

UniprotKB ID	Entry name	organism	full name	oglcnacscore	oglcnac sites	phosphorylation sites	PMIDS	sequence
Q8BTI8	SRRM2_MOUSE	Mus musculus	Serine/arginine repetitive matrix protein 2	23.069619	S2188;S2205;S2245;S2296	T145;S220;S222;S295;S300;S310;S322;S323;S349;S351;S355;S356;T357;T365;S375;S385;S393;S396;S402;S406;S422;S433;S434;S435;S438;S452;S482;S484;S503;S505;S507;S531;S533;S540;S700;S702;S704;S773;S775;S778;S821;S829;T831;T841;S846;S850;S851;S882;S909;S924;S926;S928;S940;S942;S944;S945;S946;S949;T955;S962;S964;T966;T973;S980;S984;S993;T995;S997;S1000;S1011;S1037;S1038;T1044;S1048;S1064;S1066;S1067;S1068;T1071;S1077;S1087;S1094;S1097;S1117;S1151;S1159;S1175;S1188;S1216;S1225;S1229;S1230;S1269;S1276;S1278;S1284;S1287;S1294;S1305;S1325;S1338;S1339;S1340;S1343;S1359;S1360;T1370;S1372;S1378;S1380;T1390;S1400;S1407;T1409;S1414;S1416;S1418;S1419;T1428;S1438;S1439;T1448;S1453;S1455;S1457;S1458;S1465;T1467;S1473;S1475;S1477;S1478;T1487;S1493;S1495;S1497;S1498;S1508;S1533;S1535;S1537;S1538;S1554;S1556;S1557;S1572;S1576;S1577;S1604;S1614;S1647;S1649;S1650;T1654;S1683;S1685;S1687;S1688;S1718;S1720;S1774;S1778;S1810;S1813;S1832;S1834;T1836;S1840;S1846;T1848;S1849;S1869;S1872;S1876;S1878;T1880;T1884;S1898;S1900;T1902;T1906;S1910;S1912;T1914;T1918;S1922;S1924;S1927;T1930;S1936;S1939;S1948;S1951;S1960;S1963;S1970;S1972;T1974;S1982;S1984;T1986;S1994;S1996;S1998;S2019;T2021;S2023;S2042;T2044;S2052;S2054;T2056;S2070;S2073;S2075;S2084;T2096;S2224;T2241;T2254;S2262;T2268;T2281;S2296;S2321;S2329;T2334;S2335;S2347;S2351;S2360;T2362;S2365;S2368;S2381;S2384;S2404;S2408;S2535;T2537;T2553;S2618;S2629;S2631;S2638;S2642;S2644;S2646;S2648;S2656;S2660;T2689;S2691	36084651;35822049;28135057;34887587;25153642	MYNGIGLPTPRGSGTNGYVQRNLSLVRGRRGERPDYKGEELRHLEAALV KRPNPDILDHERKRRVELRCLLEEMMEEQGYEEQQIQEKVATFRMLL EKDVNPGAKEETPGQRPVVTETHQL AELNEKKNERLRAAFGISDSYVDGS SFDPQRAREAKQIAPEPPKPYSLVR ETSSSRSPTPKQKKKKKKDRGRS ESSSPRRERKKSCKKKKHRSESESK KRKHSRPTPKSKRKSCKKKRKRSTR TTPAPKSRRAHRSTSADSASSSDTSR SRSRSAAAKIHHTALTGQSPPLASGH QGEGDAPSVPEGATNIQPPSSAPST KQSSSPYEDKDKKEKSAVRPSPSPE RSSTGPELPAPTPLLVEQHVDSPRPL AAI PSSQEPVNPSSSEASPTRGCSPPK SPEKPPQSTSESECPSPQPTKGRSH ASSPSELKPTPAPGSRREISSPSTK NRSHGRAKRDKSHSHTPSHRAGS RSPATKGRSRSRTPTKRGHSRSRS PQWRRSQAQRWGKSRSPQRRGRS RSPQRPGWRSRNTQRRGRSRSAR RGRSHSRSPATRGRSRSRTPARRGR SRSRTPARRRSRSTPARRRSRSTP ARRGRSRSTPARRRSRTRSPVRRR SRSRSQARRSGRSRSTPARRSGRS RSRTPARRGRSRSTPARRSARSRS RTPARRGRSRSTPARRRSRSLV RRGRSHSRTPQRRGRSGSSSERKNK SRTSQRRSRSNSSPEMKKSHVSSRR SRSLSPPRSKAKSLRRSLSGSSPCPK QKSQTPTRRSRSGSSPPKQKSKTPPR QRSNSPQPKVKSQTTPRPGSVTNM QADECTATPQRQSHSESSPDGEVKS RTPSRQSCSGSSPRVKSSTPPRQSPS RSSSPQPKVKTVISPRGRSHSSSSP SPSRVTSRTPQRKRSRISPCPKVDSR LRHSRSRSSSPDSKMELGTPLRHSG STSPYLKSMQLQTPPDQNLGSKSPC PQKSRDSPTGSSGSFHLCPGVTPSSI VPGESCFSASFVQKQGHQTWPDT S SPEVMQTQVESPLLOSQSKSQTSPKGS LSRSSSPVTELTARSPVKQDKSEIST DPKLKS GMSPEQSKTKPDSSIIPLVD SKSFLVQSRLEPSELKERLGLIQEDV ASSCIPRDKFSPTQDRPESSTVLKVT PRVLLKERSGAGSPPGKRDQKSLLP NSSQDELMEVEKSEQPLSQVLP SLS PEHKEMPGSNIESSPEVEERPAVLS ALDQSQSQPSKAAETPAVASCWSPG QVSPPEHKELSHSPPRENSFESSLEF KNSGPVSEVNTGFSPVEKELNGSF LNQTEADPSVDMKEQSRSSRRSSSE LSPFEVVEKVG L FSSQKVSSPVLETVQ QRTPSRERSSSASPELKDGLPRTPSR RSRSGSSPGLRDGSGTPSRHSLSGS SPMKMDTPQTPSRGRSECDSSPEPK ALPQTPRARSHSPSSPERNNKSVTP QRERSGSESSVEQKNLARTSPGQRS RSGSSQELDGKPSASPQERSESDSS PDSKPKTRTPLRQRSHSGSSPEVDS

KSRRHSPRLSRSGSPEMKDKPRVLQ
RAQSGTDSSPEHKIPAPRALPRHSRS
GSSSKERGPSEGSSESSPEHAPK
SRTARRGSRSSIEPKTSHTPPRRRS
SRSSPELTRKARVSRRSASASSPEI
RSRTPPPRRRRSPSVSSPEPEKSRSS
RRRRSVSSPRTKTTSRRRGRSPSPKPR
GLQRSRSRREKTRTTRRRDRSGS
SQSTSRRRQRSRSRVRTRRRRGGG
GYHSRSPTRQESSRTSSRRRRGRSR
TPLTSRKRSRRTSPAPWKRSRSRAS
PATHRRSRRTPLISRRRSRRTSPV
SRRRSRVNRRRSRSPVSRRRS
RSRTPPVTRRRSRRTPTRRRSRRT
PPVTRRRSRRTPPVTRRRSRRTSP
VTRRRSRRTSPVTRRRSRRTSPVT
RRRSRRTSPVTRRRSRRTPPAIRR
RSRRTPLLPRKRSRSPLAIRRS
RSRTPRAARGKRSLTRSPPAIRRSA
SGSSDRSRATPPATRNHSGSRT
PVALSSRMSCFSRPSMSPTPLDRC
RSPGMEPLGSARTPMSVLQQTGGG
MMDGPGPRIPDHPRSSVPENHAQS
RIALALTAISLGTARPPPSMSAAGLA
ARMSQVPAPVPLMSLRTAPAAANLAS
RIPAASAAAMNLAARTSAIPASVNL
ADSRTPAASAAAMNLAARTAVAPSA
VNLADPRTPAASAVNLAGARTPAAL
AALS LTGSGTPPTAANYPSSSRTPQA
PTPANLVVGPRSAHGTAPVNIAGSRT
PAGLPTNLSSRMALSGANLTS
PRVPLSAYDRVSGRTSPLMLDRARS
RTPPSAPSQRMTSERERAPSPASR
MVQASSQSLPPAQDRPRSPVPSAF
SDQRSVVQTPVAGSQSLSSGTVA
KSTSSASDHNGMLSGPAGISHAEG
GEPPASTGAQQPSTLAALQPAKERR
SSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSS
SSSDSEGSSLPAQPEVALKRVPSPTP
VPKEAIREGRPOEPTPAKRKRSSSS
SSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSS
SSSSSSSSSSSSSPAKPGQALPKPA
SPKKPPGERRSRSPRKPIDSLRDSR
SLSYSPVERRQSPQPSPRDLQSSER
VSWRGQRGDHSPGHKRKETPSPR
SNRHRSSRSP