

UniprotKB ID	Entry name	organism	full name	oglcnacscore	oglcnac sites	phosphorylation sites	PMIDS	sequence	intracellular	extracellular	cytosol	nucleus	mitochondri
Q14157	UBP2L_HUMAN	Homo sapiens	Ubiquitin-associated protein 2-like	59.878281	T260;S262;T275;T277;S317;S319;T322;S325;S329;T332;S334;S340;T357;T358;S380;S382;S388;S394;T395;T396;T425;S427;S428;T429;S439;T444;S445;T446;S453;S454;S458;S476;S477;S605;T627;T631;T632;S680;S682;T688;T689;T690;T691;S694;T696;S705;S706;S709;S710;T713;S714;T715;S716;T721;S722;S725;S731;S732;S733;S734;T735;S770;T776;S778;S779;T782;T783;S784;T841;S852;S855;S859;T863;S871;S872;T877;T878;T887;T889;T893;T896;S907;T909;S922;T923;T936;S938;S946;S950;T952;S962;T967;S970;T972;S973;S974;T976;S982;S984;S1083	S356;S360;S410;S416;T425;S439;S454;S467;S470;S471;S477;S604;S605;S608;S609;S852;S859	28657654;31492838;34846842;23301498;37340703;34019948;34725712;22121020;37217939;20305658;32574038;36240223;21740066;35254053;29237092;29351928;20068230;31373491;29249144;35138101;30397120;30620550;30059200;34105348;34229054;30379171;28604694;22661428;31637018;35132862;34532545;33214551;27655845;35289036;32119511;27114449;38665916	MMTSVGVTNRARGNWEQPQNQNTQHKQRQQTAEQIRLAQMISDHNDAQDFEEKVKQLIDITGKNQDECVIALHDCNGDVNRRAINVLLEGNPDTHSWEMVGKKGVSQKQDGGQTESNEEGKENRDRDRDYSRRRGGPPRRGRGASRGREFRQENGLDGTKSGGSPSRGT ERGRRGRGRGRGGSGRRGRGSAQGMGTFNPAADYAEANTDDNYGNSSGNTWNNTGHFEPDDGTSAWRTATE EWGTEDWNEDLSETKIFTASNVSVP LPAENVITITAGQRIDLAVLLGKTPST MENDSSNLDPQAPSLAQLVFSNS KQTASIQPASGNFTSHHSMVSMMLGK FFGDVGEAKGGSTTGSQFLEQFKTA QALAAQAQHSQSGSTTSSWDMG STTQSPSLVQYDLKNPSDSAVHSPFT KRQAFTPSSSTMMEVFLQEKSPAVAT STAAPPPSSPLPSKSTSAPOMSPGS SDNQSSSPQPAQKQKQKQKASLT SKIPALAVEMPGSADISGLNLQFGAL QFGSEPVLSDYESTPTTSSASSQAPS SLYTSTASESSSTISSNQSQESGYQS GPIQSTTYTSQNNAAQGPLYEQRSTQ TRRYPSSISSPQKDLTQAKNGFSSV QATQLQTTQSVGATGSVAKSDSPS TSSIPPLNETVSAASLLTTTQHSSS LGGLSHSEIENNTTTOHSSSTLSTQO NTLSSSTSSGRTSTSTLLHTSVESEA NLHSSSSTFTSTSTVSAPPVVSVS SSLNSGSSLGLSLGNSSTVTASTRSS VATTSGKAPPNLPVGPVPLLPNPYIM APGLLHAYPPVQYGYDDLQMLQTRF PLDYYSIPFPPTPTTPTLGRDGLASNP YSGDLTKFGRGDASSPAPATTLAQP QQNQTQTHHTTQQTFLNPALPPGYS YTSLPYYTGVPLPSTFYGPVAVFPV APTSSKQHG VNVSVNASATPFQQPS GYGSHGYNTGVSVTSSNTGVDPDISG SVYSKTQQSFEKQGFHSGTPAASFH LPSALGSGGPI NPATAAAAYPPAPFMH ILTPHQPHSQILHHHLQODGQTGS GQRSQTSSIPQKQPTNKSAYNSYSW GAN	None	None	None	None	None