

UniprotKB ID	Entry name	organism	full name	oglcnacscore	oglcnac sites	phosphorylation sites	PMIDS	sequence
P49790	NU153_HUMAN	Homo sapiens	Nuclear pore complex protein Nup153	58.470463	S153;S164;S199;S219;T222;T224;S305;S330;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;T578;S614;S619;S624;T630;T632;S633;T638;S643;S647;S711;T761;T890;S891;S892;S893;S894;S895;S897;S900;S901;S902;S908;S909;S910;S911;S912;S915;T917;T919;S920;T921;S937;S938;S940;S947;S964;S965;S967;S1003;S1017;S1018;S1019;S1023;T1026;S1031;T1032;T1038;T1041;S1042;S1046;S1047;T1055;S1057;T1064;S1068;T1078;T1103;T1112;S1113;T1114;S1115;S1134;S1138;T1141;S1149;S1154;T1156;S1159;T1170;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	30379171;33214551;27655845;31492838;32119511;29771506;30620550;31637018;20068230;30296064;30059200;20041180;21740066;33465208;21300897;29249144;28657654;29351928;31373491;29237092;34019948;34105348;27114449;20305658;22661428;32574038;32870666;23301498;28510447	MASGAGGVGGGGGGKIRTRRCHQG PIKPYQQGRQQHQGILSRVTESVKNI VPGWLQRYFNKNEDVCSCTDSTSEV PRWPENKEDHLVYADEESSNITDGR ITPEPAVSNTEEPSTTSTASNYPDVL TRPSLHRSHLNFMSLESPALHCQPS TSSAFFIGSSGFSLVKEIKDSTSQHD DDNISTTSGFSSRASDKDITVSKNTS LPPLWSPEAERSHLSQHTATSSKK PAFNLSAFGTLSPLGNSSILKTSQL GDSFPYPGKTTYGGAAAARVRSKLR NTPYQAPVRRQMKAKQLSAQSYGVT SSTARRILQSLKMSPLADAKRIPSI VSSPLNSPLDRSGIDITDFQAKREKV DSQYPPVQRLMTPKPVSIATNRSVYF KPSLTPSGEFRKTNQRIDNKCSTGY EKNMTPGQNREQRESGFSYPNFSL VAANGLSSGVGGGGGKMRRRERTRF VASKPLEEEEMEVPVLPKISLPITSSS LPTFNFSSEITTSPPSPINSSQALTN KVQMTSPSSTGSPMFKFSSPIVKSTE ANVLPSSIGFTFSVPVAKTAEELSGS SSTLEPIHSSSAHHVTTVNSTNCKKT PPECEGPFPRPAEILKEGSLDILKS PGFASPKIDSVAAQPTATSPVVYTRP AISSFSSGIGFGESLKAGSSWQCDT CLLQNKVTDNKCIAQAAKLSRDT AKQTGIETPNKSGKTTLSASGTGFGD KFKPVIQWDCDCLVQNKPEAIKC VACETPKPGTGVKRALTLTVVSESAE TMTASSSSCTVTGTGLGFGDKFKRPI GSWECVCCVSNNAEDNKCVCSCMS EKPSSVPASSSTVPSLPSGGSLG LEKFKKPEGSDWDELCLVQNKADST KCLACESAKPGTKSGFKGFDTSSSSS NSAASSSFKFGVSSSSSGPSQTLTST GNFKFGDQGGFKIGVSSDSGSINPM SEGFKFSKPIGDFKFGVSSSKPEEV KKDSKNDNFKFLSSGLSNPVSLLTP FQFGVSNLQEEKKEELPKSSSAGF SFGTGVINSTPAPANTIVTSENKSSF NLGTIETKSASVAPFTCKTSEAKKEE MPATKGGFSFGNVEPASLPSASVVF LGRTEEKQQEPVSTSLVFGKADN EEPKCQPVVFSFGNSEQTKDENSSKS TFSFSMTKPSEKESEQPAKATFAFG AQTSTTADQGAAPVFSFLNNSSSS SSTPATSAGGGIFGSSSTSSNPPVAT FVFGQSSNPVSSSAFGNTAESSTSQ SLLFSQDSKLATTSSTGTAVTPFVFG PGASSNNTTSSGFGGATTTSSSAG SSFVFGTGPSAPSASPAFGANQTPTF GQSQGASQPNPPGFGSSSTALFPT GSQPAPPTFGTVSSSSQPPVFGQOPS QSAFGSGTTPNSSSAFQFGSSTNF NFTNNSPSGVFTFGANSSTPAASQAQ PSGSGGFPPNQSPAFTVGSNGKNV FSSSGTSFSGRGIKTAVRRRK