

UniprotKB ID	Entry name	organism	full name	oglnacscore	oglnacsites	phosphorylation sites	PMIDS	sequence
Q8BTI8-2	SRRM2_MOUSE	Mus musculus	Isoform 2 of Serine/arginine repetitive matrix protein 2	26.696488	NaN	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	MLLEKDVNPGAKEETPGQRPVVTET HQLAELNEKKNERLRAAFGISDSYV DGSSFDPQRRAREAKQIAPEPPKPY LVRETSSSRSPTPKQKKKKKKKDRG RRESESSPRRERKKSCKKKKHRSES ESKKRKRHRSPTPKSKRKSCKDKRKR SRSTTPAPKSRRHRSTADSASSSD TSRSRSRSAAAKIHTTALTGQSPPLA SGHQEGDAPSVPEGATNIQQPSSP APSTKQSSSPYEDKDKKEKSAVRPSP SPERSSTGPELPAPTPLLVEQHVDS RPLAAIPSSQEPVNPSSSEASPTRGCS PPKSPEKPPQSTSSCPSPPQPTKG SRHASSPESLKPTPAPGSRREISS PTSKNRSHGRAKRDKSHSHTPSHR AGRSRSPATKGRSRSRTPTKRGHS RSRSPQWRRRSRQAQRWGKSRSPQR RGRSRSPQRPGWRSRNTQRRGRS RSARRGRSHSRPATRGRSRSRTPA RRGRSRSRTPARRRSRSRTPARRRS RSRTPARRGRSRSRTPARRRSRTRSP VRRRSRSRSQARRSGRSRSRTPARR SGRSRSRTPARRGRSRSRTPARRSA RSRSRTPARRGRSRSRTPARRRSRS RSLVRRGRSHSRTPQRRGRSGSSSE RKNKSRTSQRRSRSNSSPEMKKSH VSSRRSRSLSSPRSKAKSLRRSLSGS SPCPKQKSQTPTRRSRSGSSPPKQK SKTTPRQSRSNSPQPKVKSQTTPRP GSVTNMQADECTATPQRQSHSESSP DGEVKSRTPSRQSCSGSSPRVKSSTP RQSPSRSSSPQPKVKTVISPRGRSH SSSSPSPSRVTSRTPQRKSRISPCP KVDSRLRHRSRSSSPDKMELGTP LRHSGSTSPYLKSMQLTTPDQNLG SKSPCPQKSRDSTPQSSGSGFHLCPG VTPSSIVPGESCFSASFVQQKGHTQT WPDTSSPEVMQTVESPLLQSKSQ SPKGSLSRSSSPVELTARSPVKQDK SEISTDPKLGSGMSPEQSKTKPDSSI YPLVDSKSFVLSRLEPSELKERLGL IQEDVASSCIPRDKFSPTQDRPESST VLKVTPRVLLKERSGAGSPPGKRDO KSLLPNSSQDELMEVAKSQPLSQV LPLSLPEHKEMPGSNISSPEVEERP AVLSALDQSQSQPSKAAETPAVASC WSGPQVSPEHKELSHSPPRENSFES SLEFKNSGPVSEVNTGFSPEVKEEL NGSFLNQTEADPSVDMKEQSRSSR RSSSELSPEVVEKVGFLFSSQKVSSPV LETVQQRTPSRERSSSASPELKDGLP RTPSRRSRSGSSPGLRDGSGTSPSRH SLSGSSPGMKDTPQTPSRGRSECD SPEPKALPQTPRARSHSPSSPERNN KSVTPQRRERSGSESSVEQKNLARTS PGQRSRSGSSQELDQKPSASPOERS

ESDSSPDSKPKTRTRPLRQRSHSGSSP
EVDSKSRHSPRLSRSGSSPEMKDKP
RVLQRAQSGTDSSEHKIPAPRALPR
HSRSGSSSKERGPSPEGSSSESSPE
HAPKSRARRGSRSSIEPKTKSHTPP
RRRSSRSPPELTKARVSRSSRSASS
SPEIRSRTPPRRRRSPSVSSPEPTEKS
RSSRRRSVSSPRTKTTSRGRSPSP
KPRGLQRSRSRREKTRTRRRDR
SGSSQTSRRRQRSRSRVTRRRR
GGSGYHSRSPTRQESSRTSSRRRRG
RSRTPLTSRKRSSRTSPAPWKRSSR
RASPATHRRRSRRTPLISRRRSRRT
SPVSRRRRSRVNRRRSRSPVSR
RRRSRTPPVTRRRSRTPTRRRSR
SRTPPVTRRRSRTPPVTRRRSR
TSPVTRRRSRTPVTRRRSR
PVTRRRSRTPVTRRRSRTPPA
IRRRSRRTPLLPRKRSRSPLAIRR
RSRRTPRAAARGKRSLTRSPPAIRRR
SASGSSDRSRATPPATRNHSGSR
TPPVALSSSRMCSFSPSMSPTPLD
RCRSPGMLEPLGSARTPMSVLQQTG
GSMMDGPGPRIPDHPRSSVPENHA
QSRIALALTAISLGTARPPPSMSAAG
LAARMSQVPAPVPLMSLRTAPAANL
ASRIPAASAAAMNLASARTSAIPASV
NLADSRTPAAAAAMNLASPRTA
SAVNLAADPRTPAASAVNLAGARTPA
ALAALSLTGSGTPPTAANYPSSRTP
QAPTPANLVVGPRAHGTAPVNIAG
SRTPAGLAPTNLSSSRMAPALSGAN
LTSRVPPLSAYDRVSGRTSPLMLDRA
RSRTPPSAPSQRMTSERERAPSPAS
RMVQASSQSLPPAQDRPRSPVPSA
FSDQSRVQTPVAGSQLSSGT
AKSTSSASDHNGMLSGPAPGISHAE
GGEPPASTGAQQPSTLAALQPAKER
RSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSG
SSSSDSEGSSSLPAQPEVALKRVPSPT
PVPKEAIREGRPQEPTPAKRKRSSS
SSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSS
SSSSSSSSSSSSSPAKPGPQALPKP
ASPCKPPPGERRSRSPKPIDSLRDS
RSLSYSPVERROPSPQPSPRDLQSSE
RVSWRGQRGDSPGHKRKETPSP
RSNRHRSSRSP