

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	26.696488	T111;T2138;S2188;S2205;T2241;S2245;S2296;S2341;S2404;S2414	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	28135057;25153642;36084651;36852467;34887587;35822049	MYNGIGLPTPRGSGTNGYVQRNLSLVRGRRGERPDYKGEELRHLEAALVKRPNPDILDHERKRRVLRCLLEEFMMEEQGYEEQIQEKVATFRLMLLEKDVNPGAKEETPGQRPVVTETHQLAELNEKKNERLRAAFGISDSYVDGSFDPQRRAREAKQIAPEPPKPYSLVRETSSSRSPTPKQKKKKKKDRGRRESSESSPRRERKSSKKKKHRSESESKKRKHRSPTPKSKRKSCKDKRKRSRSTTPAPKSRRAHRSTSADSASSSDTSR SRSRSAAAKIHTTALTGQSPPLASGH QGEGDAPSVPEGATNIQPPSPAPST KQSSSPYEDKDKKEKSAVRPSPSPE RSSTGPELPAPTPLLVEQHVDSPRPL AAPSSQEPVNPSSSEASPTRGCSPPK SPEKPPQSTSSSECPPSQPTKGRSRH ASSSPSELKPTPAPGSRREISSPTSK NRSHGAKRDKSHSHTPSHRAGRS RSPATKRGSRSRSTPTKRGHSRSP PQWRRSRSAQRWGKSRSPQRRGRS RSPQRPGWRSRNTQRRGRSR SAR RGRSHSRPATRGRSRSTPARRGR SRSTPARRRSRSTPARRRSRSTP ARRGRSRSTPARRRSRTRSPVRRR SRSRSQARRSGRSRSTPARRSGRS RSRTPARRGRSRSTPARRRSRSTP RTPARRGRSRSTPARRRSRSTP RRGGRSHSRTPQRRGRSGSSSERK NK SRTSQRRSRSNSSPEMKKSHVSSRR SRSLSSPRSKAKSLRRSLSGSSPCPK QKSQTPTRRSRSGSSPPKQKSKTPPR QRSRNSPQPKVKSQTPPRPGSVNTM QADECTATPQRQSHSESSPDGEVKS RTPSRQSCSGSSPRVKSSSTPPRQSPS RSSSPQPKVKTVISPRGRSHSSSSSP SPSRVTSRTPQRKRSRISPCPKVD SR LRHSRSRSSSPDKMELGTPLRHSG STSPYLKSMQLQTPPDQNLGSKSPC PQKSRDPTGSSGSHLCPGVTPSSI VPGESCFSASFVQKQKGTQWPDTS SPEVMQTVESPLLOKSKQTSKPKGS LSRSSSPVTELTARSPVKQDKSEIST DPKLKSGMSPSEQSKTKPDSSIIYLV DSKSFLVQSRLEPSELKERLGLIQEDV ASSCIPRDKFSPQTQDRPESSTVLKVT PRVLLKERSGAGSPGKRDQKSLLP NSSQDELMEVEKSEQPLSQVLP SLS PEHKEMPGSNISSPEVEERPAVLS ALDQSQSQPSKAAETPAVASCWSGP QVSPHKKELSHSPPRENSFESSLEF KNSGVPVSEVNTGFSPEVKEELNGSF LNQTEADPSVDMKEQSRSSRRSSSE LSPEVVEKVGFLFSSQKVSSPVLETVQ QRTPSRERSSSASPELKDGLPRTPSR RSRSGSSPGLRDGSGTSPSRHSLSGS SPGMKDTPTQTPSRGRSECDSSPEPK ALPQTPRARSHSPSSPERNNKSVTP QRERSGSESSVEQKNLARTSPGQRS RSGSSQELDGKPSASPQERSESDSS PDKSPKTRTPLRQRSHSGSSPEVDS KSRHSPRLSRSGSSPEMKDKPRVLQ RAQSGTSSPEHKIPAPRALPRHSRS GSSSKERGSPGESSSESSPEHAPK

SRTARRGSRSSIEPKTKSHTPPRRRS  
SRSSPELTRKARVSRRSRSASSSPEI  
RSRTPRRRRRSPVSSPEPEKSRSS  
RRRRSVSSPRTKTTSTRRGRSPKPR  
GLQRSRSRREKTRTRRRDRSGS  
SQSTSRRRQRSSRSRVTRRRGGG  
GYHSRSPTRQESSRTSSRRRRGRSR  
TPLTSRKRSRSTSPAPWKRSRAS  
PATHRRSRRTPLISRRRSRSTSPV  
SRRRSRVNRRRSRSPVSRRRS  
RSRTPPVTRRRRSRTPTRRRRSRST  
PPVTRRRRSRTPPVTRRRRSRSTSP  
VTRRRRSRSTSPVTRRRRSRSTSPV  
RRRSRSTSPVTRRRRSRSTPPAIRR  
RSRSTPLLPRKRSRSPLAIRRRS  
RSRTPRAARGKRSLTRSPPAIRRSA  
SGSSDRSRATPPATRNHSGSRTP  
PVALSSRMSCFSRPSMPTPLDRC  
RSPGMLEPLGSARTPMSVLQQTGGG  
MMDGPGPRIPDHPRSSVPENHAQS  
RIALALTAISLGTARPPSMSAAGLA  
ARMSQVPAPVPLMSLRTAPAANLAS  
RIPAAASAAAMNLAARTSAIPASVNL  
ADSRTPAAAAAMNLAARTAVAPSA  
VNLADPRTPAASAVNLAGARTPAAL  
AALSLTGSGTPPTAANYPSSRTPQA  
PTPANLVGPRSAHGTAPVNIAGSRT  
PAGLAPTNLSSSRMAPALSGANLTS  
PRVPLSAYDRVSGRTSPLMLDRARS  
RTPPSAPSQSRMTSERERAPSPASR  
MVQASSQSLPPAQDRPRSPVPSAF  
SDQSRVVQTPVAGSLSLSSGTVA  
KSTSSASDHNGMLSGPAPGISHAEG  
GEPPASTGAQQPSTLAALQPAKERR  
SSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSG  
SSSDSEGSSLPAQPEVALKRVPSPTP  
VPKEAIREGRPQEPTPAKRKRSSSS  
SSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSS  
SSSSSSSSSSSPSPAKPGQALPKPA  
SPKKPPGERRSRSPRKPIDSLRDSR  
SLSYSPVERRQPSQPSPRDLQSSER  
VSWRGQRGDHSPGHKRKETSPPR  
SNRHRSSRSP