

UniprotKB ID	Entry name	organism	full name	oglcnacscore	oglcnac sites	phosphorylation sites	PMIDS	sequence
O75179	ANR17_HUMAN	Homo sapiens	Ankyrin repeat domain-containing protein 17	28.48218	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	21740066;35254053;30397120;23301498;30379171;28657654;31492838;33214551;34725712;30620550;27114449;35289036;32574038;29351928;34019948;28510447;29237092;35132862;35138101;30059200;34846842;22661428;28604694;32119511	MEKATVPVAAATAAEGEGSPPAVAAVAGPAAAAEVGGVGGSSRRARSASSPRGMVVRVCDLILLKPKPPQQQHKA KRNRTCRRPSSSESSSDSDNSGGGG GGGGGGGGGGTSSNNSEEEEDDD DEEEVSEVSEFILDQDDLNPML TASKLLLSGTADGADLRTVDPETQA RLEALLEAAGIGKLTADGKAFADPE VLRRLTSSVSCALDEAAAALTRMRA ESTANAGQSDNRSLAEACSEGDVN AVRKLIEGRSVNEHTEEGESLLCLA CSAGYYELAQVLLAMHANVEDRGIK GDITPLMAAANGGHVKIVKLLLAHK ADVNAQSSTGNTALTYACAGGYVDV VKVLLSESGASIEDHNENGTPLMEA GSAGHVEVARLLENGAGINTHSNE FKESALTLACYKGHLEMVRFLEAG ADQEHKTDEMHTALMEACMDGHV EVARLLDLSGAQVNMPADSFESPLT LAACGGHVELAALLIERGASLEEVN DEGYTPLMEAAREGHEEMVALLG QGANINAQTEETQETALTLACCGGF LEVADFLIKAGADIELGCSTPLMEAA QEGHLELVKYLLAAGANVHATTATG DTALTYACENGTDDVADVLLQAGAD LEHESEGGRTPLMKAARAGHVCTV QFLISKGANVNRTTANNHTVLSLA CAGGHLAVVELLHAAGDPTHRLKD GSTMLIEAAKGGHTSVVCYLLDYPN NLLSAPPPDVTQLTTPSHDLNRAPR VPVQALPMVPPQEPDKPPANVATT LPIRNKAASKQKSSSHLPANSQDVQ GYITNQSPESIVEEAQGKLELEQRI KEAIEKNAQLQSLELAHADQLTKEKI EELNKTREEQIQKKQKILEELQKVER ELQLKTQQQLKKQYLEVKAQRIQLQ QQQQQSCQHLGLLTPVGVGEQLSE GDYARLQQVDPVLLKDEPQQTAAQ MGFAPIQLAMPQALPLAAGPLPPG SIANLTELQGVIVGQPVLGQAQLAGL GGILTETQQGLMVASPAQTLNDTL DDIMAAVSGRASAMSNTPTHSIAASI SQPQTPTPSPIISPSAMLPYPAIDIDA QTESNHDTALTLACAGGHEELVQTL LARGASIEHRDKKGFPLILAAATAGH VGVVEILLDNGADIEAQSERTKDTPL SLACSGGRQEVVELLARGANKEHR NVSDYTPLSLAASGGYVNIKILLNAG AEINSRTGSKLGISPLMLAAMNGHT AAVKLLDMGSDINAQIETNRNTAL TLACFQGRTEVVSLLDRKANVEHR AKTGLTPLMEAASGGYAEVGRVLLD KGADVNAPPVSSRDALTIAADKG HYKFCCELLIGRGAHIDVRNKKGNTP LWLAANGGHLDVVQLLVQAGADV AADNRKITPLMAAFRKGHVKVVRYL VKEVNQFPSDSECMRYIATITDKEM LKKCHLCMESIVQAKDRQAAEANK NASILLEELDLEKLRRESRRLALAAK REKRKEKRRKKKEEQRRKLEEIEAK NKENFELQAAQEKEKLVDEPEVL TEPPSATTTTTIGISATWTLGASHG KRNNTITTTSSKRKNRKNKITPENV

QIIFDDPLPISYSQPEKVNESKSSST
SESGSDNMRISSCSESSNSNSSR
KSDNHSPAVTTTTVSSKKQPSVLVTF
PKEERKSVSGKASIKLSETISEGTSN
SLSTCTKSGPSPSSPNGKLTVASPK
RGQKREEGWKEVRRSCKVSPSTV
ISRVIGRGGCNINAIREFTGAHIDIDK
QKDKTGDRITIRGGTESTRQATQLI
NALIKDPDKEIDELIPKNRLKSSAN
SKIGSSAPTTAANTSLMGIKMTTVA
LSSTSQTATALVPAISSASTHKTIKN
PVNNVRPGFVSLPLAYPPQFAHA
LLAAQTFQIRPPRLPMTHFGGTFPP
AQSTWGPFPVRPLSPARATNSPKPH
MVPRHSNQNSSGSQVNSAGSLTSS
PTTTSSASTVPGTSTNGSPSSPSV
RRQLFVTVVKTSNATTTTITTASN
NNTAPT NATYPMPTAKEHYPVSSPS
SPSPPAQGGVSRNSPLDCGSASP
KVASSEQEAGSPVETTNRPPN
SSSSGSSSAHSNQPPGVSQEP
RPPLQSQVPPPEVRMTVPPLATSS
APVAVPSTAPVTYPMPTMGCPQP
TPKMETPAIRPPPHGTTAPHKNSAS
VQNSSVAVLSVNHKRPSPSSVQ
LPSTLSTQSACQNSVHPANKPIAPNF
SAPLFPFSTLTFENSPTSAHAFWG
GSVVSSQSTPESMLSGKSSYLPNSD
PLHQSDTSKAPGFRPPLQRPAPSPSG
IVNMDSPYGSVTPSSTHLGNFASNIS
GGQMYGPGAPLGGAPAAANFNROH
FSPLSLLTPCSSASNDSSAQSVSSGV
RAPSPAPSSVPLGSEKPSNVSDRK
VPVPIGTERSARIRQTGTSAPSVIGSN
LSTSVGHSGIWSFEGIGGNQDKVDW
CNPGMGNPMIHRPMSDPGVFSQH
QAMERDSTGIVTPSGTFHQHPAGY
MDFPKVGGMPFSVYGNAMIPPVAPI
PDGAGGPINFNGPHAADPSWNSLIK
VSSSTENNGPQTVWTGPWAPHMNS
VHMNQLG