

UniprotKB ID	Entry name	organism	full name	oglcnacscore	oglcnac sites	phosphorylation sites	PMIDS	sequence
Q04637	IF4G1_HUMAN	Homo sapiens	Eukaryotic translation initiation factor 4 gamma 1	43.0199	S60;S61;S64;S198;S1041;T1054;S1058;T1073;S1097;S1098;T1117;S1118;T1119	S15;T207;T223;S314;T647;S1028;S1077;S1092;S1145;S1147;S1185;S1187;S1194;S1209;T1211;S1231;S1238;S1596;S509;S705	32119511;34725712;37217939;21158410;23301498;32574038;28510447;31373491;30059200;20068230;35289036;31300553;33214551;29237092;30127386;30379171;35083852;34019948;16408927;35254053;26853435;32870666;37340703;19022411;27655845;31492838;35008409;35138101;30940748;34846842;30620550;35132862;29351928	MNKA PQSTG PPPAPSPGLPQPAFPFPGQTAPVVFSTPQATQMNTPSPQRQHFYPSRAQPPSSAASRVQSAAPARPGPAAHVYPAGSQMMMPISQISYPASQGAAYYIPGQGRSTYVVPTQYVPVQPGAPGFYPGASPTFEFGTYAGAYPAQGVQVQFPTGVAPTPLMKNQPPQIAPKRERTIRIRDPNQGGKDITEEIMSGARTASTPTPPQTGGGLEPQANGETPQVAVIVRPDDRSQGAIIADRPGLPGPEHSPSESQSSPSPTPSPSPVLEPGSEPNLAVLSIPGDTMTTIQMSVEESTPISRETGEPYRLSPEPTPLAEPILVEVTLTSKPVPESEFSSSPLQAPTPLASHTVEIHEPNGMVPSEDLPEVESSPELAPPPACPSESPVPIAPTAQPELLNGAPSPPAVDLSVPSEPEEQAKEVTASMAPPTIPSATPATAPSATSPAQEEEEEEEEEEEGEAGEAGEAESEKGGEELLPPESTPIPANLSQNL EAAAATQVAVSVKRRRKIKELNKKEAVGDLDDAFKEANPAVPEVENQPPAGSNPGPESEGSVPPRPEEADETWDSKEDIHNAENIQPGEQKYEYKSDQWKPLNLEEKKRYDREFLLGFQFIFASMQKPEGLPHISDVLDKANKTPLRPLDPTRLQGINCGPDFTPSFANLGRITLSTRGPPRGGPGGELPRGPAGLGRRSQQGPRKEPRKIIATVLMTEDIKLNKA EKAWKPSSKRTAADKDRGEEDADGSKTQDLFRRVR SILNKLTPQMFQQLMKQVTQLAIDTEERLKGVIDLIFEKAISEPNFVAVANMCRCLMALKVPTTEKPTVTVNFRLKLLNRCQKEFEKDKDDDEVFEKKQKEMDEAATAEERGRKKEELEEARDIARRRSLGNIKFIGELFKLMLTEAIMHDCVVKLLKNHDEESLECLCRLLTTIGKDLDFEKAKPRMDQYFNQMEKIIKEKKTSSRIRFMLQDVLDLRGSNWVPRRGDQGPKTIDQIHKEAEMEEREHIKVQQLMAKGS DKRRGGPPGPPISRGLPLVDDGGWNTVPISKGSRPIDTSRLTKITKPGSIDSNNQLFAPGGRLSWGKGSSGGGAKPSDAASEAARPATSTLNRFSALQQAVPTESDNRVVRQRSLSRERGEKAGDRGDRLERSERGGDRGDRLD RARTPATKRSFSKEVEERSRERSQPEGLRKAASLTEDRDRGRD AVKREAALPPVSPLKAALSEELEKSKAIIIEYLHLNDMKEAVQC VQELASPSLLFIFVRHGVESTLERSAIAREHMGQLLHQLLCAGHLSTAQYYQGLYEILELAEDMEIDIPHVWLYLAELVTPILQEGGVPMGELFREITKPLRPLGKAA SLLLEILGLLCKSMGPKKVGTLWREAGLSWKEFLPEGQDIGAFVAEQKVEYTLGEESEAPGQRALPSEELNRQLEKLLKEGSSNQRVFDWIEANLSEQQIVSNTLVRALMTAVCYS AIFETPLRVDVAVLKARAKLLQKYL CDEQKELQALYALQALVVTLEQPPNLLRMFFDALYDEDVVKEDAFYSWESSKDPAEQQQKGVALKSVTAFFKWLREAEESDHN

