

UniprotKB ID	Entry name	organism	full name	oglcnacscore	oglcnac sites	phosphorylation sites	PMIDS	sequence
Q5SW79	CE170_HUMAN	Homo sapiens	Centrosomal protein of 170 kDa	9.329446	S135;S138;T628;T870;S1165	S138;S141;S356;S359;T364;S446;S466;S497;T501;S571;S580;S630;S633;S636;T644;S667;S725;T760;S838;S879;S881;T914;T920;S930;S933;S958;S1019;T1023;T1058;S1059;S1112;S1114;S1132;S1133;S1145;S1160;S1165;S1198;S1205;S1210;S1239;S1241;S1251;S1270;S1280;S1362;S1521;S1522	30379171;33214551;31492838;32119511;28657654;31373491;34019948;23301498;28510447	MSLTSWFLVSSGGTRHRLPREMIFV GRDDCELMLQSRSDVKQHAVINYD ASTDEHLVKDLGSLNGTFVNDVRI EQTYITLKLKLEDKLRFGYDTNLFVVQ GEMRVPEEALKHEKFTIQLQLSQKS SESELSKSASAKSIDSKVADAATEVQ HKTTEALKSEEKAMDISAMPRGTPL YGQPSWWGDDEVDEKRAFKTNGKP EEKNHEAGTSGCGIDAKQVEEQSAA ANEEVLFPPFCREPSYFEIPTKEFQQP SQITESTIHEIPTKDTPESSHITGAGHA SFTIEFDDSTPGKVTIRDHVTKFTSD QRHKSCKSSPGTQDLLGIQTGMMAP ENKVADWLAQNNPPQMLWERTEE DSKSIKSDVPVYLKRLKGNKHDDGT QSDSENAGAHRRCSKRATLEEHLRR HHSEHKKLQKVQATEKHQDQAVTS SAHHRGGHGVPHGKLLKQKSEEPS VSIPFLQTALLRSSGSLGHRPSQEM DKMLKNQATSATSEKDNDDDQSDK GTYTIELENPNSEEEVEARKMIDKVFG VDDNQDYNRPVINEKHKDLIKDWAL SSAAAVMEERKPLTTSGFHHSEEGT SSSGSKRWVSQWASLAANHTRHDQ EERIMEFSAPLPLENETEISESGMTV RSTGSATSLASQGERRRRTLPLQLPN EEKSLESHRAKVVQRSEIGEKQDT ELQEKETPTQVYQDKQDADRPLSK MNRVNGETLKTGGDNKTLHLHLS SAPGKEKSETDKETSLVKQTLAKLQ QQEQREEAQWTPTKLSSKNVSGQT DKCREETFQKESQPPEKNSGHSTSK GDRVAQSESKRRKAEIILKSQTPKG GDKKESKSLVRQGSFTIEKPSNPIPI ELIPHINKQTSSTPSSLALTSASRIRE RSESLDPDSSMDTTLILKDTEAVMA FLEAKLREDNKTDEGPDTPSYNRDN SISPESDVDTASTISLVTGETERKSTQ KRKSFTSLYKDRCTGSPSKDVTKSS SSGAREKMEKTKSRSTDVGSRADG RKFVQSSGRIRQPSVDLTDQDQSS VPHSAISDIMSSDQETYSCKPHGRTP LTSADHVHVKLEGSKVTKSKTSPV VSGSSSKSTTLPRPRTRTSLRRAR LGEASDSELADADKASVASEVSTTSS TSKPPTGRRNISRIDLLAQPRRRLG SLSARSDSEATISRSASSRTAEAIR SGARLVPSDKFSPRIRANSISRLSDS KVKSMTSAHGSASVNSRWRFRPTD YASTSEDEFGSNRNSPKHTRLRTSP ALKTTRLQAGSAMPSSSFKHRIKE QEDYIRDWTAHREEIARISQDLALIA REINDVAGEIDSVTSSGTAPSTTVST AATTPGSAIDTREELVDRVFDESLNF RKIPPLVHSKTPEGNGRSGDPRPO AAEPPDHLTITRRRTWSRDEVMGDN LLSSVFQFSSKIRQSIDKTAGKIRIL FKDKDRNWDDIESKLRAESEVPIVK TSSMEISSILQELKRVEKQLQAINAM IDPDGTLREALNNMGFPSAMLPSPPK QKSSPVNNHHSPGQTPTLQPEARA

