

UniprotKB ID	Entry name	organism	full name	oglcnacscore	oglcnac sites	phosphorylation sites	PMIDS	sequence
P12270	TPR_HUMAN	Homo sapiens	Nucleoprotein TPR	40.853868	S111;T1266;T1275;S1318;S1660;T1661;S1662;T1666;T1672;S1676;T1677;S1679;T1682;S1691;S1804;S2063;S2176;S2187;T2330	S379;S522;S523;S632;S1185;T1692;S1893;S2034;S2037;S2048;S2050;S2073;T2116;T2137;S2155	31373491;36240223;22661428;29351928;27114449;33214551;30059200;21158410;29237092;35254053;28657654;34725712;20068230;32574038;30379171;31492838;33465208;32119511;35289036;25367160;28510447;27655845;35132862;34019948	MAAVLQQVLERTELNKLPKSVQNKLEKFLADQQSEIDGLKGRHEKFKVES EQQYFEIEKRLSHSQERLVNETREC QSLRLELEKLNQKALTEKNKELE IAQDRNIAIQSQFTRTKEELEAEKRD LIRTNERLSQELEYLTEDVKRLNEKL KESNTTKGELQKLDDELQASDVSVK YREKRLEQEKELLHSQNTWLNTELK TKTDELLALGREKGNEILELKCNELE NKKEEVSRLLEEQMNGLKTSNEHLQ KHVEDLLTKLKEAKEQQASMEEFK HNELNAHIKLSNLYKSAADDSEAKS NELTRAVEELHKLLKEAGEANKAIQ DHLLEVEQSKDQMEKEMLEKIGRL EKELENANDLLSATKRKGAILSEEEL AAMSPTAAAVAKIVKPGMKLTELIN AYVETQDQLLEKLENKRINKYLDEI VKEVEAKAPILKRQREERYERAQKAVA SLSVKLEQAMKEIQRLQEDTDKANK QSSVLERDNRRMEIQVKDLSQQIRV LLMELEEARGNHVIRDEEVSSADISS SSEVISQHLVSYRNIEELQQQNQRLL VALRELGETREREQETTSSKITELQ LKLESALTELEQLRKSQRHQMQLVD SIVRQRDMYRILLSQTTGVAIPLHAS SLDDVSLASTPKRPSTSQTVPAPV PVIESTEAIKAALKQLQEIFENYKK EKAENEKIQNEQLEKLEQVTDLRS QNTKISTQLDFASKRYEMLQDNVEG YRREITSLHERNOKLTATTQKQEII NTMTQDLRGANEKLAVA EVRAENL KKEKEMLKLSEVRLSQRESLLAEQ RGQNLLLTLNLTQIQGILERSSETETKQ RLSSQIEKLEHEISHLKKKLENEVEQ RHILTRNLVDVQLLDTKRQLDTETNL HLNTKELLKNAQKEIATLKQHLSNM EVQVASQSSQRTGKGQPSNKEDVD DLVSQLRQTEEQVNDLKERLKTSTS NVEQYQAMVTSLEESLNKEKQVTEE VRKNIEVRLKESAEFQTQLEKKLME VEKEKQELQDDKRAIESMEQQLSE LKKTLSSVQNEVQEAQRASALSN EQQARRDCQEQAIAVEAQNKYERE LMLHAADVEALQAAKEQVSKMASV RQHLEETTQKAESQLECKASWEER ERMLKDEVSKVCRCEDLEKQNRN LHDQIEKLSDKVVASVKEGVQGPLN VSLSEEGKSQEQILEILRFIRREKEIA ETRFVAQVESLRYRQRVELLEREL QELQDSLNAEREKVQVTAKTMAQH EELMKKTETMNVVMEINKMLREEK ERLEQDLQMQAKVRKLELDILPLQ EANAELSEKSGMLQAEKKLLEEDVK RWKARNQHLSVQQKDPDTEEYRKL LSEKEVHTKRIQQLTEEIGRLKAEIA RSNASLTNNQNLISLQKEDLNKVRT EKETIQKDLDAKIIDIQEKVKTITQVK KIGRRYKTQYEELKAQQDKVMETSA QSSGDHQEQHVSQEMQELKETLN QAETKSKSLESQVENLQKTLSEKET EARNLQEQTVQLQSELSRLRQDLQD RTTQEEQLRQQITEKEEKTRKAIVAA KSKIAHLAGVKDQLTKENEELQQRN

