

UniprotKB ID	Entry name	organism	full name	oglcnacscore	oglcnac sites	phosphorylation sites	PMIDS	sequence
P49790	NU153_HUMAN	Homo sapiens	Nuclear pore complex protein Nup153	69.646106	S153;S164;S199;S219;T222;T224;S305;S330;S374;S459;S476;T480;S481;S482;S483;T486;S490;S491;T495;T496;S497;S498;S500;S504;S505;T509;T515;S516;S519;T520;S528;S534;T535;S543;S544;T548;S550;T556;S560;T565;S572;T578;S614;S619;S624;T630;T632;S633;T638;S643;S644;S647;S711;T761;S836;T890;S891;S892;S893;S894;S895;S897;S900;S901;S902;S908;S909;S910;S911;S912;S915;T917;T919;S920;T921;S937;S938;S940;S942;S947;S964;S965;S967;S1003;S1017;S1018;S1019;S1023;T1026;S1031;T1032;T1038;T1041;S1042;S1046;S1047;T1055;S1057;T1064;S1068;T1078;S1091;T1103;T1112;S1113;T1114;S1115;S1134;S1138;T1141;S1149;S1154;T1156;S1159;T1170;T1177;S1178;T1179;T1180;S1196;T1225;S1231;S1232;S1236;S1237;S1238;S1249;S1255;T1262;T1263;S1264;S1265;T1266;T1268;T1271;S1280;S1287;S1385;T1387;T1388;S1391;S1392;S1456;S1457	T102;S182;S185;S192;S203;S209;S240;S257;S297;S320;S330;S333;S334;S338;S343;T369;T388;S500;S516;S518;S522;S529;T588;S607;S614;S619;S633;S687;S891;S1457;S1461;S1463	23301498;34105348;31373491;36240223;22661428;29351928;34931806;27114449;35008409;30059200;33214551;21300897;30620550;29237092;35254053;28657654;31637018;32870666;20305658;34725712;20068230;32574038;20041180;29249144;30379171;31492838;34846842;33465208;32119511;35289036;35083852;30296064;29771506;28510447;27655845;35132862;21740066;34019948	MASGAGGVGGGGGGKIRTRRCHQG PIKPYQQGRQQHQGILSRVTEVSKNI VPGWLRQYFNKNEDVCSCTDSTSEV PRWPENKEDHLVYADEESSNITDGR ITPEPAVSNTEEPSTTSTASNYPDVL TRPSLHRSHLNFMSLESPALHCQPS TSSAFPIGSSGFSLVKEIKDSTSQHD DDNISTTSGFSSRASDKDITVSKNTS LPLPWSPEAERSHLSQHTATSSKK PAFNLSAFGTLSPLGNSSILKTSQL GDSFPYPGKTTYGGAAAARVRSKLR NTPYQAPVRRQMKAKQLSAQSYGVT SSTARRILQSLKEMSSPLADAKRIPSI VSSPLNSPLDRSGIDITDFQAKREKV DSQYPPVQRLMTPKPVSIATNRSVYF KPSLTSPSGEFRKTNQRIDNKCSTGY EKNMTPGQNREQRESGFSYPNFSL PAANGLSSGVGGGGGKMRRERTRF VASKPLEEEEMEVPVLPKISLPITSSS LPTFNFSSEITTSFSPINSSQALTN KVQMTSPSSTGSPMFKFSSPIVKSTE ANVLPSSIGFTFSVPVAKTAEELSGS SSTLEPIISSSAHVTTVNSTNCKKT PPEDCEGPFPAEILKEGSLVDILKS PGFASPKIDSVAAQPTATSPVVYTRP AISSSFSSGIGFGESLKGSSWQCDT CLLQNKVTDNKCIAQAAKLSRDT AKQTGIETPNKSGKTTLSASGTGFGD KFKPVIETWDCDCLVQNKPEAIC VACETPKPGTCKRALTTLTVVSESAE TMTASSSSCTVTGTGLGFGDKFKRPI GSWECSVCCVSNNAEDNKCVCSCMS EKPGSSVPASSSTVPSLPSGGSLG LEKFKKPEGSWDCELCVLVQNKADST KCLACESAKPGTKSGFKGFDTSSSSS NSAASSSFKFGVSSSSSGPSQTLTST GNFKFGDQGGFKIGVSSDSGSINPM SEGFKFSPKIGDFKFGVSSSKPEEV KKDSKNDNFKFLSSGLSNPVSLTP FQFGVSNLQEEKKEELPKSSSAGF SFGTGVINSTPAPANTIVTSENKSSF NLGTIETKSASVAPFTCKTSEAKKEE MPATKGGFSFGNVEPASLPSASVAV LGRTEEKQQEPVTTSTSLVFGKADN EEPKCQPVVFSFGNSEQTKDENSSKS TFSFSMTKPSEKESEQPAKATFAFG AQTSTTADQGAAPVFSFLNNSSSS SSTPATSAGGGIFGSSSTSSNPPVAT FVFGQSSNPVSSSAFGNTAESSTSQ SLLFSQDSKLATTSSTGTAVTPFVFG PGASSNNTTTSFGFGGATTTSSSAG SSFVFGTGPSAPSASPAFGANQTPTF GQSQGASQPNPPGFGSSSTALFPT GSQPAPPTFGTVSSSSQPPVFGQOPS QSAFGSGTTPNSSSAFQFGSSTTNF NFTNNSPSGVFTFGANSSTPAASQAQ PSGSGGFPFNQSPAFTVGSNGKNV FSSSGTSFSGRKIKTAVRRRK