

| UniprotKB ID | Entry name | organism | full name | oglcnacscore | oglcnac sites | phosphorylation sites | PMIDS | sequence |
|--------------|-------------|--------------|-------------------------------------|--------------|--|--|---|---|
| P35658 | NU214_HUMAN | Homo sapiens | Nuclear pore complex protein Nup214 | 74.597091 | T267;S430;S433;T434;T436;T437;T439;S440;S441;S450;S457;T469;S471;T494;T496;S501;S503;S504;S509;S521;S526;S547;S564;S566;T580;S581;T592;T598;S601;S602;S605;S610;S613;S614;S616;S621;S631;S636;S651;S961;S974;S1038;S1044;S1045;T1051;S1052;T1055;S1056;S1058;S1083;S1087;S1103;T1134;S1136;T1137;S1142;S1146;T1147;T1150;T1156;S1167;T1178;S1181;S1185;T1193;T1198;T1201;S1202;T1203;S1205;S1207;S1211;S1215;S1217;S1219;T1221;T1231;S1233;S1234;T1243;S1245;T1246;S1249;S1250;S1256;S1281;T1283;T1284;S1291;T1301;T1305;T1306;S1324;S1325;T1330;S1333;S1335;S1345;T1349;S1353;S1354;T1355;S1356;T1358;S1359;T1360;T1363;T1365;S1366;S1413;T1417;S1418;S1421;S1422;S1426;T1430;T1437;T1459;T1572;T1579;S1586;T1637;T1639;S1640;S1642;S1643;S1652;S1653;S1654;S1655;T1690;S1692;T1696;S1704;S1709;T1716;S1737;S1738;S1741;S1752;S1761;T1763;T1767;S1768;S1770;S1776;S1777;T1778;S1779;S1780;S1781;S1782;S1783;S1866;S1869;S1870;S1872;S1887;S1894;S1904;S1905;S1907;S1912;T1913;T1915;S1916;T1918;S1919;S1925;S1937;T1944;T1946;S1948;S1949;S1953;S1956;S1962;S1963;T1967;S1985;T2016;S2020 | S30;T416;S421;S430;S433;T434;T437;T439;S651;S657;S666;T670;S678;S760;S940;S970;S974;S989;T1021;S1023;S1045;S1056;S1081;T1134;T1150;T1156;S1181;T1312;S1353;S1963;S1985 | 30379171;33214551;27655845;31492838;32119511;20676906;30620550;20068230;30296064;30059200;21740066;21300897;29249144;28657654;29351928;31373491;29237092;21158410;22121020;34019948;3626323;27114449;28604694;20305658;22661428;32574038;32870666;23301498;28510447 | MGDEMDAMIPEREMKDFQFRALKKVRIFDGSPEELPKERSLLAVSNKYGLVFAGGASGLQIFFTKNLLIKNKPGDDPNKIVDKVQGLLVPMKFPPIHHLALS CDNLTLT SACMMMSSEYGSIIAFFDVRTFSNEAKQQKRPFAYHKLLKADAGGMVIDMKWNPVTPSMVAVCLADGSIADV LQVTETVKVCATLPLSTVAVTSVCWSPKGGQLAVGKQNGTVVQYLLPTLQEKKVIPCPPFYEDHPPVRLDVLWIGTYVFAIVYAAADGTLETSPDVVMALLPKKEEKHPEIFVNFMEPCYGSCTERQHHYYLSYIEEWDLVLAASAASTEVSILARQSDQINWESWLLLEDSSRAELPVTDKSDDSLP MGVVVDTM NQVEITISDEKTLPPAPVLMLLSTDGVLCPPFYMINQNPGVKSLIKTPERLSLEGERQPKSPGSTPTTPTSSQAPQKLDASAAAAPASLPSSSPAAPATFSLLPAGGAPTVFSFGSSSLKSSATVTGEPSSYSSGSDSSKAA PGPGPSTFVFPVPSKASLAPTPAASP VAPSAASFSGSSGFKPTLESTPVPSVSAPNIAMKPSFPPSTSAVKVNLSEKFTAAATSTPVSSSSQSAPPMPFSSASKPAASGPLSHPTPLSAPPSSVPLKSSVLPSPSGRSAQSSSPVPSMVQKSPRITPPAAKPGSPQAKSLQPAVAEKQGHQWKSDSDPVMAGIGEEIAHFQKELEL KARTSKACFQVGTSEEMKMLRTE SDDLHTFLLLEIKETTELSLHGDISSLKTTLLEGFAGVEEAREQNERNRDSGYLHLLYKRPLDPKSEAQLQEIRRLHQYVKFAVDQVNDVLDLEWDQHLEQKKQRHLLVPERETL FNTLANNREIINQQRKRLNHLVDSLQQLRLYKQTSLSLSLSSAVPSQSSIHSDSLESLCNALLKTTIESHTKSLPKVPAKLSPMKQAQLRNF LAKRKT PPV RSTAPASLSRS AFLSQRYEDLDEVSTSSVSQSLES EDARTSCKDDEAVVQAPRHAPVVRTPSIQPSLLPHAAPFAKSHLVHGSSPGVMGTSVATSASKIIPQGADSTMLATKTVKHGAPSPSHIPISAPQAAAAAALRRQMASQAPAVNTLTESTLKNVPQVVNVQELKNNPATPSTAMGSSVPYSTAKTPHPVLT PVAANQAKQGLINSLKPSGTPASGQLSSGDKASGTAKIETAVTSTPSASGQFSKPPFSFSPSGTGFNFGIITPTSSNFTAAQGATPSTKESSQPD AFSSGGGSKPSYEAIPESPPSGITSA SNTTTPGEPAASSSRPVAPSGTALSTSSKLETTPSKLGELLFPSSLAGETLGSFSGLRVQADDSTKPTNKASSTSLTSTQPTKTSGVPSGFNFTAPPVLGKHTEPPVTSSATITTSVAPPAATSTSSAVFGSLPVTSA GSSGVISFGGTSLSA GKT SFSFGSQQTNSTVPPSAPPPTTAATPLPTSFP TLSFGSLLSATTPLPMSAGRSTEEATSSALPEKPGDSEVSASAASLLEEQQSAQLPQAPPQTSDSVKKEPVL AQPAVSN SGTAASTSLVALSAEATPATTGVPDARTEAVPPASSF |

