILQ QQQQQSCQHLGLLTPVGVGEQLSE GDYARLQQVDPVLLKDEPQQTAAQ MGFAPIQLAMPQALPLAAGPLPPG SIANLTELQGVIVGQPVLGQAQLAGL QGILTETQQGLMVASPAQTLNDTL DDIMAAVSGRASAMNTPTHSIAASI SQPQTPTPSPIISPSAMLPYPAIDIDA QTESNHDALTACAGGHEELVQTL LERGASIEHRDKKGFPLILAATAGH VGVEILLDNGADIEAQSERTKDTPL SLACSGGRQEVVELLARGANKEHR NVSDYTPLSLAASGGYVNIKILLNAG AEINSRTGSKLGISPLMLAAMNGHT AAVKLLDMGSDINAQIETNRNTAL TLACFQGRTEVVSLLDRKANVEHR AKTGLTPLMEAAASGGYAEVGRVLLD KGADVNAPPVPSRDALTIAADKG HYKFCCELLIGRAHIDVRNKKGNTP LWLAANGGHLDVVQLLVQAGADV AADNRKITPLMAAFRKGHVKVRYL VKEVNQFPDSECMRYIATITDKEM LKKCHLCMESIVQAKDRQAAEANK NASILLEELDLEKLREESRRLAALAAK REKRKEKRRKKEEQRKLEIEIAK NKENFELQAAQEKEKLVVEDEPEVL TEPPSATTTTTIGISATWTTLAGSHG KRNNTTTTSSKRKNRKNKITPENV QIIFDDPLPISYSQPEKVNESKSSST SESGSDNMRISSCDESSNSNSSR KSDNHSPAVVTTVSSKKQPSVLVTF PKEERKS VSGKASIKLSETISEGTSN SLSTCTKSGPSPLSSPNGKLTVASPK RGQKREGWKEVVRRSKKVSVVSTV ISRVIGGGCNINAIREFTGAHIDDK QKDKTGDRIITIRGGTESTRQATQLI NALIKDPDKEIDELIPKNRLKSSAN SKIGSSAPTTAANTSLMGIKMTTVA LSSTSQTATALVPAISSASTHTIKN PVNNVRPGFVSLPLAYPPQFAHA LLAAQTFQQRPPRLPMTHFGGTFPP AQSTWGFPPVRPLSPARATNSPKPH MVPRHSNQNSSGSQVNSAGSLTSS PTTTTSSASTVPGTSTNGSPSSPSV RRQLFVTVKTSNATTTTTVTASN	None	None	None	None	None

NNTAPT NATYPMPTAKEHYPVSSPS
SPSPPAQPGVSRNSPLDCGSASP
KVASSSEQEAGSPVETTNTRPPN
SSSSSGSSSAHSNQPPGSVSQEP
RPPLQSQVPPPEVRMTVPLATSS
APVAVPSTAPVTYPMQTPMGCPQP
TPKMETPAIRPPPHGTTAPHKNSAS
VQNSSVAVLSVNHKRPHSVSSVQ
LPSTLSTQSACQNSVHPANKPIAPNF
SAPLPFGPFSTLFENSPTSAHAFWG
GSVVSSQSTPESMLSGKSSYLPNSD
PLHQSDTSKAPGFRPPLQRPAPSPSG
IVNMDSPYGSVTPSSTHLGNFASNIS
GGQMYGPGAPLGGAPAAAANFNROH
FSPDLLTPCSSASNDSSAQSVSSGV
RAPSPAPSSVPLGSEKPSNVSQDRK
VPVPIGTERSARIRQTGTSAPSVIGSN
LSTVGHSGIWSFEGIGGNQDKVDW
CNPGMGNPMIHRPMSDPGVFSQH
QAMERDSTGIVTPSGTFHQHVPAgy
MDFPKVGGMPFSVYGNAMIPPVAPI
PDGAGGPIFNPGHAADPSWNSLIKMS
VSSSTENNGPQTVWTGPWAPHMNS
VHMNQLG