

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	48.108235	S349;T592;S593;S596;S597;S601;S608;T1363;T1447;T1448;S1452;S1453;T1463;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	38665916;33214551;30379171;39302247;39531497;39534244;35254053;28314751;31492838;22661428;27114449;40307207;20068230;30620550;32119511;21740066;34019948;29237092;35132862;34846842;37217939;29249144;37340703;35289036;30059200;20305658;35138101;31637018;29351928;36240223	MPNSERHGGKKGSGGASGTLQPS SGGSSNSRERHRLVSKHKRHKSK HSKDMGLVTPAAASLGTVIKPLVEY DDISSDSDTFSDDMAFKLDRRENDE RRGSDRSRDLRHKHRRHHQHRRSRDL LKAQTEKEKESQEVSSKSGSMKDR SGSSKRNSNEETDDYGKAQVAKSSSK ESRSSKLHKEKTRKERELKSGHKDR SKSHRKRETPKSYKTVDSPKRRSRSP HRKWSDSKQDDSPSGASYGQDYD LSPRSHTSSNYDSYKSPGSTSRRO SVSPPYKPEPAYSQSTRSPSPYSTRRO RSVSPYSTRSSSYERSGYSYGRSPS PYGRRSSPFLSKRSLRSRPLPSRK SMKSRSPAYSRRHSSSHSKKRSS SRSRHSSISPVRLPLNSSLGAELSRK KKERAAAAAAMKMDGKESKGSVPFL PRKENSSEAKDSGLESKKLPRSVK LEKAPDTELNVNTHLNTVEKNSSD TGKVKLDENSEKHLVKDLKAQGTRD SKPIALKEEIVTPKETETSEKTPPPL PTIASPPPLPTTTTPPQTPPLPLPPI PALPQQPPLPPSPAFSQVPASSTST LPPSTHSKTSAVSSQANSQPPVQVS VKTQVSVTAAIPHLKTSTLPLPLPPL LPGDDDDMDSPKETLPSKPVKKEEQ RTRHLLTDLPLPELPGGDLSPDPS EPKAITPPQPYKRPKICCPRYGER ROTESDWGKRCVDFDIIGIEGTY GQVYKAKDKDTGELVALKKVRLDNE KEGFPITAIREIKLRQLIHRVNVNMK EIVTDKQDALDFKDKGAFYLVFEY MDHDLMGLESGLVHFSEDHKFS MKQLMEGLECHKKNFLHRDIKCS NILLNNSGQIKLADFGLARLYNSEES RPYTNKVITLWYRPELLGEERYTP AIDVWSCGCILGELFTKKPIFQANLE LAQLELISRLCGSPCAVWPVVIKLP YFNTMKPKQYRRRLREEFSPISAA LDLLDHMLTLDPSKRCCTAEQTLQSD FLKDVELSKMAPPDLPHWQDCHL WSKKRRRQSQSGVVVEEPPPSKTSR KETTSGTSTEPVKNSPPAPGPK VESGAGDAIGLADITQQLNQSELAVL LNLLQSQTDLSPQMAQLLNHNSP EMQQLEALNQSISALTEATSQQQD SETMAPEESLKEAPSAPVILPSAEQT TLEASSTPADMQNILAVLLSOLMKT QEPAGSLEENNSDKNSGPGPRRTP TMPQEEAAACPPHLPPEKRPPEPPG PPPPPPPLVEGDLSSAPQELNPAV TAALLQLLSQPEAPPGLPHEHQ LRPMEYSTRPRPNRTYGNTDGPETG FSAIDTDERNSGPALESVQTLVKN RTFSGLSHLGESSYQGTGQSVQFP GDQDLRFARVPLALHPVVGOPFLKA EGSSNSVVHAETKLQNYGELGPGTT GASSSGAGLHWGGPTQSSAYGKLYR GPTRVPPRGRGRGVPY	True	False	False	4.624	False