	UniprotKB ID	Entry name	organism	full name	oglcnacscore	oglcnac sites	phosphorylation sites	PMIDS	sequence	intracellular	extracellular	cytosol	nucleus	mitochndrion	endoplasmic reticulum	golgi apparatus
0	P58871	TB182_MOUSE	Mus musculus	182 kDa tankyrase-1-binding protein	63.72613	S260	S14;T131;S178;S220;T238;S286;S300;S429;S437;S496;S500;T503;T533;S539;S568;S602;S673;S692;S713;S763;S796;S807;S845;S866;S871;S876;S887;S912;S976;S980;S1006;S1017;S1022;S1047;S1063;S1084;S1096;S1126;S1131;S1171;S1212;S1241;S1246;T1275;S1290;S1321;S1324;S1373;S1375;S1425;S1429;S1437;S1440;S1442;S1463;S1466;S1496;S1549;T1554;S1611;S1612;S1622;S1643;S1657;S1706	21540332;36852467;29562282;22645316;25153642;26192747;22517741;34678516;30059200;28135057;28528544;35822049	MKGSTLREGTAMASPLPQDMEEEL APVGSEPGDPRAKPPVKPKPRGLPSK PALPAKPSLLVPVGPRPPRGPLAELP SARKMNMLAGPQPYGVSKRPLPFAP RPSAEATAGGDVTQESGKEDAGKED LPPLTPPARCAALGGVRKAPAPFRPS SERFAACTVEEILAKMEQPRKEILAS PDRLWGSRLTFNHDGSSRYGPRTYG APCPREEDSKSPAKGRSQEGTAEIPA ECQEEHSKTPEERNLTSSPAMNGD LAKLACSEAPTDVSKTWVTSSADPV SEHGGSTSAVRLANISVPASESPRLS SRPSSPCHSQLSETQSPAASEASSIC LPVTPASPSAVLPAEPPGHSPSSELP AEAAPETLSPNSSPVETVSGHHSPE QPPVLLPQLLTEGAELPDITRTFPCG EEAAARGHTESRPSSLAQRRFSEGV LQPPSQDQEKLGGSLATLPQGQGSQ SALDRPFGSGTESNWSLSQSFEWTF PTRPSGLGVWRLDSPPPSPITEASEA AEAAEADSWAVSGRGEGVSQVGPG TPPAPESPRKPISGVQGNDPGISLPQ RDDGESQPRSPALLPSTVEGPPGAPL LQAKENYEDQEPLVGHESPITLAAR EAALPVLEPALGQQQPTPSDQPCILF VDVPDPEQALSTEEDVVTLGWAETT LPMTEAQEPCSVSPEPTGPESSSRW LDDLLASPPPNSGSARRAAGAELKD RQSPSTCSEGLLGWAQKDLQSEFGV ATDSHHSSFGSSSWSQDTSQNYSLG GRSPVGDTGLGKRDWSSKCGQGSG EGSTREWASRHSLGQEVIGIGGSQD ESEVPVRERAVGRPAQLGAQGLEAD AQQWEFGKRESQDPHSIHDKELQD QEFGKRDSLGSFSTRDASLQDWEFG KRASVSTNQDTDENDQELGMKNLS RGYSSQDAEEQDREFEKRDSVLDIH GSRATAQQNQEFGKSAWFQDYSSG GGGSRVLGSQERGFGIRSLSSGFSPE EAQQQDEEFEKKTPVGEDRFCEASR DVGHLEEGASGGLLSPSTPHSRDGA ARPKDEGSWQDGDSSQEITRLQGR MQAESQSPTNVDLEDKEREQRGWA GEFSLGVAAQSEAAFSPGRQDWSRD VCVEASESSYQFGIIGNDRVSGAGLS PSRKSGGGHFVPPGETKAGAVDWT DQLGLRNLEVSSCVSSEGPSEAREN VVGQMGWSDSLGLNNGDLARRLGT GESEEPRSLGVGEKDWTSSVEARNR DLPGQAEVGRHSQARESGVGEPDW SGAEAGEFLKSRERGVGQADWTPDL GLRNMAPGAGCSPGEPRELGVGQV DWGDDLGLRNLEVSCDLESGGSRG CGVGQMDWAQDLGLRNLRLCGAPS EVRECGVGRVGPDLELDPKSSGSLS PGLETEDPLEARELGVGEISGPETQG EDSSSPSFETPSEDTGMDTGEAPSL GASPSSCLTRSPPSGSQSLLEGIMTA SSSKGAPQRESAASGSRVLLEEEGL AAGAGQGEPQEPSRAPLPSSRPQPD GEASQVEEVDGTWSLTGAARQNEQ ASAPPPRRPPRGLLPSCPSEDFSFIE DTEILDSAMYRSRANLGRKRGHRAP AIRPGGTLGLSETADSDTRLFQDSTE PRASRVPSSDEEVVEEPQSRRTRMS LGTKGLKVNLFPGLSPSALKAKLRSR NRSAEEGEVTESKSSQKESSVQRSK SCKVPGLGKPLTLPPKPEKSSGSEGS SPNWLQALKLKKKKI	None	None	None	None	None	None	None