

UniprotKB ID	Entry name	organism	full name	oglcnacscore	oglcnac sites	phosphorylation sites	PMIDS	sequence
P51610	HCFC1_HUMAN	Homo sapiens	Host cell factor 1	80.500129	T262;T405;T408;S411;T413;S419;S427;T441;T446;T457;T458;T459;T460;T466;S470;T480;T490;T495;T496;T498;T502;S507;T515;T517;S518;T529;S531;T535;S539;S540;T556;S562;S563;T566;S569;T574;T575;T579;T583;T586;T587;T588;T592;S597;S598;S603;T607;T612;T619;S620;S622;S623;T625;T627;S628;T629;T634;S638;T640;T642;T651;T652;T658;S666;S669;S674;S678;S685;T689;T694;S695;T698;S702;T703;T707;T712;T720;T726;S727;T733;T734;T737;T738;T739;S742;T746;T749;S754;S755;S757;S759;T760;T761;T771;S775;T779;T784;T787;S788;S789;S794;T797;T800;T801;T805;S806;T808;T831;T858;T861;S863;T870;T871;T877;T878;T881;T882;T885;T887;T889;S891;T892;S893;S901;T902;S905;T908;T911;T912;T915;T918;S920;S921;T927;T930;S932;T936;T937;T939;T945;T946;T948;T950;S955;T958;S967;S980;T995;T1031;S1058;T1061;S1062;T1063;T1143;S1150;T1153;S1162;S1221;S1234;S1238;T1239;T1243;S1245;S1246;T1273;T1335;S1398;T1400;T1485;T1486;T1488;T1491;S1497;T1743;S1749;T1752;S1758;T1760	S6;S411;S598;S666;S669;S1205;S1224;T1491;S1497;S1507;S1771;S1838	30379171;33214551;27655845;31492838;24311690;32119511;20676906;28584052;30620550;27056667;3103664;30397120;31637018;20068230;30059200;21295698;32522876;21740066;23335398;33465208;29249144;28657654;29351928;31373491;29237092;26305326;21158410;34019948;26075789;34105348;32092778;27114449;28604694;20305658;22661428;32574038;34065225;32870666;23301498;28510447	MASAVSPANLPVLLQPRWKRVVG WSGPVPRRHGHRAVAIKELIVVFG GGNEGIVDELHVYNTATNQWFIPAV RGDIPPGCAAYGFVCDGTRLLVFGG MVEYGKYSNDLYELOQSRWEWKRL KAKTPKNGPPPCPRLGHSFSLVGNK CYLFGGLANDSEDPKNNIPRYLNDL YILELRPGSDVADIPITYGVLPPPR ESHTAVVYTEKDNKSKLVIYGGMS GCLRGLDLWTLDDTLTWNKPSLSGV APLPRSLHSATTIGNKMYVFGWVVP LVMDDDVKVATHEKEWKCTNTLACL NLDTMAWETILMDTLEDNIPRARAG HCAVAINTRLIYWSGRDGYRKAWNN QVCKDLWYLETEKPPPARVQLVR ANTNSLEVSWGAVATADSYLLQLQK YDIPATAATATSPTPNVPSVPANPP KSPAPAAAAPAVQPLTQVGITLLPQA APAPPTTTTIQVLPVPGSSISVPTAA RTQGVPAVLKVTGPQATTGTPLVTM RPASQAGKAPVTVTSLPAGVRMVVP TQSAQGTVIGSSPQMSGMAALAAA AATQKIPSSAPT VLSVPAGTTIVKTM AVTPGTTTTLPATVKVASSPVMVSNPA TRMLKTAQAQVGTSSATNTSTRPI ITVHKSGTVAQAQVVTTVVGGV TKTITLVKSPISVPGGSALISNLGKVM SVVQTKPVQTSAVTQASTGPVQTII QTKGPLPAGTILKLVTSADGKPTTIIT TQASGAGTKPTILGISSVSPSTTKPG TTTIKTIIPMSAITQAGATGVTSSPGI KSPITIIITKVMSTSGTGAPAKIITAVPK IATGHGQQGVTVVVLKQAPGQPGTI LRTVPMGGVRLVPTVSAVKPAVTT LVVKGTTGVTTLGTVGTVSTSLAGA GGHSTSASLATPITTLGTIATLSSQVI NPTAITVSAAQTTLTAAGGLTPTIT MQPVSQPTQVTLITAPSGVEAQPVH DLPVSILASPTTEQPTATVTIADSGQG DVQPGVTTLVCSNPPCETHETGTTN TATTTVVANLGGHPQPTQVQFVCDR QEAAAALVTSTVGGQNGSVVRVCSN PPCETHETGTTNTATTATSNMAGQH GCSNPPCETHETGTTNTATTAMSSV GANHQRDARRACAAGTPAVIRISVAT GALEAAQGSKSQCQTRQTSATSTTM TVMATGAPCSAGPLLGPSMAREPGG RSPAFVQLAPLSSKVRLLSSSIKDL AGRSHSHAVSTAAMTRSSVSGAGEPR MAPVCESLQGGSPSTTVTVALEALL CPSATVTQVCSNPPCETHETGTTNT ATTSNAGSAQRVCSNPPCETHETGT THTATTATSNGGTGQPEGGQPPAG RPCETHQTTSTGTTMSVSVGALLPD ATSSHRTVESGLEVAAPSVPQAGT ALLAPFPPTQVCSNPPCETHETGTT HTATTVTSNMSSNQDPPPAASDQGE VESTQGDSVNITSSAITTTVSTLTR AVTTVTQSTPVPGPSVPPPEELQVSP GPROQLPPRQLLQSASTALMGESAE VLSASQTPELPAAVDLSTGEPSSGQ

