

| UniprotKB ID | Entry name | organism     | full name                            | oglnacscore | oglnac sites      | phosphorylation sites  | PMIDS   | sequence  |
|--------------|------------|--------------|--------------------------------------|-------------|-------------------|--|---|---|
| Q9Y3S1       | WNK2_HUMAN | Homo sapiens | Serine/threonine-protein kinase WNK2 | 30.579816   | T1604;S1605;S2056 | S45;S352;S356;S560;S1150;S1262;S1588;S1685;S1736;S1817;S1818;S1862;S1889;S2067 | 21740066;28657654;35254053;30397120;20305658;32574038 | <p>MDGDGGRRDVPGTLMPEGRGAGPA<br/> GMAEPRAKAARPGPQRFLLRRSVVES<br/> DQEEPPGLEAAEAPGPQPPQLQRR<br/> VLLCKTRRRIAERARGRPAAPAPAA<br/> LVAQPGAPGAPADAGPEPVGTQEPG<br/> PDPAAAVETAPAPDGGPREEAATV<br/> RKEDEGAEEAKPEPGRTRRDEPEEE<br/> EDDEDDLKAVATSLDGRFLKFDIEL<br/> GRGSFKTVYKGLDTETWVEVAWCEL<br/> QDRKLTKLERQRFKEEAEMLKGLQ<br/> HPNIVRFYDFWESSAKGKRCIVLVTE<br/> LMTSGTLKTYLKRFKVMKPKVLRWS<br/> CRQILKGLLFLHTRTPPIIHRDLKCD<br/> NIFITGPTGSVKIGDLGLATLKRAFSA<br/> KSVIGTPEFMAPEMYEEHYDESVDV<br/> YAFGMCMLEMATSEYPYSECQNA<br/> QIYRKVTCGIKPAFSEKVDPEIKEII<br/> GECICKNKEERYEIKDLLSHAFFAED<br/> TGVRVELAEEDHGRKSTIALRLWVE<br/> DPKCLKGKPKDNGAIEFTFDLEKETP<br/> DEVAQEMIESGFFHESDVKIVAKSIR<br/> DRVALIQWRRERIWPALQPKEQQDV<br/> GSPDKARGPPVPLQVQVTYHAQAGQ<br/> PGPPEPEEPEADQHLLPPTLPTSATS<br/> LASDSTFDSGQGSTVYSDSQSSQSS<br/> VMLGSLADAAPSPAQCVCSPVSEG<br/> PVLQSLPSLGAYQQPTAAPGLPVGS<br/> VPAPACPPSLQQHFPDPAMSFAPVL<br/> PPPSTPMPTGPGQPAPPGQQPPPLA<br/> QPTPLQVLAPQPVVPLQPVPPHLP<br/> YLAPASQVGAPAQLKPLQMPQAPLQ<br/> PLAQVPPQMPPIPVVPPITPLAGIDGL<br/> PPALPDLPTATVPVPPPQYFSPAVIL<br/> PSLAAPLPPASPALPLQAVKLPHPG<br/> APLAMP CRTIVPNAPATIPLLAVAPP<br/> GVAALSIHSAVAQLPGQPVYPAAFPQ<br/> MAPTDVPPSPHHTVQNM RATPPQP<br/> ALPPQPTLPPQVLPFPQPTLPPQVLP<br/> PPQPTRPPQVLPQPMLPPQVLP<br/> QPALPVRPEPLQPHLPEQAAPATPG<br/> SQILLGHPAPYAVDVAQVPTVPVPP<br/> AAVLSPLLPEVLLPAAPELLPQFPSSL<br/> ATVSASVQSVPTQTATLLPPANPPLP<br/> GGPGIASPCPTVQLTVEPVQEEQASQ<br/> DKPPGLPQSCESYGGSDVTS GKELS<br/> DSCEGAFGGGRLEGRAARKHHRRS<br/> TRARSRQERASRPRLTILNVCNTGD<br/> KMVECQLETHNHKMTFFKFDLDGD<br/> APDEIATYMEHDFILQAERETFIEQ<br/> MKDVMDKAEDMLEDTDADRGS DP<br/> GTSPPHLSTCGLGTGEESRQSQANA<br/> PVYQQNVLHTGKRWFIIICPVAEHPA<br/> PEAPESPPLPLSSLPPEASQGPCRG<br/> LTLPCLPWRRACGAVFLSLFSAESA<br/> QSKQPPDSAPYKQDLSSKEQPSFLA<br/> SQQLLSQAGPSNPPGAPPAPLAPSSP<br/> PVTALPQDGAAPATSTMPEPASGTA<br/> SQAGGPGT PQGLTSELETSQPLAET<br/> HEAPLAVQPLVVGLAPCTPAPEAAST<br/> RDASAPREPLPPPAPPEPSPHSGTPQP</p> |

ALGQPAPLLPAAVGAVSLATSQLPSP  
PLGPTVPPQPPSALESDGEGPPPRVG  
FVDSTIKSLDEKLRTLLYQEHVPTSS  
ASAGTPVEVGDRDFTLEPLRGDQPR  
SEVCGGDLALPPVPKEAVSGRVQLP  
QPLVEKSELAPTRGAVMEQGTSSSM  
TAESSPRMLGYDRDGRQVADSHV  
VPSVPQDVPAFVRPARVEPTDRDGG  
EAGESSAEPSPDMGTVGGQASHPO  
TLGARALGSPRKRPEQQDVSSPAKT  
VGRFSVVSTQDEWTLASPHSLRYSA  
PPDVYLDEAPSSPDVKLAVRRAQTAS  
SIEVGVGEPVSSDSGDEGPRARPPVQ  
KQASLPVSGSVAGDFVKKATAFLQR  
PSRAGSLGPETPSRVGMKVPTISVTS  
FHSQSSYISSDNDSELEDADIKKELQ  
SLREKHLKEISELQSQKQEIIEALYR  
RLGKPLPPNVGFFHTAPPTGRRRKT  
SKSKLKAGKLLNPLVRQLKVVASST  
GHLADSSRGPPAKDPAQASVGLTAD  
STGLSGKAVQTQQPCSVRASLSSDIC  
SGLASDGGGARGQGWTVYHPTSER  
VTYKSSSKPRARFLSGPVSVSIWSAL  
KRLCLGKEHSSRSSTSSLAPGPEPGP  
QPALHVQAQVNNNSNNKGTFTDDL  
HKLVDWTSKTVGAAQLKPTLNQLK  
QTQKLQDMEAQAGWAAPGEARAMT  
APRAGVGMPLPPAPGPLSTTVIPGA  
APTLVPTPDGALGTARRNQVWFGL  
RVPPTACCGHSTQPRGGQRVGSKTA  
SFAASDPVRS