

UniprotKB ID	Entry name	organism	full name	oglcnaScore	oglcna sites	phosphorylation sites	PMIDS	sequence
Q9H4A3	WNK1_HUMAN	Homo sapiens	Serine/threonine-protein kinase WNK1	41.779992	S10;S11;T71;T73;S167;S183;S1234;S1235;T1244;S1245;S1246;T1248;S1253;S1261;S1276;T1279;T1281;S1285;S1289;S1299;T1521;S1543;S1558;S1559;S1562;S1681;T1687;T1695;T1757;T1812;S1813;T1827;T1848;S1849;S1850;S1863;T1929;S1931;S1935;T1949;T1950;T1951;S2302;S2306;S2358;S2370;S2372;S2377;T2381;T2382	S19;S167;S174;S378;S382;S1261;S1978;S2002;S2011;S2012;S2027;S2029;S2032;S2121;S2270;S2286;S2370;S2372	32119511;34725712;35132862;29249144;23301498;32574038;3624023;22661428;31373491;30397120;21740066;30059200;35289036;33214551;29237092;30379171;34019948;35254053;20305658;37340703;27655845;28657654;35138101;34846842;30620550;31492838;29351928	MSGGAAEKQSSSTPGSLFSLPAPAPKNGSSSDSSVGEKLGAAAAADAVTGRTEEYRRRRRHMTDKDSRGAATTTTTTTEHRFFRRSVCDSNATALEPLPLSLPQPSPAPAVPQSSAPPEHREETVTAATSQVAQPPAAAAAPGEQAVAGPAPSTVPSSTSKDRPVSQPSLVGSKEEPPPARSGSGGGSAKEPQEERSQQQDDIEELETKAVGMSNDGRFLKFDIEIGRGSFKTVYKGLDTETTVEVAWCELDQRKLTKSERQRFKEEAEMLKGLQHPNIVRFYDSWESTVKGKCCIVLTELMTSGTLKTYLKRFKVMKIKVLRSWCQILKGLQFLHTRTPPIHRDLKCDNIFITGPTGSVKIGDLGLATLKRASFAKSVIGTPEFMAPEMYEEKYDESVDVYAFGMCMLEMATSEYPYSECQNAAQIYRRVTSQVQKASFDKVAIPEVKEIIEGCIRQNKDERYSIKDLLNHAFQEE TGVRVELAEEDDGEKIAIKLWLRIDIKKLGKGYKDNEAIEFSFDLERDVPE DVAQEMVESGYVCEGDHKTMAKAIKDRVSLIKRKRERQQLVREEQEKKKQEESLQKQVEQSSASQTGIKQLPSASTGIPTASTTSASVSTQVEPEEPEADQHQQQLYQPPSIVLSDGTVDSDGQSSVFTESRVSSQQTVSYGSSQHEQAHSTGTVPGHIPSTVQAQSQPHGVYPPSSVAQQQSQQQPSSSSLTGVSSSQPIQHPQQQQGIQQTAPPQQTQVYLSQSTSSSEATTAQPVSQPAPQVLPQVSA GKQLPVSQPVPTIQGEPQIPVATQPSVVPVHSGAHFLPVGQPLPTPLLPQYPVSQIPSTPHVSTAQTGFSSLPITMAAGITQPLLTLASSATTAIPGVSTVVPSQLPPLLQPVTLPSQVHPQLLQPAVQSMGIPANLQAAEVPLSSGDVLYQGFPPRLPPQYPGDSNIAPSSNVASVCIHSTVLSPPMPTEVLATPGYFPTVVQPYVESNLLVPMGGVGGQVQVVSQVGSLSAQAPTSSQAVLESTQGVVSQVAPAEPVAVAQATQATQPTTLASSVDSA HSDVASGMSDGNENVPSSSRHEGRTRTKRHYRKSVRSRSRHEKTSRPKL RILNVSNGDRVVEQCQLETHNRKMVTFKFDLDGDNPEEIIATIMVNDFILAIERESFVDQVREIIEKADEMLSEDVSVPEGDQGLLESLQKDDYGFSGSQKLEGEFKQPIPASSMPQQIGIPTSSLTQVVHSAGRRFIVSPVPESRLRESKVF PSEITDTVAASTAQSPGMNLSHSASSLSLQQAFAFSELRRMQMTEGPNATAPPNFSHTGPTFPVPPFLSSVAGVPTAAAATAPVPATSSPPNDISTSVIQSEVTVPT EEGIAGVATSTGVVTSGLPPIPVSES PVLSSVSSITIPAVVISITTSPSLQVPTSTSEIVVSSITIPAVVISITTSPSLQV GSTATPGPKPPAVVSQQAAGSTTVGATLTSVSTTTSFPPSTASQLCQLSSSTSTPTLAETVVVSAHSLDKTSHSSTTG LAFSLAPSSSSSPGAGVSSYISQPGGLHPLVIPSVIASTPILPQAAGPTSTP LLPQVPSIPPLVQPVANVPAVQQTLLHSQPPALLPNQPHTHCPEVDSDTQPRAPGIDDIKTLEEKLRSLFSEHSSS

