

UniprotKB ID	Entry name	organism	full name	oglnacscore	oglnac sites	phosphorylation sites	PMIDS	sequence	intracellular	extracellular	cytosol	nucleus	mitochondri
Q9NYV4	CDK12_HUMAN	Homo sapiens	Cyclin-dependent kinase 12	46.919851	S349;T592;S593;S596;S597;S601;S608;T1363;T1447;T1448;S1466	T57;T73;S236;S249;S265;S274;S276;S301;S303;S310;S312;S318;S323;S325;S332;S333;S334;S338;S341;S343;S345;S383;S385;S400;S420;S423;T514;S614;S644;S681;S685;T692;S889;T893;S1053;S1083;T1244;T1246	31492838;34846842;37340703;34019948;37217939;20305658;36240223;21740066;35254053;28314751;29237092;29351928;20068230;29249144;35138101;30620550;30059200;30379171;22661428;31637018;35132862;33214551;35289036;32119511;27114449;38665916	MPNSERHGGKKGDSGGASGTLQPS SGGSSNSRERHRLVSKHKRHKSK HSKDMGLVTPEAASLGTVIKPLVEY DDISSDSDTFSDDMAFKLDRRENDE RRGSDRSRDLHKHRRHHQHRRSRDL LKAQTEKEKSQEVSSKSGSMKDR SGSSKRNSNEETDDYGKAQVAKSSSK ESRSSKLHKEKTRKERELKSGHKDR SKSHRKRETPKSYKTVDSPKRRRSRP HRKWSDSKQDDSPSGASYGQDYD LSPRSHTSSNYDSYKSPGSTSRRO SVSPPYKPEPAYSQSTRSPSPYRRQ RSVSPYRRRSSSYERSGYSYGRSPS PYGRRRSSPFLSKRSLRSRPLPSRK SMKSRSRSPAYSRHSSSHSKKRSS SRSRHSSISPVRLPLNSSLGAELSRK KKERAAAAAAMKMDGKESKSGSPVFL PRKENSSEAKDSGLESKLPRSVK LEKSAPDTELNVNTHLNTVEKNSSD TGKVKLDENSEKHLVKDLKAQGTRD SKPIALKEEIVTPKETETSEKETPPPL PTIASPPPLPTTTTPPQTPPLPLPPI PALPQQPPLPPSQAFSQVPASSTST LPPSTHSKTSAVSSQANSQPPVQVS VKTQVSVTAAIPHLKTSTLPLPLPLPL LPGDDDDMDSPKETLPSKPVKKEKEQ RTRHLLTDLPLPELPGGDLSPDPS EPKAITPPQQPKKRPKICCPRYGER RQTESDWGKRCVDFDIIGHEGTY GQVYKAKDKDTGELVALKKVRLDNE KEGFPITAIREIKLRQLIHRSVVNMK EIVTDKQDALDFKDKGAFYLVFEY MDHDLMGLESGLVHFSEDHKFS MKQLMEGLECHKKNFLHRDIKCS NILLNNSGQIKLADFGLARLYNSEES RPYTNKVITLWYRPELLGEERYTP AIDVWSCGCILGELFTKKPIFQANLE LAQLELISRLCGSPCAVWPVVIKLP YFNTMKPKQYRRRLREEFSPISAA LDLLDHMLTLDPSKRCCTAEQTLQSD FLKDVELSKMAPPDLPHWQDCHL WSKKRRRQSQSGVVVEEPPPSKTSR KETTSGTSTEPVKNSSPAPPQAPGK VESGAGDAIGLADITQQLNQSELAVL LNLLQSQTDLNIPQMAQLLNHNSP EMQQLEALNQSISALTEATSQQQD SETMAPEESLKEAPSAPVILPSAEQT TLEASSTPADMQNILAVLLSOLMKT QEPAGSLEENNSDKNSGPGPRRTP TMPQEEAAACPPHLPPEKRPPEPPG PPPPPPPLVEGDLSSAPQELNPAV TAALLQLLSQPEAEPGHLPHHEHQ LRPMEYSTRPRPNRTYGNTDGPETG FSAIDTDERNSGPALESVLQTLVKN RTFSGLSHLGESSYQGTGQSVQFP GDQDLRFARVPLALHPVVGOPFLKA EGSSNSVVHAETKLQNYGELGPGTT GASSSGAGLHWGGPTQSSAYGKLYR GPTRVPPRGRGRGVPY	None	None	None	None	None