

UniprotKB ID	Entry name	organism	full name	oglcnacscore	oglcnac sites	phosphorylation sites	PMIDS	sequence
P52948	NUP98_HUMAN	Homo sapiens	Nuclear pore complex protein Nup98-Nup96	54.817078	S21;T22;T27;S55;T57;S69;T73;S74;T75;S76;T77;T83;S84;T87;T90;T94;S96;T99;S100;T122;S123;T124;S125;S126;T168;T184;T223;T224;T225;S230;S231;T234;S235;S236;T238;S242;S243;S244;T245;T246;S248;S262;T263;T264;T268;T281;T282;S286;T293;T294;T295;T298;T315;T322;S325;T333;T335;T337;S338;T341;T347;S362;T371;T372;S375;S376;T377;T378;S379;T385;T386;S387;S415;S418;T428;S447;T462;T472;T473;T474;T476;T489;S494;S507;S516;T567;T568;S673;S679;S888;S1014;S1018;S1034;S1036;S1064	S524;S608;S612;S618;S623;S625;S653;T670;S673;S681;S683;S839;S888;S897;S934;T1000;S1023;S1028;S1043;S1060;S1064;T1070;S1329;T1772	33214551;27655845;31492838;321195111;30620550;30397120;20068230;30059200;32522876;21740066;33465208;29249144;28657654;29351928;29237092;34019948;22121020;27114449;20305658;32870666;23301498	MFNKSFGTTPFGGGTGGFGTTSTFGQNTGFGTSSGAFGTSFAFGSSNNTGG LFGNSQTKPGGLFGTSSFSQATSTS TGFSGTSTGTANTLFGTASTGTSLSL SSQNNFAAQNKPTGFGNFGTSTSSG GLFGTTNTTSNPFGSTSGSLFGPSSF TAAPTGTTIKFNPTGTDTMVKAGVS TNISTKHKQCITAMKEYESKSLEELRL EDYQANRRKGFQNOVVGAGTTTGLFG SPATSSATGLFSSSTNSGFAYGQN KTAFGTSTTGFGTNPGGLFGQQNQ TTSLFSKPFGQATTTQNTGFSFGNT STIGQPSTNTMGLFGVTQASQPGGL FGTATNTSTGTAFGTGTGLFGQTNT FGAVGSTLFGNNKLTTFGSSTSA PSFGTSSGGLFGNKPTLTLGTNTNT SNFGFGTNTSGNSIFGSKPAPGTLG TGLGAGFGTALGAGQASLFGNNQPK IGGPLGTGAFGAPGFNTTTATLGFGA PQAPVALTDPNASAAQAVLQQHIN SLTYSPFGDSPLFRNPMSPDKKEE RLPKPTNPAAQKALTPPTHYKLTTPRA TRVRPKALQTTGTAKSHLFDGLDDD EPLSANGAFMPKKSICKLVKLNLN SNLFSFVNDRSENLASPSEYPENGE RFSFLSKPVDENHQDGDDEDSLVS HFYTNPIAKPIPQTPESAGNKHSNS NSVDDTIVALNMRAALRNGLEGSSE ETSFHDESLODDREEIENNSYHMH PAGIILTKVGYTIPSMDDLAKITNEK GECIVSDFTIGRKGYSIYFEGDVNL TNLNLDIVHIRRKEVVVYLDLDDNQK PPVGEGLNRKAEVTLDGWVPTDKTS RCLIKSPDRLADINYEGRLEAVSRKQ GAQFKEYRPETGSWVFKVSHFSKYG LQSDSEEEEEHPSKTSTKKLKTAPLP PASQTTPLQMALNGKPAPPPQSOSP EVEQLGRVVVELDSMDVDITQEPVLD TMLEESMPEDQEPVSASTHIASSLGI NPHVLQIMKASLLTDEEDVDMALD QRFSRLPSKADTSQEICSPRLPISAS HSSKTRSLVGGLLQSKFTSGAFLSPS VSVQECRTPRAASLMNIPSTSSWSV PPPLTSVFTMPSPAPEVPLKTVGTRR QLGLVPREKSVTYGKGKLLMDMALF MGRSFRVWGPNWTLANSGEQLN GSHELENHQIADSMFEGFLPNPVAV KPLTESPFKVHLEKLSLRQRKPED MKLYQTPLELKLKHSVHVDELCP LI VPNLGVAVIHDYADWVKEASGDLPE AQIVKHWSLTWTLCEALWGHKEL DSQNLNPREYIQILERRRAFSRWLSC TATPQIEEEVSLTQKNSPVEAVFSYL TGKRISACSLAQQSGDHRLLALLS QFVGSQSVRELLTMQLVDWHQLQA DSFIQDERLRIFALLAGKPVWQLSEK KQINVCSQLDWKRSLAIHLWYLLPP TASISRALSMEYEAQNTSDSDRYA CSPLPSYLEGSGCVIAEEQNSQTPLR DVCFHLLKLYSDRHYDLNQLLEPRSI TADPLDYRLSWHLWEVLRALNYTHL SAQCEGVLQASYAGQLESEGLWEW

