



République Algérienne Démocratique et Populaire Ministère de l'Enseignement
Supérieur et de la Recherche Scientifique

Université ABOUBEKR BELKAID –TLEMCEM



Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie, et Sciences de la Terre et de l'Univers

Département de Biologie

MÉMOIRE

Présenté par

Ameur Malika

Ammar Khawla

En vue de l'obtention du

Diplôme de MASTER

En Immunologie

Thème

**Analyse *in silico* des SNPs à conséquences structurales et fonctionnelles
sur SHP1 et SHP2 :**

**Prédiction des modifications post traductionnelles et modélisation
moléculaire**

Soutenu le **29/06/2025**, devant le jury composé de :

| | | | |
|--------------|---------------------------------|------------|------------------------------|
| Présidente | Dr. Hadj Merabet Djahida | MCA | Université de Tlemcen |
| Encadrante | Dr. Hadjidj Zeyneb | MCB | Université de Tlemcen |
| Examinatrice | Dr. Dahou Sara | MAB | Université de Tlemcen |

Année universitaire 2024/2025

Dédicace

À ma chère famille, à mes frères et sœurs, ainsi qu'à leurs enfants, véritable berceau d'amour, de tendresse et de soutien inconditionnel. Votre présence dans ma vie est un pilier qui m'a portée dans chaque étape de ce parcours.

À toute l'équipe de la Pharmacie Kahouadji, à mes estimés collègues et chères collaboratrices, et tout particulièrement à Monsieur Amine Kahouadji, je vous exprime ma profonde gratitude pour votre appui constant, vos encouragements sincères et votre confiance.

À mon amie très chère, Chaimaa Lahmar, une sœur de cœur que le destin m'a offerte. Que notre lien reste à jamais fort et sincère.

À ma collaboratrice dans ce travail de recherche, Ammar Khawla, je te remercie pour ton dévouement, ton sérieux et ton esprit d'équipe. Ensemble, nous avons formé une équipe remarquable, unie par la passion du savoir et le goût de l'excellence.

Ameur Malika

Dédicace

Après ces cinq années d'efforts, de doutes, d'apprentissages et de croissance personnelle, il me tient à cœur d'exprimer ma gratitude à ceux et celles qui ont marqué ce parcours.

À Allah, Le Tout-Puissant, pour Ses innombrables bienfaits, Sa lumière dans les moments d'égarement, et Sa force dans les moments de faiblesse.

À mes chers parents, pour leur amour inépuisable, leur patience infinie et leurs prières silencieuses qui m'ont portée plus loin que je ne l'imaginais.

À Professeur Aribi Mourad, pour avoir initié ce parcours si riche et passionnant, et pour sa vision qui a su donner naissance à un domaine à la fois rigoureux, stimulant et profondément humain.

À Madame Hadjidj Zeyneb, notre encadrante, pour son écoute, son accompagnement bienveillant et sa détermination à nous offrir une vraie opportunité d'apprentissage, même face aux défis.

À tous les membres du laboratoire, qui nous ont accueillies avec chaleur, respect et générosité, dans un espace de travail agréable et rafraîchissant, ce qui a été d'un grand réconfort face à la chaleur étouffante de l'été.

À Ameer Malika

Ce qui n'a été que quelques mois s'est gravé dans ma mémoire comme s'il s'agissait de plusieurs années. Merci pour ta bienveillance, ta simplicité, ton écoute. Je te souhaite tout le succès que tu mérites.

À mes chères amies, celles que j'ai rencontrées au fil de ces années, dans les couloirs, les salles de classe, les bibliothèques et les moments de doute. À chaque rire partagé, à chaque mot réconfortant, à chaque regard complice. Merci d'avoir été là.

À toutes celles que j'ai croisées, d'une promo à une autre, même pour un instant, et qui ont laissé une trace douce dans mon quotidien universitaire. Vos présences m'ont portée, motivée, et parfois même sauvée.

Ammar Khawla

Résumé

Introduction : SHP1 et SHP2 sont deux protéines tyrosine phosphatases non réceptrices intervenant dans la régulation de nombreuses voies de signalisation cellulaire. Tandis que SHP2 est exprimée de manière ubiquitaire dans les cellules des mammifères et agit principalement comme un régulateur positif des voies de signalisation, SHP1 est, quant à elle, principalement exprimée dans les cellules hématopoïétiques et est généralement considérée comme un régulateur négatif de diverses cascades de signalisation. Leur dérégulation est associée à plusieurs pathologies, notamment les maladies auto-immunes, les cancers et les troubles inflammatoires.

Dans cette étude, nous avons réalisé des analyses *in silico* des polymorphismes nucléotidiques simple ayant des conséquences structurelles et fonctionnelles sur SHP1 et SHP2

Matériels et méthodes : Nous avons utilisé plusieurs outils bio-informatiques pour la prédiction des modifications post-traductionnelles, notamment GPS6.0, MusiteDeep, NETPhos 3-1, GPS-MSP, GPS-UBER, PRmePRed, Deep nitro, Icarps, GPS-YNO2 et GPS-SNO 1.0. Par la suite, une modélisation moléculaire des protéines variées a été réalisée à l'aide de SWISS MODEL, suivie d'une évaluation de la qualité structurale par ERRAT et PROCHECK, l'outil Tm align a été utilisé pour l'alignement, tandis que chiméra a servi à la visualisation interactive et la superposition des structures obtenues.

Résultats : Nos résultats suggèrent que certaines variations non synonymes (32 nsSNPs pour **SHP1** et 146 nsSNPs pour **SHP2**) pourraient potentiellement induire diverses modifications post-traductionnelles, telles que **la phosphorylation, la méthylation, l'ubiquitination, la carbonylation, la S-nitrosylation et la Thyrosine nitration** entraînant ainsi des altérations structurales au niveau des protéines concernées.

Conclusion : Notre étude *in silico* constitue une base préliminaire intéressante concernant l'impact potentiel de certains SNPs sur la structure et la fonction des protéines SHP1 et SHP2. Ces résultats pourraient servir de point de départ pour des études expérimentales visant à valider les effets de ces variations et à mieux comprendre leur implication dans le développement de maladies d'origine immunitaires.

Mots clés : SHP1, SHP2, SNPs, Modélisation moléculaire, Modifications post-traductionnelles, *in silico*.

Abstract

Introduction: SHP1 and SHP2 are two non-receptor protein tyrosine phosphatases involved in the regulation of numerous cellular signaling pathways. While SHP2 is ubiquitously expressed in mammalian cells and primarily acts as a positive regulator of signaling pathways, SHP1 is mainly expressed in hematopoietic cells and is generally considered a negative regulator of various signaling cascades. Their dysregulation has been associated with several pathologies, including autoimmune diseases, cancers, and inflammatory disorders.

Materials and Methods: We used several bioinformatics tools for the prediction of post-translational modifications, including GPS6.0, MusiteDeep, NETPhos 3-1, GPS-MSP, GPS-UBER, PRmePRed, DeepNitro, Icarps, GPS-YNO2, and GPS-SNO1.0. Subsequently, molecular modeling of the variant proteins was performed using SWISS-MODEL, followed by structural quality evaluation using ERRAT and PROCHECK. The Tm-align tool was used for structural alignment, while Chimera was used for interactive visualization of the obtained structures.

Results: Our results suggest that certain non-synonymous variations (32 nsSNPs for SHP1 and 146 nsSNPs for SHP2) could potentially induce various post-translational modifications, such as phosphorylation, methylation, ubiquitination, and carbonylation, thereby leading to structural alterations in the corresponding proteins.

Conclusion: Our *in silico* study provides an interesting preliminary basis in relation to the potential impact of certain SNPs on the structure and function of SHP1 and SHP2 proteins. These results could serve as a starting point for experimental studies aimed at validating the effects of these variations and better understanding their involvement in the development of immune-related diseases.

Keywords : SHP1, SHP2, SNPs, Molecular Modeling, Post-Translational Modifications, *In Silico*

ملخص

المقدمة: تعد SHP1 و SHP2 نوعين من بروتينات التيروسين فوسفاتاز غير المرتبطة بالمستقبلات، وتلعبان دورًا مهمًا في تنظيم العديد من مسارات الإشارة الخلوية. بينما يتم التعبير عن SHP2 بشكل واسع في خلايا الثدييات وتعمل بشكل أساسي كمنظم إيجابي لمسارات الإشارة، فإن SHP1 تُعبر بشكل رئيسي في الخلايا المكونة للدم، وتُعتبر عمومًا كمنظم سلبي لمختلف سلاسل الإشارات. وقد ارتبط اختلال تنظيم هاتين البروتينتين بعدة أمراض، لا سيما أمراض المناعة الذاتية، والسرطانات، والاضطرابات الالتهابية.

المواد والطرق: استخدمنا مجموعة من الأدوات المعلوماتية الحيوية للتنبؤ بالتعديلات ما بعد الترجمة، من بينها GPS6.0، MusiteDeep، NETPhos 3.1، GPS-MSP، GPS-UBER، PRmePred، DeepNitro، iCarps، GPS-YNO2 و GPS-SNO 1.0. بعد ذلك، تم بناء نماذج جزيئية للبروتينات المتحوّرة باستخدام أداة SWISS-MODEL، وتم تقييم جودة هذه النماذج بواسطة ERRAT و PROCHECK، كما استُخدم Tm-align لمقارنة الهياكل ثلاثية الأبعاد، وتمت الاستعانة بـ Chimera لعرضها بصريًا بشكل تفاعلي.

النتائج: أظهرت نتائجنا أن بعض الطفرات غير المرادفة (32 طفرة في SHP1 و 146 طفرة في SHP2) قد تؤدي إلى تغييرات في أنماط التعديلات ما بعد الترجمة، مثل الفسفرة، التعديل الميثيلي، الارتباط باليويكوتين، والإضافة الكربونيلية، مما قد يتسبب في اضطرابات على مستوى البنية البروتينية.

الاستنتاج: تشكّل دراستنا الحاسوبية خطوة أولى مهمة نحو فهم التأثيرات المحتملة لبعض الطفرات الجينية على بنية ووظيفة البروتينين SHP1 و SHP2، كما قد تمثل أساسًا لدراسات تجريبية مستقبلية تهدف إلى التحقق من هذه النتائج وفهم دورها في تطور الأمراض ذات المنشأ المناعي بشكل أفضل.

الكلمات المفتاحية: SHP1، SHP2، تعدد أشكال النوكليوتيد المفرد (SNPs)، النمذجة الجزيئية، التعديلات بعد الترجمة، في السيليكو.

Remerciement

Avant tout, nous remercions Allah, Le Tout-Puissant, de nous avoir donné la force, la patience et la motivation nécessaires pour mener à bien ce travail.

Nous tenons à exprimer notre profonde gratitude à notre encadrante, Madame Hadjidj zeyneb , pour sa disponibilité, sa bienveillance, ses conseils précieux et son accompagnement tout au long de ce mémoire. Sa rigueur scientifique et son soutien constant ont été déterminants pour l'avancement de notre travail.

Nos remerciements les plus sincères vont également à Monsieur ARIBI Mourad, professeur à la Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie de Tlemcen et directeur du laboratoire BIOMOLIM, pour ses orientations précieuses et son accompagnement tout au long de cette recherche. Ainsi que toute l'équipe, pour la qualité des enseignements dispensés durant notre parcours universitaire.

Nos sincères remerciements vont également aux membres du jury, madame Hadj Merabet Djahida, et madame Dahou sara, pour l'honneur qu'ils nous font en acceptant d'évaluer notre mémoire, ainsi que pour leurs remarques constructives.

Un grand merci à nos camarades et collègues pour leur soutien, leur encouragement et l'ambiance agréable partagée tout au long de notre formation.

Enfin, nous dédions ce travail à nos familles respectives, particulièrement à nos parents, pour leur amour, leurs prières, leurs sacrifices et leur soutien inconditionnel. Sans eux, rien n'aurait été possible.

Liste des figures

Figure1.1. La superfamille PPT

Figure1.2. La structure du gène *PTPN6*

Figure1.3. La structure protéique de SHP1

Figure1.4. Structure cristalline de SHP1

Figure1.5. La structure du gène *PTPN11*

Figure1.6. Structure de SHP2

Figure1.7. La structure cristalline de SHP2 avec le domaine N-SH2 en jaune, le domaine C-SH2 en vert et le domaine PTP en violet

Figure1.8. Signal « Ne me mange pas»

Figure 1.9. Conséquences des déficiences en SHP1

Figure2.1. Plan de l'étude.

Figure2.2. Données de *PTPN6* obtenues via UniProt

Figure2.3. Données de *PTPN11* obtenues via UniProt

Figure2.4. Prédiction des sites de phosphorylation par GPS 6.0

Figure2.5. Prédiction des sites de phosphorylation par Netphos 3.1

Figure2.6. Prédiction des sites de phosphorylation, de méthylations et d'ubiquitinations par MusiteDeep

Figure2.7. Prédiction des sites de méthylation par GPS-MSP

Figure2.8. Prédiction des sites de méthylation par PRmePRed

Figure2.9. Prédiction des sites d'ubiquitination par GPS-UBER

Figure2.10. Prédiction des sites de carbonylation par iCarPS

Figure2.11. Prédiction des sites de S-nitrosylation des protéines par GPS-SNO 1.0

Figure2.12. Prédiction des sites de S-nitrosylation par DeepNitro

Figure2.13. Prédiction des sites de nitration des tyrosines par GPS-YNO2

Figure2.14. Modélisation des structures tridimensionnelles des protéines par Phyre2

Figure2.15. Modélisation des structures tridimensionnelles des protéines par SWISS-Model

Figure2.16. Exemple d'une réalisation sur ERRAT

Figure2.17. Évaluations de la qualité des structures des protéines par PROCHECK

Figure2.18. Alignement des structures des protéines par TM Align

Liste des tableaux

Tableau 1.1: Thérapies ciblant SHP-1

Tableau 1.2. : Thérapies ciblant SHP-2

Tableau 3.1 : Résultats de la prédiction des sites de phosphorylation de SHP1

Tableau 3.2 : Résultats de la prédiction des sites de phosphorylation de SHP2

Tableau 3.3 : Résultats de la prédiction des sites de méthylation de SHP1

Tableau 3.4 : Résultats de la prédiction des sites de méthylation de SHP2

Tableau 3.5 : Résultats de la prédiction des sites d'ubiquitination de SHP1

Tableau 3.6 : Résultats de la prédiction des sites d'ubiquitination de SHP2

Tableau 3.7 : Résultats de la prédiction des sites de carbonylation de SHP1

Tableau 3.8 : Résultats de la prédiction des sites de carbonylation de SHP2

Tableau 3.9 : Résultats de la prédiction des sites de S-nitrosylation de SHP1 et SHP2

Tableau 3.10 : Résultats de la prédiction des sites de tyrosine nitration de SHP1 et SHP2

Tableau 3.11 : Évaluation de la qualité et validation des modèles 3D de SHP1 et SHP2

Tableau 3.15 : Estimations de qualités des protéines modélisées par SWISS-MODEL

Tableau 3.16 : Visualisation et superposition des protéines modélisées par SWISS-MODEL

Liste des abréviations

- PTPN6** : Protein tyrosine phosphatase non-receptor type6
PTPN11 : Phosphatase tyrosine non-réceptrice de type 11
SHP1 : Src homology region 2 domain-containing phosphatase 1, Phosphatase contenant un domaine Src homology 2, 1.
SHP2 : Src homology region 2 domain-containing phosphatase 2, Phosphatase contenant un domaine Src homology 2, 2.
SRC : référence à une famille de protéines kinases tyrosine
SH2 : Domaine d'homologie à Src 2
MAPK : Kinase activée par les mitogènes
ERK : Kinase régulée par des signaux extracellulaires
NF- κ B : Facteur nucléaire kappa B
SNP : Polymorphisme nucléotidique simple
PTP : Protein Tyrosine Phosphatases
TCR : Récepteur des lymphocytes T
BCR : Récepteur des lymphocytes B
CSM : cellules souches mésenchymateuses
INOS : Oxyde nitrique synthase inductible
TNF : Facteur de nécrose tumorale
EGF : Facteur de croissance épidermique
VEGF : Facteur de croissance de l'endothélium vasculaire
SIRP : Protéine régulatrice du signal
ITIM : Motif inhibiteur basé sur la tyrosine des récepteurs immunitaires
ITAM : Motif activateur basé sur la tyrosine des récepteurs immunitaires
LAT : Protéine adaptatrice activée dans les lymphocytes T
PLC : Phosphatase C
SLP-76 : Protéine leucocytaire contenant un domaine SH2 de 76 kDa
JAK : Janus kinases
ABL : Leucémie murine d'Abelson
RAS : Une petite GTPase
PD-1 : Protéine de mort cellulaire programmée 1
PD-L1 : Ligand 1 de la mort cellulaire programmée
GM-CSF : Facteur de stimulation des colonies de granulocytes et de macrophages
CSF-1R : Récepteur du facteur de stimulation des colonies 1
JMML : Leucémie myélomonocytaire juvénile
ME (motheaten) : Phénotype "motheaten"
MEV (viable motheaten) : Phénotype "motheaten viable" (forme viable du phénotype motheaten)

STAT5 : Transducteur de signal et activateur de transcription 5

TLR7 : Toll like receptor 7

PDGF : Facteur de croissance dérivé des plaquettes

FAK : Kinase d'adhésion focale

CXCL8 : Ligand 8 de la chimiokine du motif C-X-C

CHC : carcinome hépatocellulaire

CCR : cancer colorectal

CSTN : cancer du sein triple négatif

ZAP-70 : Protéine zêta-associée de 70kDa

MCO : phénomène d'oxydation catalysée par les métaux

NCBI : Centre national pour l'information biotechnologique

PTP-1C : la protéine tyrosine phosphatase 1C

Table des matières

| | |
|--|-----------|
| Dédicace | 2 |
| Dédicace | 3 |
| Résumé | 4 |
| Abstract | 5 |
| ملخص | 6 |
| <i>Remerciement</i> | 7 |
| Liste des figures | 8 |
| Liste des tableaux | 10 |
| Liste des abréviations | 11 |
| Introduction : | 1 |
| 1. Chapitre 1 : Revue de littérature : | 1 |
| 1.1. Protéines tyrosine phosphatases : | 1 |
| 1.1.1. Généralités : | 1 |
| 1.1.2. Src homology phosphatase 1 (SHP1) : | 3 |
| 1.1.2.1. Généralités : | 3 |
| 1.1.2.2. La localisation du gène (<i>PTPN6</i>) : | 3 |
| 1.1.2.3. La structure protéique et caractéristique : | 3 |
| 1.1.2.4. Fonction immunologique : | 7 |
| 1.1.3. Src homology phosphatase 2 (SHP2) : | 7 |
| 1.1.3.1. Généralités : | 7 |
| 1.1.3.2. Localisation du gène <i>PTPN11</i> : | 8 |
| 1.1.3.3. La structure protéique et caractéristique : | 8 |
| 1.1.3.4. Les fonctions immunologiques : | 9 |
| 1.1.4. L'axe CD47/SIRP | 10 |
| 1.1.4.1. Généralités : | 10 |
| 1.1.5. La voie de signalisation SHP1/SHP2 : | 11 |
| 1.1.6. Implications pathologiques : | 12 |
| 1.1.6.1. Cancer : | 12 |
| 1.1.6.2. Ies maladies inflammatoires et auto-immunes : | 13 |
| 1.1.7. Therapies ciblant SHP : | 14 |
| 1.2. Polymorphisme mononucléotidique simple: | 16 |
| 1.2.1. Généralités: | 16 |

Table des matières

| | |
|---|----|
| 1.2.2. Implication des SNPs dans les pathologies cancéreuses et l'auto-immunité : | 16 |
| 1.2.3. L'analyse <i>in silico</i> des SNPs : | 17 |
| 1.5. Modifications post-traductionnelles : | 17 |
| 1.5.1. Généralités : | 17 |
| 1.5.2. Phosphorylation : | 17 |
| 1.5.3. Méthylation: | 18 |
| 1.5.4. Ubiquitination : | 18 |
| 1.5.5. Carbonylation : | 18 |
| 1.5.7. Tyrosine nitration : | 19 |
| 1.6. Problématique et objectifs : | 20 |
| 1.6.1. Problématique : | 20 |
| 1.6.2. Objectifs : | 20 |
| 1.6.3. But : | 20 |
| 2. Chapitre 2 : Matériel et méthodes | 22 |
| 2.1. Plan de l'étude | 22 |
| 2.2. Collecte de données et sélection de séquences de protéines | 24 |
| 2.2.1. Uniprot : | 24 |
| 2.3. Prédiction des sites de phosphorylation : | 25 |
| 2.3.1. GPS6.0 : | 25 |
| 2.3.2. Netphos : | 26 |
| 2.3.3. Musite Deep : | 27 |
| 2.4. Prédiction des sites de méthylation : | 27 |
| 2.4.1. GPS MSP : | 27 |
| 2.4.2. PRmePRed : | 28 |
| 2.5. Prédiction des sites d'ubiquitination : | 29 |
| 2.5.1. GPS UBER : | 29 |
| 2.6. Prédiction des sites de carbonylation : | 30 |
| 2.6.1. Icarps: | 30 |
| 2.7. Prédiction des sites de S-nitrosylation : | 31 |
| 2.7.1. GPS SNO : | 31 |
| 2.7.2. Deep nitro : | 31 |
| 2.7.3. GPS YNO2 : | 32 |
| 2.8. Modélisation moléculaire : | 33 |
| 2.8.1. Swiss model: | 33 |
| 2.8.2. ERRAT : | 34 |

Table des matières

| | |
|---|-------------------------------------|
| 2.8.4. TM align : | 35 |
| 2.8.5. Chiméra : | 35 |
| 3. Chapitre 3 : Résultats et interprétations | Error! Bookmark not defined. |
| 3.1. Résultats de Prédiction des modifications post-traductionnelles..... | Error! Bookmark not defined. |
| 3.1.1. Prédiction des sites de phosphorylation..... | Error! Bookmark not defined. |
| 3.1.2. Prédiction des sites de methylation : | Error! Bookmark not defined. |
| 1.1.3. Prédiction des Ubiquitinations : | Error! Bookmark not defined. |
| 1.1.4. Prédiction de carbonylation : | Error! Bookmark not defined. |
| 1.1.5. Prédiction de S-nitrosylation : | Error! Bookmark not defined. |
| 1.1.6. Prédiction de Tyrosine nitration : | Error! Bookmark not defined. |
| 3.2. Modélisation moléculaire : | Error! Bookmark not defined. |
| Chapitre IV : Discussion..... | 36 |
| CHAPITRE V : | 39 |
| CONCLUSION ET PERSPECTIVES | 39 |
| Chapitre VI : BIBLIOGRAPHIES | 41 |
| Chapitre VII : ANNEXES | 51 |

INTRODUCTION

Introduction :

Src homology region 2 domain-containing phosphatase 1 (SHP1) également connue sous le nom de PTP-1C (**Tidow et al.,1999**), est une tyrosine phosphatase non réceptrice codée par le gène *protein tyrosine phosphatase non-receptor type6 (PTPN6)*, qui se localise sur le chromosome humain 12p13 (**Varone et al.,2020**), et est principalement exprimé par les cellules hématopoïétiques (**Tidow et al., 1999**). Dans le système immunitaire, SHP1 joue un rôle essentiel dans la régulation du développement et du fonctionnement des mastocytes et de l'activation de nombreuses cascades de signalisation médiées par des récepteurs (**Zhou et al., 2010**), telles que les voies Mitogen activated protein kinase (MAPK)/ Extracellular signal-regulated kinase (ERK) et le facteur nucléaire kappa B (NF-kB) qui inhibent la production de cytokines inflammatoires lors d'une infection bactérienne (**Hao et al., 2020**).

Des études récentes suggèrent que SHP1 ralentit la prolifération cellulaire (**WANG et al, 2006**) et que sa déficience chez les souris provoque une inflammation spontanée et une auto-immunité (**Zhou et al., 2010**).

Src homology region 2 domain-containing phosphatase 2 (SHP2) codée par le gène *protein tyrosine phosphatase non-receptor type 11 (PTPN11)* est une tyrosine phosphatase non-récepteur qui s'exprime d'une façon ubiquitaire dans presque toutes les cellules d'organisme. SHP2 est une molécule de signalisation clé qui joue un rôle crucial dans la régulation de divers processus cellulaires, notamment la croissance cellulaire, la différenciation, le cycle mitotique et la transformation oncogénique. Elle a un impact sur plusieurs voies de signalisation au cours du processus (**Li et al.,2023**). SHP2 est associée au cancer du poumon, du foie, de l'estomac, de larynx, de la leucémie, et du sein. De nombreuses affections y sont associées, telles que le syndrome de Noonan, le syndrome de Léopard et la leucémie infantile, qui résultent de mutations du gène *PTPN11* (**Zhang et al., n.d.**).

Le polymorphisme dans l'expression des gènes constitue la base génétique de la variation humaine (**al., 2012**). En particulier, le polymorphisme mononucléotidique simple (SNP) représente la forme la plus élémentaire de variations d'ADN, se manifestant par des variations dans une population donnée, telles que les réponses divergentes des individus à un même médicament. Un SNP peut modifier les acides aminés codés, influençant ainsi la susceptibilité à la maladie (non synonyme), et potentiellement avoir un impact sur la régulation de l'expression génétique sans modifier directement la séquence protéique (**Shastry, 2009**).

Dans la recherche clinique et le développement de nouveaux médicaments, SNP est une cible importante pour les chercheurs afin de pouvoir différencier les SNP fonctionnellement neutres et les SNP non synonymes significatifs qui ont un impact sur la structure et la fonction des protéines, afin qu'ils puissent donner la priorité aux premiers pour des études plus approfondies visant à identifier de nouvelles cibles thérapeutiques (**Mah et al., 2011**).

À l'aide d'approches *in silico*, nous analyserons l'impact des SNP sur la structure et la fonction des protéines SHP1 et SHP2 afin de déterminer leur association avec des maladies immunitaires telles que le cancer et les maladies auto-immunes. Notre étude cherchera également à identifier des approches thérapeutiques pour la détection et le traitement de ces maladies.

Variations d'ADN, se manifestant par des variations dans une population donnée, telles que les réponses divergentes des individus à un même médicament. Un SNP peut modifier les acides aminés codés, influençant ainsi la susceptibilité à la maladie (non synonyme), et potentiellement avoir un impact sur la régulation de l'expression génétique sans modifier directement la séquence protéique (**Shastry, 2009**).

Dans la recherche clinique et le développement de nouveaux médicaments, SNP est une cible importante pour les chercheurs afin de pouvoir différencier les SNP fonctionnellement neutres et les SNP non synonymes significatifs qui ont un impact sur la structure et la fonction des protéines, afin qu'ils puissent donner la priorité aux premiers pour des études plus approfondies visant à identifier de nouvelles cibles thérapeutiques (**Mah et al., 2011**).

À l'aide d'approches *in silico*, nous analyserons l'impact des SNP sur la structure et la fonction des protéines SHP1 et SHP2 afin de déterminer leur association avec des maladies immunitaires telles que le cancer et les maladies auto-immunes. Notre étude cherchera également à identifier des approches thérapeutiques pour la détection et le traitement de ces maladies.

CHAPITRE I :
REVUE DE
LA LITTÉRATURE

1. Chapitre 1 : Revue de littérature :

1.1. Protéines tyrosine phosphatases :

1.1.1. Généralités :

Les protéines tyrosine phosphatases (PTP) constituent une grande famille d'enzymes qui peuvent exercer des effets à la fois positifs et négatifs sur les voies de signalisation cellulaire. Elles jouent un rôle prépondérant dans la régulation des niveaux de phosphorylation intracellulaire en aval de nombreux récepteurs, notamment les récepteurs tyrosine kinases et les récepteurs couplés aux protéines G (Hardy et al., 2012) ; les PTP sont également impliquées dans la régulation de la prolifération et de la différenciation cellulaires chez les animaux, le développement, la régulation des voies Mitogen activated protein kinase (MAPK) et hormonales (Bheri et al., 2021).

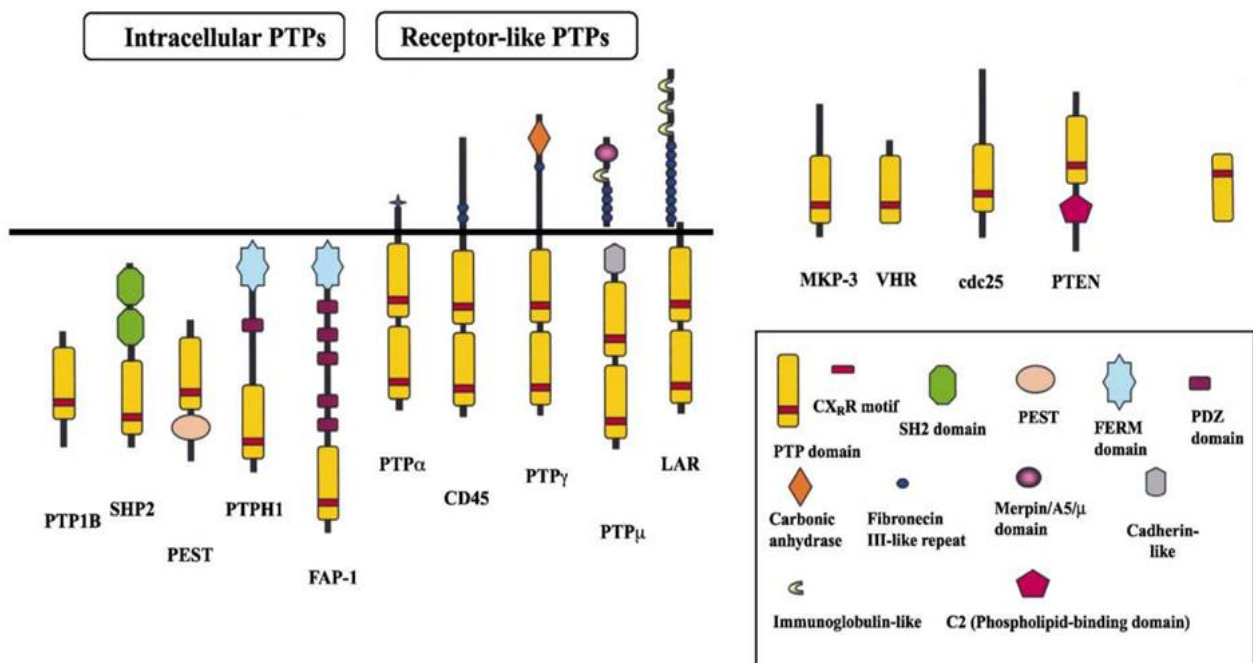


Figure 1.1. Représente différents types de protéines tyrosine phosphatases (PTPs) classées en deux grandes familles :

- Intracellular PTPs (intracellulaires)
- Receptor-like PTPs (de type récepteur)

ainsi que quelques autres PTPs comme MKP-3, VHR, cdc25 et PTEN (Zhang et al., 2002).

En fait, le dysfonctionnement d'activité des PTP entraîne une progression de nombreuses maladies telles que le cancer, les troubles auto-immuns et métaboliques, les maladies infectieuses et neurodégénératives. Ensuite, un examen plus approfondi des PTP est essentiel à la création et au Développement d'interventions thérapeutiques plus efficaces (**Frankson et al., 2017**).

1.1.2. Src homology phosphatase 1 (SHP1) :

1.1.2.1. Généralités :

SHP1 est une tyrosine phosphatase non réceptrice (Liu et al., 2022), qui est fortement exprimée dans le cytoplasme des cellules hématopoïétiques et dans le noyau des cellules non hématopoïétiques, y compris les cellules épithéliales (Simoneau, 2009).

1.1.2.2. La localisation du gène (*PTPN6*) :

Le gène *PTPN6* se localise dans le chromosome humain 12p13.31 (Figure 1.2. NCBI gène viewer). Il se compose de 17 exons couvrant 17 kb d'ADN (Banville et al., 1995) avec deux promoteurs situés dans les exons 1 et 2 qui sont principalement actifs dans les cellules épithéliales et hématopoïétiques (Lim et al., 2023).

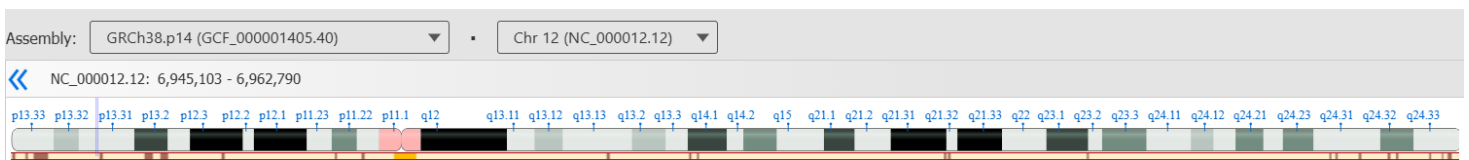


Figure 1.2. La structure du gène *PTPN6* (NCBI gène viewer)

1.1.2.3. La structure protéique et caractéristique :

SHP1 contient 595 acides aminés avec un poids moléculaire de 68 kDa, il se compose de deux domaines Src homology region 2 (SH2) (Abram et Lowell, 2017), situés à l'extrémité N-terminale de la molécule, suivis d'un domaine catalytique et d'une queue C-terminale contenant plusieurs sites de phosphorylation (Figure 1.3). Les domaines SH2 se lient à des tyrosines phosphorylées spécifiques qui sont importantes pour la localisation et la régulation de l'activité du SHP1 (López-Ruiz et al., 2011).



Figure 1.3. La structure protéique de SHP1 (Hao et al., 2021)

SHP1 est caractérisé par un mécanisme d'auto-inhibition ; par le quel son domaine N-SH2 bloque le domaine catalytique qui maintient l'enzyme dans une conformation inactive (Yang et al., 2003).

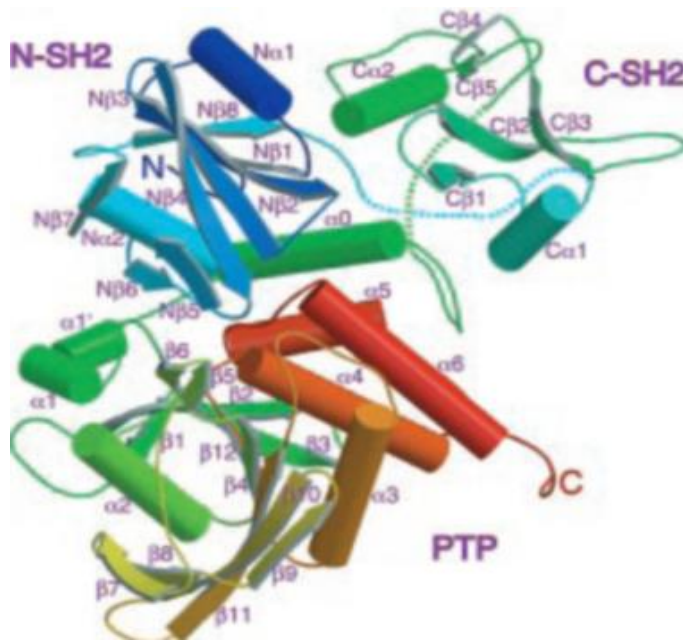


Figure1.4 : Structure cristalline de SHP1 (Yang et al., 2003).

1.1.2.4. Fonction immunologique :

La protéine SHP1 joue un rôle clé dans la régulation négative de plusieurs voies de signalisation immunitaire. Elle inhibe notamment la signalisation du récepteur des cellules T (TCR), ce qui impacte le développement et la fonction de ces cellules (**Papatriantafyllou, 2013**). Dans les cellules B, l'axe lyn-CD22-SHP1 module de façon cruciale leur sensibilité à l'antigène au cours de la maturation, tout en jouant un rôle secondaire dans la régulation de la signalisation du récepteur des cellules B immatures (BCR) (**Gross et al., 2009**). Par ailleurs, SHP1 est depuis longtemps impliquée dans le développement, la signalisation et le fonctionnement des mastocytes (**Zhu et al., 2010**). Elle intervient également dans la transmission du signal anti-phagocytaire « Don't eat me », exprimé par les cellules dendritiques et les macrophages (**Myers et al., 2020**). De plus, elle participe à la régulation de l'activité immunosuppressive des cellules souches mésenchymateuses (CSM) en contrôlant l'expression de l'inducible Nitric Oxide Synthase (iNOS) (**Abram et Lowell, 2017**). Dans les cellules endothéliales, l'activation de SHP1 par le facteur de nécrose tumorale (TNF) inhibe la prolifération induite par des facteurs de croissance tels que le VEGF et l'EGF (**López-Ruiz et al., 2011**). Enfin, SHP1 favorise la croissance des cellules souches, ce qui peut conduire au développement d'un phénotype myéloprolifératif (**Abram et Lowell, 2017**).

1.1.3. Src homology phosphatase 2 (SHP2) :

1.1.3.1. Généralités :

SHP2 est une tyrosine phosphatase non réceptrice ubiquitaire (**Lin et al., 2021**), qui s'exprime dans le cytosol de la plupart des tissus embryonnaires et adultes, elle joue un rôle crucial dans la prolifération, la différenciation, la survie et la mort cellulaire (**Xu et al., 2019**).

1.1.3.2. Localisation du gène *PTPN11* :

Le gène *PTPN11* code pour la phosphatase SHP-2, qui est localisé sur le chromosome 12 humain (12q24.1) (Xu et al., 2019). Il se compose de 17 exons selon le NCBI gene viewer (Figure 1.5).

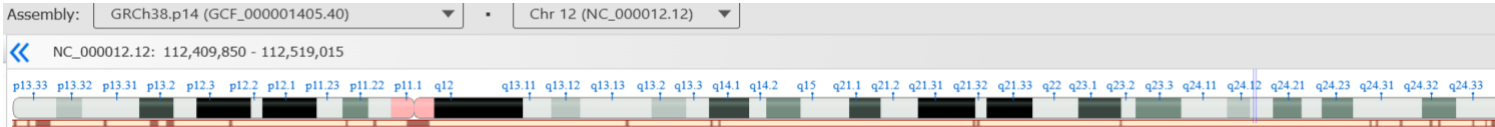


Figure 1.5. La structure du gène *PTPN11* (NCBI gene viewer).

1.1.3.3. La structure protéique et caractéristique :

SHP2 (593 acides aminés) est une protéine de 68 kDa (Salmond et Alexander, 2006a), constituée de deux domaines SH2 en tandem N-SH2 et C-SH2, suivis d'un domaine PTP catalytique et d'une queue C-terminale qui comprend au moins deux sites de phosphorylation (Y542C, Y588) (Figure 1.6) et d'un motif riche en proline (LaRoche et al., 2016).



Figure 1.6. Structure de SHP2 (Hao et al., 2021).

La structure cristalline montre que la SHP2 possède un mécanisme d'auto-inhibition de l'activité catalytique par le domaine SH2 N-terminal (Feng, 1999). Selon lequel, dans l'état inactif, la boucle arrière du domaine N-SH2 se replie dans la poche catalytique de la PTP, rendant ainsi SHP2 inactif tant sur le plan physique que biochimique (Figure 1.7). Lorsqu'un peptide phosphotyrosyl (pY) se lie au domaine SH2, cela provoque un changement de conformation, dépliant la structure et permettant aux substrats d'accéder au site catalytique de l'enzyme. L'interaction de SHP2 avec des pY, telles que le récepteur à tyrosine kinases (RTK), les récepteurs de cytokines et les adaptateurs de scaffolding, régule les événements de signalisation en aval qui influencent la prolifération, la différenciation, la migration, la progression du cycle cellulaire et l'apoptose.

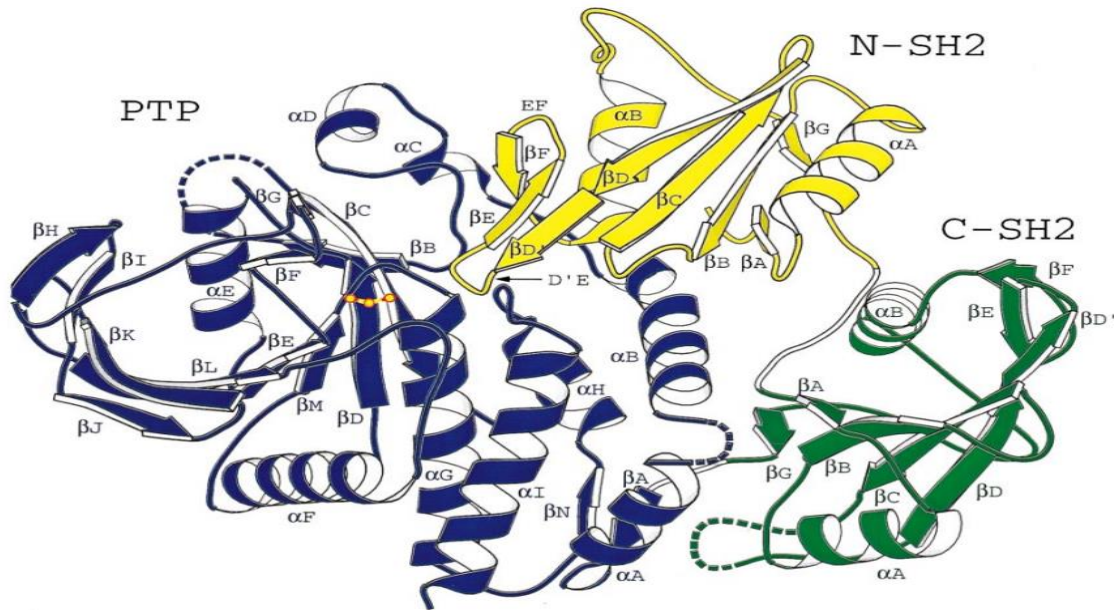


Figure 1.7. La structure cristalline de SHP2 avec le domaine N-SH2 en jaune, le domaine C-SH2 en vert et le domaine PTP en violet (Feng, 1999).

1.1.3.4. Les fonctions immunologiques :

SHP2 joue un rôle essentiel dans divers processus cellulaires et physiopathologiques. Elle intervient dans la croissance et la maturation des chondrocytes, où son absence entraîne une surexpression des marqueurs des chondrocytes hypertrophiques précoces et une réduction de ceux associés aux stades avancés de l'hypertrophie, comme observé dans les cultures de pellets de chondrocytes déficients en SHP2. Par ailleurs, SHP2 exerce une régulation négative de l'ostéoclastogenèse, contribuant ainsi à limiter la résorption osseuse. Elle agit en réduisant la sécrétion de cytokines pro-inflammatoires telles que l'interleukine 1 bêta (IL-1 β), et l'interleukine 6 (IL-6) et TNF- α par les macrophages, ce qui restreint la formation excessive d'ostéoclastes. En parallèle, elle favorise la sécrétion de cytokines anti-inflammatoires, notamment IL-4 et IL-10, qui stimulent l'ostéogenèse et inhibent la résorption (Zhang et al., 2023).

SHP2 participe également à la prolifération des cellules pré-B, renforçant ainsi son implication dans l'hématopoïèse (Zhang et al., 2023). De plus, elle module la réponse immunitaire adaptative en réprimant les processus d'activation et de prolifération des lymphocytes T via une régulation fine de la signalisation du récepteur des cellules T (TCR) (Salmond et Alexander, 2006a).

1.1.4. L'axe CD47/SIRP

1.1.4.1. Généralités :

Le cluster de différenciation 47 (CD47) est une protéine transmembranaire largement exprimée (**Matozaki et al., 2009**) de la superfamille des immunoglobulines (Ig) et qui se lie à Protéine régulatrice du signal alpha et gamma (SIRP α/γ) et inhibe la phagocytose en libérant un signal « Don't eat me » transmis via les phosphatases SHP1 et SHP2 (**Koskinen et al., 2013**).

SIRP α et γ appartiennent à la famille des protéines transmembranaires exprimées principalement dans les cellules myéloïdes. SIRP α est un régulateur négatif de la fonction phagocytaire (**Choi et al., 2021**) qui phosphoryle la tyrosine associée à immunoreceptor Tyrosine-based Activation Motif (ITIM) et recrute les phosphatases SHP1 et SHP2 grâce à son interaction avec CD47, ce qui diminue l'expression des gènes nécessaires à l'activation des phagocytes (**de Almeida et al., 2012**).

SIRP γ est exprimée sur les cellules T, les cellules Tueuses naturelles (NK) activées et une petite population de cellules B CD19+. Sa liaison avec le CD47 a été impliquée dans l'adhésion cellulaire, la prolifération en réponse à la stimulation par les super antigènes, l'apoptose, et la migration transendothéliale des cellules T (**Smith et al., 2021**).

1.1.5. La voie de signalisation SHP1/SHP2 :

D'une part, Lors de la liaison CD47/SIRP, SHP1 et SHP2 ont été recrutées et activées par la liaison de leur domaine SH-2 avec les résidus phosphotyrosine du motif inhibiteur à base de tyrosine (ITIM) du récepteur immunitaire SIRP α (Wang et al., 2011a) ce qui entraîne la déphosphorylation de la molécule en aval-motif activateur à base de tyrosine (ITAM) et l'accumulation de dommages à la myosine IIA dans la synapse phagocytaire (Figure1.8), libérant ainsi le signal « Don't eat me » qui inhibe la phagocytose (Liao et Niu, 2022).

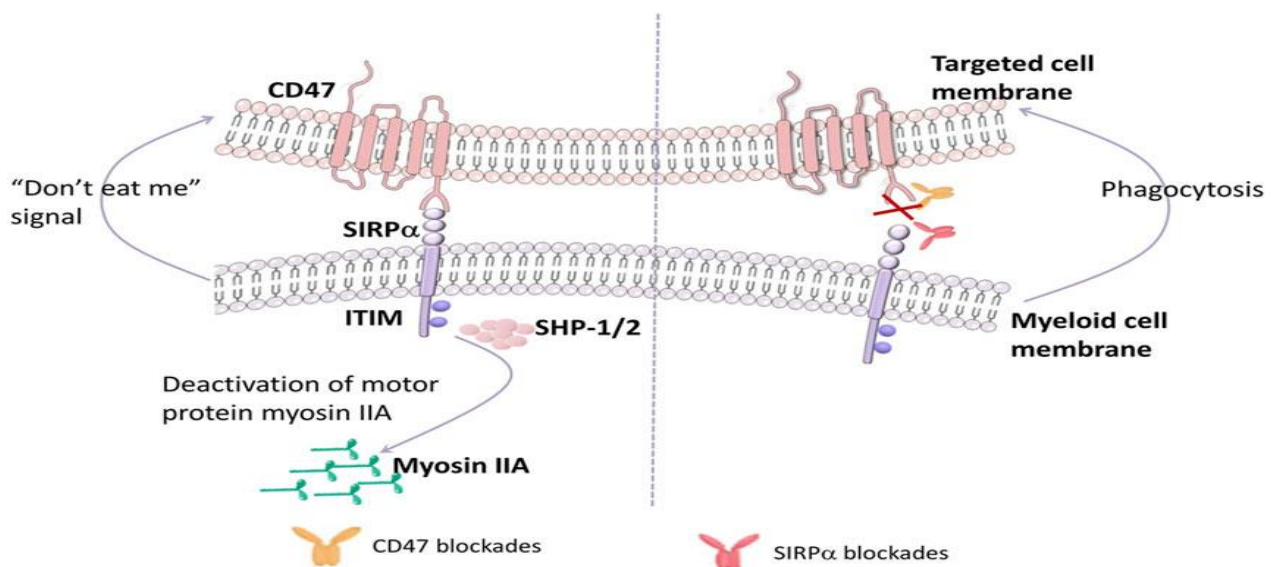


Figure1.8. Signal "Don't eat me" (Liao and Niu, 2022).

D'autre part, SHP1/SHP2 joue un rôle crucial dans la voie de signalisation des lymphocytes T et B. SHP-1 régule négativement SH2 domain-containing leukocyte protein of 76 kDa (SLP-76), Linker Activated T cells (LAT) et les MAPK. Cependant, il peut avoir un effet positif sur l'interaction entre SLP-76 et Phosphatase C gamma (PLC- γ), améliorant ainsi la mobilisation du calcium et la dégranulation (Zhu et al., 2010). De plus, SHP2 est essentiel pour l'activation de la voie Ras/ERK par la plupart, sinon toutes, les RTK, ainsi que par les récepteurs de

cytokines et les intégrines. Bien qu'il y ait un consensus général sur le fait que SHP2 activé agit en amont et/ou en parallèle à Ras, les cibles précises que ce dernier favorise au niveau de l'activation de Ras/ERK demeurent sujettes à débat. Des travaux récents montrent que SHP2 est impliqué dans l'activation des SFK induite par les RTK, ces SFK étant nécessaires pour un maintien de l'activation de Ras. D'autres cibles incluent l'inactivation de RasGap et les inhibiteurs Sprouty. En plus de cette fonction de signalisation positive, SHP2 régule négativement la voie PI3K/AKT dans le signalement de l'EGFR, mais est nécessaire pour le signalement AKT induit par le PDGF et l'IGF. D'autres effets de SHP2 sur JAK/STAT, NFκB, NFAT et RhoGAP ont également été suggérés.

1.1.6. Implications pathologiques :

1.1.6.1. Cancer :

- **SHP1 :**

Des mutations du gène *PTPN6* ont été identifiées dans divers types de cancer, avec une incidence globale de 2,7 %, notamment dans le carcinome utérin (7,01 %), le carcinome germinale testiculaire (6,04 %), le cancer de l'ovaire (5,82 %) et le mélanome (5,18 %) (**Lim et al., 2023**).

La méthylation aberrante du promoteur de SHP-1 et sa diminution d'expression dérèglent la signalisation BCR-ABL, ce qui conduit à un lymphome myéloïde. De plus, dans le lymphome à cellules T, la méthylation du promoteur entraîne une signalisation IL-2R persistante et l'activation de JAK3. D'autre part, les cancers de l'ovaire et du sein sont associés à une expression élevée de SHP-1 (**Sharma et al., 2016**).

- **SHP2 :**

L'expression anormale de SHP2 ou son activation constante due à des mutations favorise la prolifération et la survie des cellules cancéreuses par le biais de la voie de signalisation RAS/MAPK. De plus, SHP2 joue un rôle crucial dans la régulation des cellules immunitaires infiltrant la tumeur, agissant comme un effecteur en aval dans les voies PD-1/PD-L1, TCR et CD28, ainsi que dans les voies du facteur de stimulation des colonies de granulocytes et de macrophages (GM-CSF) et du récepteur du facteur de stimulation des colonies 1 (CSF-1R) dans les lymphocytes T et les macrophages (**Pan et al., 2022**).

Conformément à son potentiel oncogène, les mutations germinales et somatiques à gain de fonction dans SHP2 ont été associées à la leucémie myélomonocytaire juvénile (JMML), une maladie myéloproliférative touchant les jeunes enfants (**Xu et al., 2010**), ainsi qu'à 7 % des leucémies lymphoblastiques aiguës à précurseurs B et à 5 % des leucémies myéloïdes aiguës. Des mutations du gène SHP2 ont également été détectées dans le myélome multiple et dans des tumeurs solides des poumons, de la peau, du système nerveux et du côlon (**LaRoche et al., 2016**).

1.1.6.2. Les maladies inflammatoires et auto-immunes :

- **SHP1 :**

Les souris présentant des mutations du gène SHP-1, en particulier les souris motheaten (me) et viable motheaten (mev) (**Figure 1.9**), souffrent d'une immunodéficience sévère et sont sujettes aux maladies auto-immunes (**Wang et al., 2011a**). De plus, les souris Motheaten présentent plusieurs anomalies lymphoïdes, caractérisées par une hypergammaglobulinémie, la présence d'auto-anticorps circulants et le dépôt de complexes immuns dans le thymus, les poumons et les reins. Bien que le nombre total de cellules B spléniques reste dans la fourchette normale, observe une augmentation notable du pourcentage de cellules B-1a spléniques. Cette observation indique que la déficience en SHP1 entraîne l'expansion des cellules B-1a, au détriment des cellules B-2 (**Pao et al., 2007**).

La suppression du gène *PTPN6* dans les neutrophiles a entraîné une inflammation cutanée, mais pas d'auto-immunité (**Abram et al., 2013**).

La diminution de l'activité de SHP1 entraîne l'activation continue du Transducteur de signal et activateur de transcription 5 (STAT5), qui à son tour favorise la croissance des cellules souches hématopoïétiques. Ce changement contribue finalement au développement d'un phénotype myélodysplasique/ myéloprolifératif (**Abram et Lowell, 2017**).

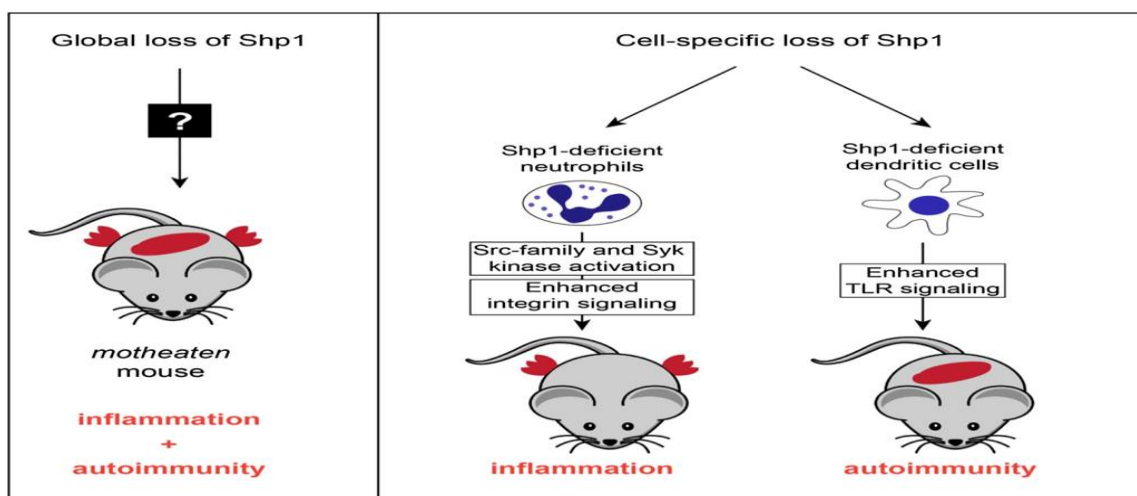


Figure 1.9. Conséquences des déficiences en SHP1 (Abram et al., 2013).

- **SHP2 :**

SHP2 mutée favorise l'inflammation du psoriasis médiée par l'axe TLR7/Endosome/NF- κ B. Elle favorise également directement la polarisation des macrophages vers le phénotype pro-inflammatoire M2 (**Pan et al., 2022**). Par ailleurs, SHP2 renforce l'agressivité des synoviocytes de type fibroblastes (FLS) dans la polyarthrite rhumatoïde (PR), en augmentant leur survie,

leur invasivité et leur sensibilité au facteur de croissance dérivé des plaquettes (PDGF) ainsi qu’au TNF, par l’activation de la kinase d’adhésion focale (FAK). Ces observations, associées aux études liant les loci de risque de la PR au locus PTPN11, soulignent l’implication significative de SHP2 dans la pathogenèse de cette maladie (**Maeshima et al., 2016**). Enfin, SHP2 contribue à la promotion de l’inflammation en augmentant la production de CXCL8, anciennement appelée IL-8 (**Liu et al., 2021**).

1.1.7. Thérapies ciblant SHP :

- **SHP1 :**

Ce tableau rassemble plusieurs inhibiteurs de kinases qui agissent en activant la phosphatase SHP-1, ce qui entraîne des effets anticancéreux par modulation de la voie de signalisation STAT3, souvent impliquée dans la survie et la prolifération des cellules tumorales(**Tableau1.1**).

Tableau1.1.Thérapies ciblant SHP-1

| Anticorps | Fonction |
|--------------------|--|
| Nintedanib | Inhibiteur de kinase qui a démontré sa capacité à activer directement SHP-1 et à induire l'apoptose dans les cellules cancéreuses du sein triple négatif. (Markovics1* et al., 2021). |
| Sorafenib | Inhibiteur multi kinase qui renforce l'activité enzymatique de SHP-1 par une interaction directe entre les domaines N-SH2 et PTP dans les cellules du carcinome hépatocellulaire (CHC), ce qui entraîne une régulation à la baisse de l'activité STAT3. (Lim et al., 2023). |
| Régorafénib | Inhibiteur de protéine kinase à cibles multiples très similaire au sorafénib. Il stimule l'activité de la SHP-1 dans le carcinome hépatocellulaire (CHC) et le cancer colorectal (CCR), favorisant ainsi l'apoptose par l'inhibition de la signalisation STAT3. (Lim et al., 2023). |
| SC-78 | Un dérivé du régorafénib qui empêche efficacement la croissance tumorale et les métastases dans le cancer du sein triple négatif (CSTN) en perturbant les voies de signalisation paracrine et autocrine du VEGF-A via l'axe SHP-1/STAT3. (Lim et al., 2023). |

- **SHP2 :**

Ce tableau présente une sélection de molécules impliquées dans la régulation de l'activité de la phosphatase SHP2 et décrit leurs fonctions respectives dans divers contextes biologiques et pathologiques. Chaque molécule agit par un mécanisme spécifique (**Tableau1.2**).

Tableau 1.2. Thérapies ciblant SHP-2

| Molécules | Fonction |
|--|--|
| CD31 | Régulateur d'activation des lymphocytes T par le recrutement et l'activation de SHP2 à la surface des lymphocytes T. Par la suite, la SHP2 activée déphosphoryle la protéine ZAP70, ce qui atténue davantage l'activation des lymphocytes T (Pan et al., 2022). |
| L'ARN circulaire hsa_circ_0060450 | Molécule qui régule à la hausse la SHP2 qui supprime la voie de signalisation JAK-STAT activée par l'IFN-I), inhibant ainsi l'inflammation médiée par les macrophages dans le diabète de type 1 (T1DM) (Pan et al., 2022). |
| Curcumine | Agoniste de SHP2 qui a le potentiel de réduire l'inflammation en activant la SHP2, qui interfère ensuite avec la voie de signalisation JAK-STAT (Liu et al., 2021). |
| SHP099 | inhibiteur allostérique de la SHP2 qui pourrait soulager la progression du psoriasis. (Pan et al., 2022). |

1.2. Polymorphisme mononucleotidique simple:

1.2.1. Généralités:

Le génome humain partage environ 99,9 % de séquences d'ADN identiques à l'échelle mondiale, seuls 0,1 % représentant des variations individuelles. Ces variations résultent de mutations aléatoires. Le type de mutation le plus répandu est connu sous le nom de polymorphisme nucléotidique simple (SNP), qui implique la substitution d'une seule base dans les allèles. Les SNP sont dispersés dans tout le génome à une fréquence d'environ un pour 1 000 paires de bases, les plus importants étant situés dans les régions codantes. À ce jour, environ 500 000 SNP ont été identifiés dans ces régions (**Shastry, B.S., 2009**). Parmi ceux-ci, deux catégories principales de SNP ont été observées, à savoir :

- **SNPs synonymes:**

Le remplacement d'un codon par un autre peut générer un acide aminé identique ou similaire (**Korzeniewski et al., 2013**). Cela fait référence à la situation où des mutations dans les séquences d'ADN se produisent sans modifier ni altérer la séquence d'acides aminés (**Hossain et al., 2020**).

- **SNPs non-synonymes :**

Ce variant faux-sens entraîne une modification de la séquence d'acides aminés de la protéine résultante, causée par la substitution d'un codon par un autre qui code pour un acide aminé différent (**Dabhi et Mistry, 2014**).

1.2.2. Implication des SNPs dans les pathologies cancéreuses et l'auto-immunité :

Les recherches portant sur SNP apportent des données précieuses sur la compréhension des maladies complexes, en facilitant l'identification des groupes de patients à risque et en contribuant à la mise en place de stratégies thérapeutiques ciblées (**Courivaud et al., 2012**). Ils représentent également des marqueurs génétiques pertinents pour explorer les variations interindividuelles dans la réponse aux traitements médicamenteux, ainsi que pour l'étude de maladies courantes telles que le diabète, la goutte, les troubles métaboliques, les tumeurs solides et la leucémie infantile (**Matsuda, 2017**). Les SNPs, en tant que variations génétiques parmi les plus fréquentes, constituent des biomarqueurs prometteurs dans le contexte des maladies humaines. Certaines de ces variations, notamment les nsSNP (**non-synonymous SNPs**), peuvent altérer les résidus d'acides aminés, compromettant ainsi la structure et la fonction des protéines codées (**Kamal et al., 2024**), ce qui peut conduire à l'apparition de diverses pathologies, y compris des troubles inflammatoires et auto-immuns (**Hossain et al., 2020**).

1.2.3. L'analyse *in silico* des SNPs :

Le terme *in silico* fait référence aux avancées scientifiques obtenues par le biais de simulations informatiques, remplaçant partiellement ou totalement les expériences biologiques traditionnelles. Avec les récents progrès des technologies numériques et l'augmentation des capacités de calcul, le champ d'application de ces approches s'est considérablement étendu (**Beyleveld et al., 2013**). Cependant, les méthodes *in silico* s'appuient sur des données existantes, qui peuvent parfois être incomplètes ou biaisées. De ce fait, elles n'arrivent pas toujours à refléter fidèlement la complexité des systèmes biologiques réels. Ainsi, bien que leurs prédictions soient utiles, elles peuvent manquer de précision par rapport aux résultats obtenus par des expériences directes en laboratoire. Une validation expérimentale demeure donc indispensable pour garantir la fiabilité des résultats (**Mahmood Janlou, 2025**). Les SNPs peuvent influencer le fonctionnement des protéines et les phénotypes, modifiant ainsi les profils pharmacogénomiques des médicaments. Le nombre croissant de SNPs rend impraticable la réalisation d'expériences en laboratoire humide pour évaluer l'importance biologique de chacun. Toutefois, des outils de bio-informatique peuvent être utilisés pour identifier les SNPs potentiellement délétères susceptibles d'affecter des cibles thérapeutiques importantes, avant une validation expérimentale plus approfondie. Étant donné la multiplicité des outils de bio-informatique accessibles en ligne, le choix de l'outil le plus adapté nécessite un investissement conséquent en temps et en effort. Dans cette optique, nous nous intéressons aux outils bio-informatiques les plus avancés afin d'aider les chercheurs à analyser et sélectionner les SNPs les plus pertinents pour la découverte de médicaments dans les délais les plus courts (**Mah et al., 2011**). De nombreuses bases de données sont utilisées pour le stockage des SNPs, à l'instar de la base de données dbSNP du NCBI, qui répertorie un grand nombre de SNPs identifiés dans le génome humain ainsi que dans d'autres organismes (**Bahereldeen et al., 2020**).

1.5. Modifications post-traductionnelles :

1.5.1. Généralités :

Les modifications post-traductionnelles (PTM) des protéines impliquent des changements covalents qui se produisent soit pendant les modifications co-traductionnelles, soit après la traduction. Dans les cellules eucaryotes, des PTM ont été identifiées sur les chaînes latérales de 15 des 20 acides aminés standard, ainsi que sur le squelette protéique (**Leutert et al., 2021**).

1.5.2. Phosphorylation :

La phosphorylation des protéines est la forme la plus courante de modification post-traductionnelle, où un groupe phosphate inorganique est transféré aux chaînes latérales de divers acides aminés. Cela inclut le groupe hydroxyle de la sérine (S), la thréonine (T) et la

tyrosine (Y) (5) influençant de manière significative presque tous les processus cellulaires fondamentaux(6).

1.5.3. Methylation:

Il s'agit d'un type important de régulation épigénétique, qui repose sur le transfert du groupe méthyle actif vers les substances chimiques cibles, catalysé par des méthyltransférases, sans modifier la composition de la séquence. La méthylation peut se produire au niveau des protéines, et joue un rôle important dans la régulation du destin cellulaire (**Dai et al., 2021**).

1.5.4. Ubiquitination :

Ce processus repose sur la fixation d'une ubiquitine à une protéine cible. L'ubiquitine est une protéine composée de 76 acides aminés qui existe sous forme libre ou qui peut être conjuguée à une protéine sous forme d'ubiquitine simple ou d'ubiquitine multiple (**Guo et al., 2025**).

1.5.5. Carbonylation :

Introduit un groupe carbonyle réactif dans une protéine, qui peut prendre la forme d'aldéhydes, de cétones ou de lactames. Le phénomène d'oxydation catalysée par les métaux (MCO) a été décrit pour la première fois comme une source de carbonyles liés aux protéines. La MCO se produit par le biais de la réaction de Fenton, dans laquelle les ions de métaux de transition sont réduits en présence de peroxyde d'hydrogène, produisant des radicaux hydroxyles hautement réactifs. Ces radicaux hydroxyles peuvent oxyder les chaînes latérales des acides aminés ou cliver le squelette protéique, entraînant diverses modifications, notamment la formation de carbonyles réactifs. (**Fedorova et al., 2014**).

1.5.6. S-nitrosylation:

La S-nitrosylation est la liaison covalente d'un groupe monoxyde d'azote à la chaîne latérale thiol de la cystéine. Cette processus joue un rôle important dans la médiation des effets étendus de l'oxyde nitrique (NO) sur la transduction du signal cellulaire et offre un moyen de régulation physiologique basé sur le redox. (**Hess et al., 2005**).

1.5.7. Tyrosine nitration :

La nitrotyrosination des protéines est un type de modification post-traductionnelle (MPT) qui provient généralement d'un cheminement *in vivo* impliquant l'anion peroxydinitrate (ONOO⁻) extrêmement réactif. La production excessive de monoxyde d'azote (NO) et de superoxyde (O₂⁻) par l'anion peroxydinitrate a été associée au vieillissement et à diverses affections telles que l'inflammation, l'hypoxie et les troubles neurodégénératifs. Ces modifications, qui se produisent soit dans les sites catalytiques des protéines, soit dans les régions d'interaction entre protéines, diminuent souvent l'intensité électronique, affectent négativement les interactions entre protéines et modifient les différentes fonctions des protéines (**Hasan et al., 2018**).

1.6. Prédiction *in silico* des modifications post traductionnelles :

Il est possible d'intégrer les modifications post-traductionnelles dans les simulations informatiques, car celles-ci influencent considérablement la structure et la fonction des protéines. En effet, la problématique structurelle couramment abordée par la modélisation consiste à prédire le type d'effet induit par une modification post-traductionnelle, qu'il s'agisse d'un ajustement local affectant principalement les chaînes latérales voisines, ou d'une réorganisation globale impliquant fortement l'ossature de la protéine. Chaque modification post-traductionnelle génère des surfaces présentant des caractéristiques stériques et électrostatiques spécifiques, dont la reconnaissance par des effecteurs peut déclencher des interactions complexes et des événements en cascade (**Gianazza et al., 2016**).

1.6. Problématique et objectifs :

1.6.1. Problématique :

Les protéines tyrosine phosphatases SHP1 et SHP2 jouent un rôle essentiel dans la régulation des voies de signalisation impliquées dans les réponses immunitaires, la croissance cellulaire, la différenciation et la tumorigenèse. Des altérations génétiques, notamment les polymorphismes nucléotidiques simples, pouvant perturber la structure et/ou la fonction de ces protéines, conduisant potentiellement à des dysfonctionnements cellulaires et au développement de maladies auto-immunes, inflammatoires ou cancéreuses. Cependant, la majorité de ces SNPs restent mal caractérisés, notamment en ce qui concerne leur impact sur les modifications post-traductionnelles et la conformation tridimensionnelle des protéines. Dès lors, comment les SNPs affectant SHP1 et SHP2 peuvent-ils influencer leur structure, leurs modifications post-traductionnelles, et par conséquent leur fonction biologique dans le contexte des maladies immunitaires et oncologiques ?

1.6.2. Objectifs :

L'objectif principal de ce mémoire est d'évaluer, à l'aide d'approches bio-informatiques, l'impact structurel et fonctionnel de certains SNPs identifiés dans les gènes codant pour les phosphatases SHP1 et SHP2, en mettant l'accent sur leur influence potentielle sur les modifications post-traductionnelles (phosphorylation, méthylation, ubiquitination, S-nitrosylation, Thyrosine nitration) et la structure tridimensionnelle des protéines.

Identifier les nsSNPs présents dans les gènes *PTPN6* (SHP1) et *PTPN11* (SHP2) à partir de bases de données publiques.

Modéliser les structures tridimensionnelles des formes sauvages et mutées de SHP1 et SHP2 en utilisant SWISS-Model et évaluer leur qualité par ERRAT, PROCHECK et TM-align.

Interpréter les conséquences fonctionnelles potentielles de ces mutations sur les activités biologiques de SHP1 et SHP2, en lien avec des pathologies telles que les maladies auto-immunes, inflammatoires et cancéreuses.

1.6.3. But :

Montré que les SNPs susceptibles d'avoir un impact sur la structure et/ou la fonction des protéines SHP1 et SHP2.

CHAPITRE II :

MATERIELS ET METHODES

2. Chapitre 2 : Matériel et méthodes

2.1. Plan de l'étude

Ces travaux de mémoire de fin d'études, réalisé en 2025 par **Ameur Malika** et **Ammar Khawla**, s'inscrit dans la continuité des travaux antérieurs menés par les étudiantes **Bouzuina Saida** et **Dahmani Rawnak**, dans un mémoire intitulé « *Analyse in silico des SNPs à conséquences fonctionnelles sur le CD172a, SHP1 et SHP2* », sous l'encadrement de **Mme Hadjij Zyneb**, au sein du **Laboratoire de Biologie Moléculaire Appliquée et Immunologie**, dirigé par le **Professeur Aribi Mourad**.

Au cours de cette étude, **36 variations** dans le gène ***PTPN6 (SHP1)***, telles que : (E15K, E15G, L28P, R30Q, I54N, A70E, G91D, P99A, P99L, D104N, R286Q, V287M, D300N, N303S, N305S, A323T, Q325H, Q341P, E342G, R358W, K360R, R393H, R407Q, D419N, V422A, P423L, P448A, S454N, S454R, A455T, G456S, G456D, G458S, R459P, D467N, R495C).

Par ailleurs, **176 variations** ont également été identifiées dans le gène ***PTPN11 (SHP2)***, parmi lesquelles : (W6C, G13S, A16T, A16G, R32M, G39R, S44C, V51A, H53N, H53Y, H53D, H53Q, I54F, I54N, I54M, K55E, I56F, I56N, I56T, G60R, G60S, G60C, G60V, G60A, D61A, D61V, D61G, D64V, D64G, L65Q, L65P, Y66H, G67E, G67A, G67V, G68R, G68W, G68E, G68A, E69K, E69G, F71I, F71L, F71V, F71Y, F71C, A72T, A72D, A72G, T73P, L74F, E76G, L77F, Y81N, Y81D, G93R, G93A, G93V, I96S, I96T, L98P, L98H, P101A, P101T, P101S, P101H, Y279S, I282T, D286H, D286V, R289G, R289S, V290D, V290A, D303Y, Y304N, Y304H, Y304D, I305N, I305M, N306K, I328T, G332A, G332D, G332V, L334Q, T337K, M344V, M344I, Q347K, Q347R, M355T, T357R, T357M, E361Q, P372S, R413K, W423C, P424A, P424S, P424T, P424R, P424L, G427S, G427R, G427C, G427A, G427V, V428M, V428E, V428A, V428G, P429A, P429S, P429T, P429H, P429R, P429L, P432H, P432R, V435G, L436V, L436P, L436Q, V457L, V457M, V457E, V457A, V457G, H458N, H458P, H458Q, C459Y, S460N, S460R, A461P, A461S, A461G, A461V, I463N, I463S, G464S, G464C, G464D, G464A, G464V, R465G, R465W, R465P, R465L, R465Q, T466R, T466I, G467R, G467E, T468P, T468K, T468R, T468M, D473N, D473H, D473V, D489G, D489A, D489V, D489E, I494F, I494N, V497E, R498G, R498Q, R498P, Q500P, R501G, R501K, Y542C).

Notre étude actuelle s'articule autour de deux axes principaux : l'identification des modifications post-traductionnelles (phosphorylation, méthylation, ubiquitination, carbonylation, S-nitrosylation, nitration de la tyrosine) susceptibles d'être altérées par les variations SNP, et la modélisation tridimensionnelle des protéines mutées afin de prédire les impacts structurels et fonctionnels associés à ces mutations. Ces approches visent à mieux comprendre les liens potentiels entre ces variations génétiques et certaines pathologies d'origine immunitaire, notamment les cancers et les maladies auto-immunes.

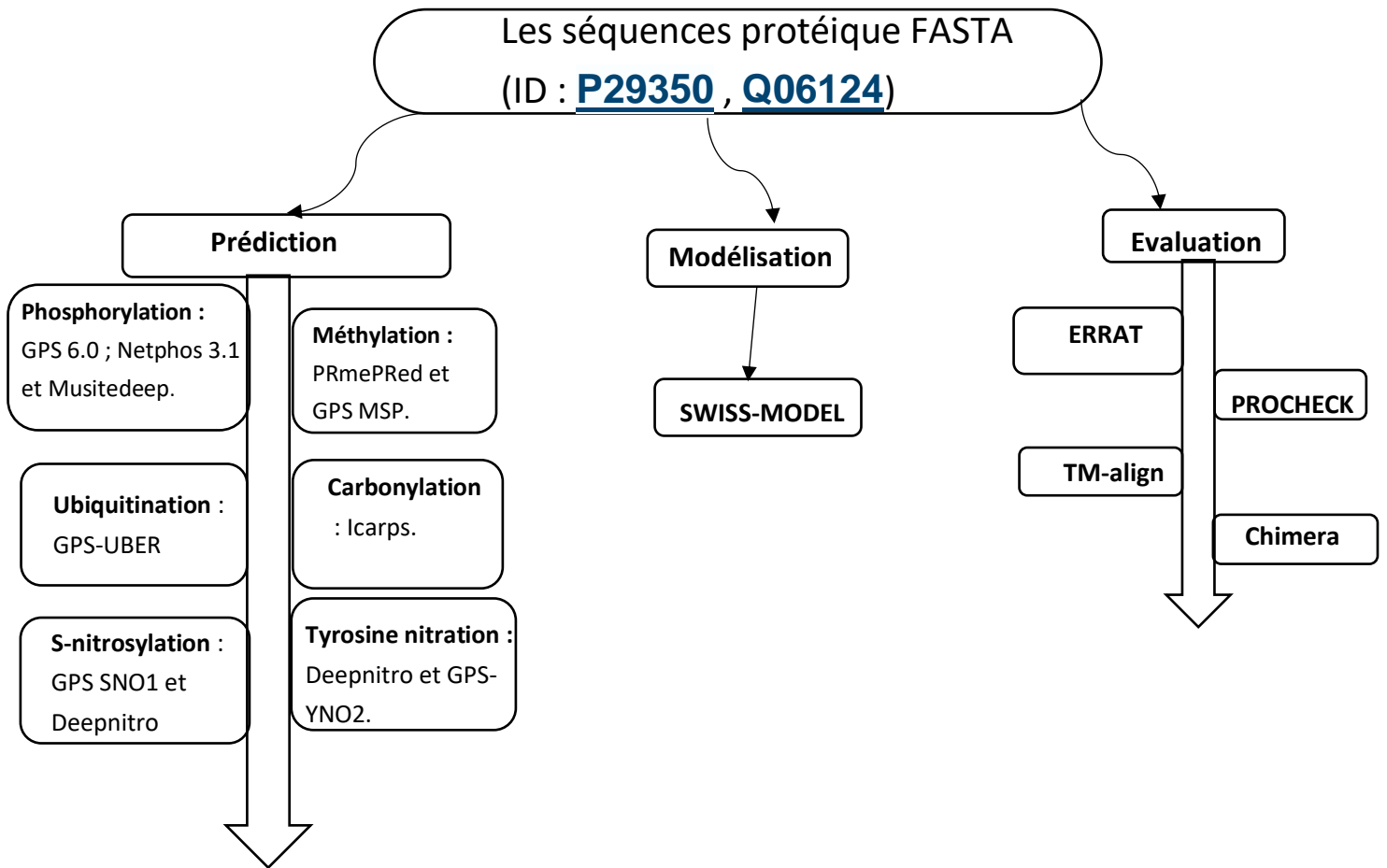


Figure2.1 : Plan de l'étude

2.2. Collecte de données et sélection de séquences de protéines

2.2.1. Uniprot :

La Ressource Universelle de Protéines (UniProt) (<https://www.uniprot.org/>) est une base de données regroupant les séquences protéiques et leur annotation. Elle propose dix ensembles de données consultables, ainsi que quatre outils principaux.

Les ensembles de données essentiels d'UniProt incluent la Base de Connaissances UniProt (UniProtKB), les Clusters de Référence UniProt (UniRef), l'Archive UniProt (UniParc) et les ensembles de protéines pour les génomes complètement séquencés (Protéomes). D'autres ensembles de données complémentaires contiennent des informations sur les protéines qui figurent dans les entrées de protéines d'UniProtKB, comme des citations littéraires, la taxonomie, et les emplacements subcellulaires, entre autres. (7)

Dans le cadre de cette étude, les séquences canoniques des protéines SHP1 et SHP2 ont été obtenues à partir de la base de données Uniprot, afin de permettre l'identification des variations d'intérêt.

The screenshot shows the UniProt entry for P29350 · PTN6_HUMAN. The interface includes a navigation bar with options like BLAST, Align, Peptide search, ID mapping, SPARQL, and UniProtKB. The main content area is divided into a left sidebar with categories like Function, Names & Taxonomy, Subcellular Location, etc., and a main content area. The main content area displays key information about the protein, including its name, gene, status, and organism. The Function section is highlighted, showing the protein's role as a tyrosine phosphatase enzyme.

| Field | Value |
|--------------------------------|--|
| Protein ⁱ | Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 |
| Gene ⁱ | PTPN6 |
| Status ⁱ | UniProtKB reviewed (Swiss-Prot) |
| Organism ⁱ | Homo sapiens (Human) |
| Amino acids | 595 (go to sequence) |
| Protein existence ⁱ | Evidence at protein level |
| Annotation score ⁱ | 5/5 |

Functionⁱ
Tyrosine phosphatase enzyme that plays important roles in controlling immune signaling pathways and fundamental physiological processes such as hematopoiesis (PubMed:14739280, PubMed:29925997).

Figure 2.2 : Données de *PTPN6* obtenues via UniProt

The screenshot displays the UniProt entry for PTPN11_HUMAN (Q06124). The main header shows the protein name and ID. Below this, there are several key-value pairs: Protein (Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11), Gene (PTPN11), Status (UniProtKB reviewed (Swiss-Prot)), and Organism (Homo sapiens (Human)). On the right side, there are statistics: Amino acids (593), Protein existence (Evidence at protein level), and Annotation score (5/5). A navigation bar includes tabs for Entry, Variant viewer (1,629), Feature viewer, Genomic coordinates, Publications, External links, and History. Below the navigation bar, there are options for Tools, Download, Add, Add a publication, and Entry feedback. The Function section is expanded, showing the text: "Acts downstream of various receptor and cytoplasmic protein tyrosine kinases to participate in the signal transduction from the cell surface to the nucleus (PubMed:10655584, PubMed:14739280, PubMed:18559669, PubMed:18829466, PubMed:26742426, PubMed:28074573)." The left sidebar contains a list of categories: Function, Names & Taxonomy, Subcellular Location, Disease & Variants, PTM/Processing, Expression, Interaction, Structure, Family & Domains, Sequence & Isoforms, and Similar Proteins.

Figure2.3 : Données de *PTPN11* obtenues via UniProt

2.3. Prédiction des sites de phosphorylation :

2.3.1. GPS6.0 :

Group-based Prediction System Version 6.0 (GPS6.0) (<https://gps.biocuckoo.cn/>) est un serveur web dédié à la phosphorylation qui répertorie 44 046 protéines kinases (PK) chez 185 espèces, dont 500 PK chez l'être humain. Les résultats sont rapidement affichés sous forme de tableau, enrichis d'annotations provenant de 22 ressources publiques, incluant des preuves expérimentales, des interactions, des motifs séquentiels (séquence logos), des propriétés physiques et des structures 3D. (Chen et al., 2023). Pour utiliser GPS 6.0, une séquence protéique peut être saisie au format FASTA, ce qui permet au logiciel de lire et d'interpréter correctement les données. Dans notre étude, nous avons utilisé un seuil moyen (medium threshold) afin d'obtenir un bon compromis entre la sensibilité et la spécificité des prédictions. L'outil s'appuie sur des algorithmes d'apprentissage automatique combinés à des bases de données expérimentales.

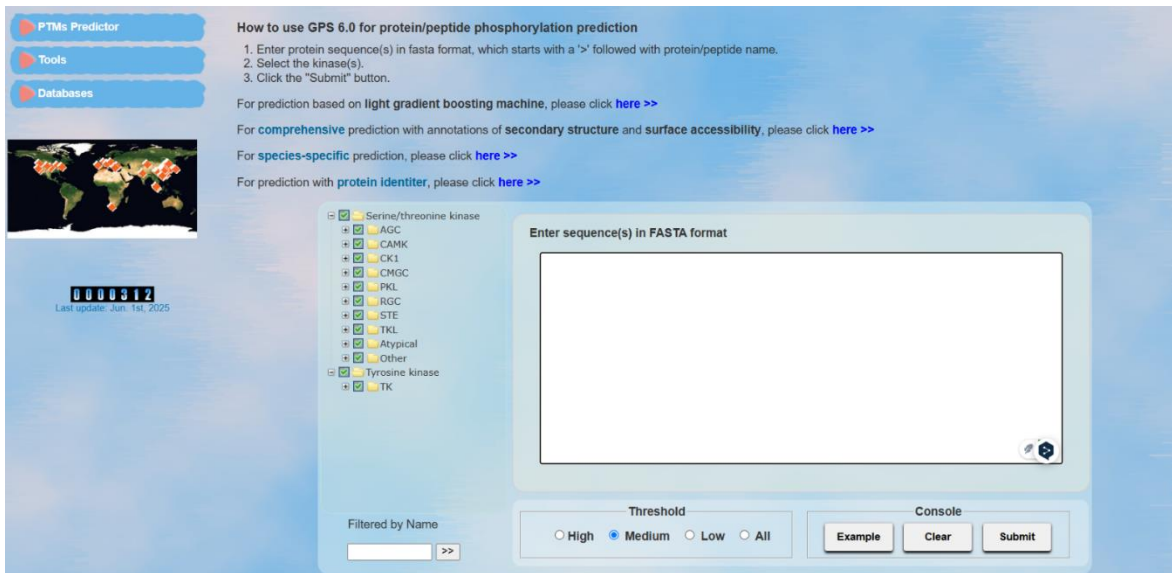


Figure2.4 : Prédictions des sites de phosphorylation par GPS 6.0

2.3.2. Netphos :

Dans notre cadre de recherche l’outil Netphos (<https://services.healthtech.dtu.dk/services/NetPhos-3.1/>) a été utilisé pour la prédiction des sites de phosphorylation. Il est basé sur un algorithme basé sur des réseaux de neurones artificiels pour prédire les sites de phosphorylation des acides aminés sérine, thréonine et tyrosine.

jobid=684B2067002DDF55F91415B1&wait=20 Server Output - DTU Health Tech

```
>SHP1 595 amino acids
#
# netphos-3.1b prediction results
#
# Sequence # x Context Score Kinase Answer
#-----
# SHP1 10 S HRDLSGLDA 0.997 unsp YES
# SHP1 10 S HRDLSGLDA 0.597 PKA YES
# SHP1 10 S HRDLSGLDA 0.528 cdc2 YES
# SHP1 10 S HRDLSGLDA 0.483 RSK .
# SHP1 10 S HRDLSGLDA 0.475 CaM-II .
# SHP1 10 S HRDLSGLDA 0.451 GSK3 .
# SHP1 10 S HRDLSGLDA 0.430 CKII .
# SHP1 10 S HRDLSGLDA 0.400 CKI .
# SHP1 10 S HRDLSGLDA 0.352 DNAPK .
# SHP1 10 S HRDLSGLDA 0.342 PKG .
# SHP1 10 S HRDLSGLDA 0.294 p38MAPK .
# SHP1 10 S HRDLSGLDA 0.283 ATM .
# SHP1 10 S HRDLSGLDA 0.266 PKC .
# SHP1 10 S HRDLSGLDA 0.180 cdk5 .
# SHP1 10 S HRDLSGLDA 0.142 PKB .
#
# SHP1 16 T LDAETLLKG 0.476 cdc2 .
# SHP1 16 T LDAETLLKG 0.438 GSK3 .
# SHP1 16 T LDAETLLKG 0.422 CaM-II .
# SHP1 16 T LDAETLLKG 0.416 CKI .
# SHP1 16 T LDAETLLKG 0.391 CKII .
# SHP1 16 T LDAETLLKG 0.353 DNAPK .
# SHP1 16 T LDAETLLKG 0.283 PKG .
# SHP1 16 T LDAETLLKG 0.275 p38MAPK .
# SHP1 16 T LDAETLLKG 0.232 ATM .
# SHP1 16 T LDAETLLKG 0.189 RSK .
# SHP1 16 T LDAETLLKG 0.184 cdk5 .
```

Figure2.5 : Prédictions des sites de phosphorylation par Netphos 3.1

2.3.3. Musite Deep :

MusiteDeep (<https://www.musite.net/>) est un outil destiné à prévoir des sites de phosphorylation et méthylation et ubiquitination généraux et spécifiques aux kinases. Il reçoit des données de séquences brutes et emploie des réseaux de neurones convolutionnels avec un mécanisme d'attention bidimensionnel innovant.

Dans notre recherche, MusiteDeep a été utilisé pour prédire les sites de phosphorylation potentiels sur les séquences protéiques de **SHP1** et **SHP2**, notamment après l'introduction de mutations. Les séquences ont été introduites au format FASTA, et l'analyse a été réalisée avec un seuil de confiance fixé à 0.5, ce qui correspond au seuil par défaut recommandé par l'outil. Ce seuil permet un équilibre entre sensibilité et spécificité dans la détection des résidus phosphorylables. Grâce à son approche basée sur le deep learning, MusiteDeep offre une précision appréciable pour l'identification des modifications post-traductionnelles.

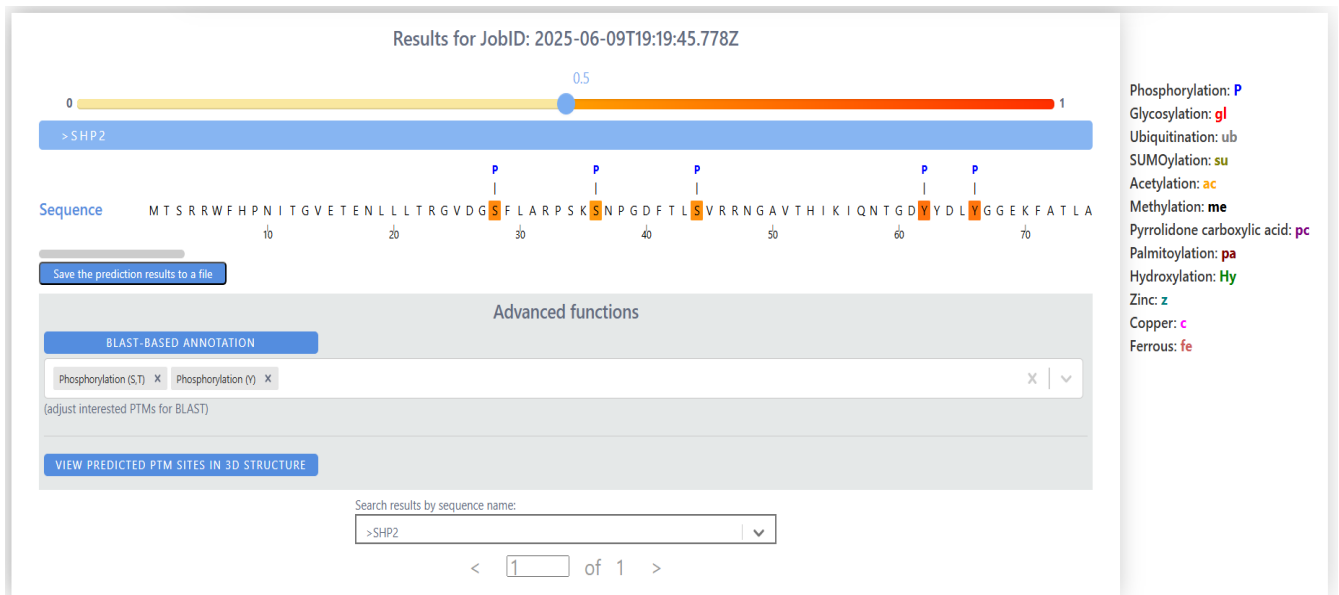


Figure2.6 : Prédictions des sites de phosphorylation, de méthylation et d'ubiquitination par MusiteDeep.

2.4. Prédiction des sites de méthylation :

2.4.1. GPS MSP :

Le Methyl-group specific predictor (MSP) (<http://msp.biocuckoo.org/>) permet la prédiction de la mono-, di- et tri-méthylation des résidus de lysine et d'arginine spécifiques, en se basant sur des caractéristiques biochimiques et des modèles statistiques (Deng et al., 2017b). L'outil utilise par défaut un seuil de 0.5 (low) pour assurer une sensibilité accrue lors de l'identification des sites de méthylation.

The screenshot displays the GPS-MSP web application interface. On the left, the 'Predictors' section includes 'Organism' (with 'Homo sapie' selected) and 'Methylation types' (with 'R.all', 'R.mono', 'R.di', 'R.s.di', 'R.a.di', 'K.all', and 'K.mono' selected). The 'Running status' shows 'Done'. The main area, 'Predicted sites', contains a table with the following data:

| Protein | Positi... | Code | Type | Peptide | Score |
|---------|-----------|------|--------|-------------------|-------|
| >SHP2 | 23 | R | R.all | ETENLLLTRGVDSFLA | 20,10 |
| >SHP2 | 47 | R | R.di | GDFTLSVRRNGAVTHIK | 2,02 |
| >SHP2 | 89 | K | K.all | YMEHHGQLKEKNGDVIE | 1,18 |
| >SHP2 | 99 | K | K.di | KNGDVIELKYPLNCADP | 1,90 |
| >SHP2 | 124 | K | K.all | HLSGKEAEKLLTEKGGH | ,50 |
| >SHP2 | 131 | K | K.mono | EKLLTEKGGHGSFLVRE | 1,45 |
| >SHP2 | 157 | K | K.di | LSVRTGDDKGESNDGKS | 3,41 |
| >SHP2 | 166 | K | K.mono | GESNDGKSKVTHVMIRC | 1,63 |

Below the table is a 'Console' section with a 'Threshold' slider set to 0.5 (Low) and buttons for 'Example', 'Clear', and 'Submit'. The 'Enter sequence(s) in FASTA format' section shows a FASTA entry for SHP2.

Figure2.7 : Prédiction des sites de méthylation par GPS-MSP.

2.4.2. PRmePRed :

PRmePRed (<https://bioinfo.icgeb.res.in/PRmePRed/>) est un prédicteur de la méthylation d'arginine basé sur des caractéristiques dérivées de la séquence et de la structure, en utilisant des Support Vector Machines (SVM). (Kumar et al., 2017). Dans notre étude, l'analyse a été réalisée avec un seuil de **0.5**, permettant de prédire les résidus d'arginine susceptibles d'être méthylés. Cette prédiction contribue à mieux comprendre l'impact des SNPs sur les modifications post-traductionnelles, notamment en lien avec les fonctions biologiques régulées par la méthylation.

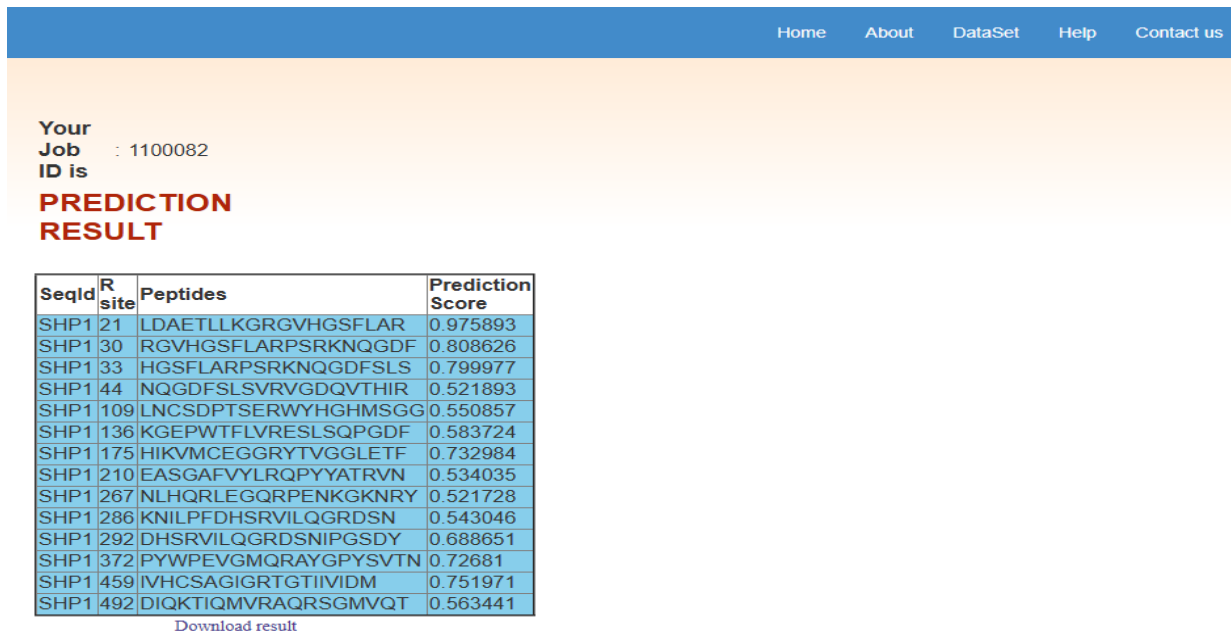


Figure2.8 : Prédiction des sites de méthylation par PRmePred.

2.5. Prédiction des sites d’ubiquitination :

2.5.1. GPS UBER :

L’outil GPS-UBER (<https://gpsuber.biocuckoo.cn/online.php>) a été utilisé pour la prédiction des sites d’ubiquitination avec un seuil moyen, permettant d’anticiper les relations entre enzyme, ubiquitine, ligase de protéine et substrat.

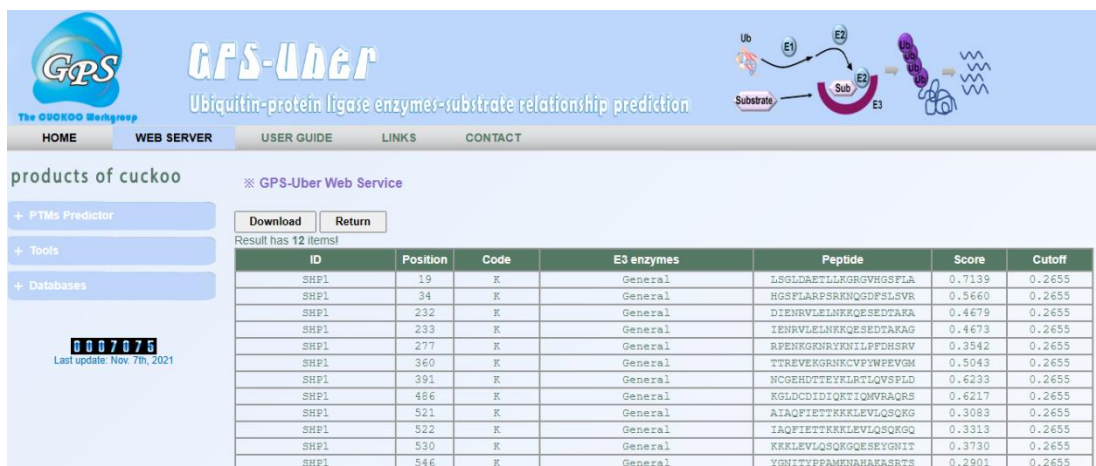


Figure2.9 : Prédiction des sites d’ubiquitination par GPS-UBER.

2.6. Prédiction des sites de carbonylation :

2.6.1. Icarps:

L'outil Icarps (<http://lin-group.cn/server/iCarPS/webServer.html>) a été utilisé pour la prédiction des quatre de carbonylation : lysine (K) ; proline (P) ; Arginine (R) ; et thréonine (T). Pour repérer les sites de carbonylation en s'appuyant sur les informations de séquence. Une nouvelle méthode d'encodage des caractéristiques, appelée coordonnées coniques des résidus, intégrant leurs propriétés physico-chimiques, a été proposée pour établir des échantillons de protéines carbonylées et non carbonylées. Pour éliminer d'éventuelles caractéristiques redondantes et optimiser la performance de la prédiction, une technique de sélection de caractéristiques a été appliquée. (10). Pour identifier les résidus susceptibles d'être carbonylés, principalement sur les acides aminés comme la proline, la lysine, l'arginine et la thréonine. Il fonctionne à partir de séquences protéiques au format FASTA et permet d'anticiper l'impact potentiel des modifications oxydatives sur la fonction ou la stabilité des protéines.

PREDICT RESULTS

The Predict Results are as follows:

Carbonylation Site:

Non-carbonylation Site:

```
>SHP2 Postion:35 is K TRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRN
>SHP2 Postion:55 is K TLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYDLYGG
>SHP2 Postion:70 is K QNTGDYDLYGGEKFATLAEVQYYME
>SHP2 Postion:89 is K ELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPL
>SHP2 Postion:91 is K VQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNC
>SHP2 Postion:99 is K GQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERW
>SHP2 Postion:120 is K PTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKGKHG
>SHP2 Postion:124 is K RWFHGHLSGKEAEKLLTEKGKHGSFLV
>SHP2 Postion:129 is K HLSGKEAEKLLTEKGKHGSFLVRESQS
>SHP2 Postion:131 is K SGKEAEKLLTEKGKHGSFLVRESQSH
>SHP2 Postion:157 is K PGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHV
>SHP2 Postion:164 is K VRTGDDKGESNDGKSKVTHVMTRCOEL
```

Your parameters

1. Predict Type: K (lysine)
2. Sequence: window input

Webserver Page

Center of Bioinformatics, University of Electronic Science and Technology of China, Sichuan, Chengdu 611731,China.

Figure2.10 : Prédiction des sites de carbonylation par iCarPS

2.7. Prédiction des sites de S-nitrosylation :

2.7.1. GPS SNO :

SNO est un logiciel de prédiction basé sur des groupes (GPS-SNO 1.0) utilisé pour identifier les sites de S-nitrosylation. Ce programme peut être exécuté en ligne ou téléchargé sur (<http://sno.biocuckoo.Org/>). Pour toutes les analyses des séquences protéiques au format FASTA ont été soumises afin de prédire les sites de S-nitrosylation sous une condition de seuil ALL en utilisant l'outil de prédiction par lot du logiciel GPS-SNO 1.0. (Chaki et al., 2014). L'outil utilise des modèles basés sur des algorithmes d'apprentissage automatique et des données expérimentales pour identifier les sites potentiels à partir de séquences protéiques au format FASTA. Il permet ainsi d'explorer l'impact potentiel des variations génétiques sur la S-nitrosylation, en particulier dans le contexte des maladies liées au stress oxydatif.

The screenshot shows the GPS-SNO 1.0 web application interface. At the top, there is a menu bar with 'File', 'Tools', and 'Help'. Below the menu bar, a table titled 'Predicted Sites' displays the results of the prediction. The table has five columns: Position, Peptide, Score, Cutoff, and Cluster. The predicted sites are listed as follows:

| Position | Peptide | Score | Cutoff | Cluster |
|----------|------------------|--------|--------|-----------|
| 104 | ELKYPLNCADPTSER | 2,88 | 0 | Cluster B |
| 174 | VTHVMIRCQELKYDV | 0,858 | 0 | Cluster A |
| 259 | ETLQQQECRLLYSRK | 20,328 | 0 | Cluster C |
| 318 | MPEFETKCNNSEKPKK | 1,815 | 0 | Cluster B |
| 333 | SYIATQGCLQNTVND | 2,114 | 0 | Cluster B |
| 367 | VERGKSKCVKYWPDE | 0,902 | 0 | Cluster B |
| 459 | AGPVVVHCSAGIGRT | 3,685 | 0 | Cluster B |
| 486 | IREKGVDCDIDVEKT | 17,526 | 0 | Cluster C |
| 563 | DQSPLPPTPTPPCA | 0,388 | 0 | Cluster A |
| 569 | PCTPTPPCAEMREDS | 0,295 | 0 | Cluster A |

Below the table, there is a section titled 'Enter sequence(s) in FASTA format' with a text area containing the following sequence:

```
>SHP2
MTSRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSLFARPSKSNPGDFLSVRRNGAVTHIKQNTGDYYDLYGGKEKFATLAEVLVQYMEHHGOLKEKNGDVI
ELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKKGKHSFVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDS
LTDLVEHYKKNPMVETLGTVLQKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFEFETLQQQCECKLLYSRKEGQRQENKKNRYKNILPF
DHTRVVLHDGDPNEPVSVDYINANIIMPEFETKCNNSEKPKKSYIATQGCLQNTVNDVFRMVFQENSRVIMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYG
VMRVRNVKESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERVWQYHFRTWPDHGVPSDPPGGVLDLFEEVHHKQESIMDAGPVVHCSAGIGRTGTFFVIDILIDII
REKGVDCDIDVPKTIQMVRSQKSGMVGTEAQYRFYIMAVQHYIETLQRRIEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMRED
SARVYENGLMQQKSFRR
```

At the bottom of the interface, there is a 'Threshold' section with radio buttons for 'High', 'Medium', 'Low', and 'All' (selected). To the right, there is a 'Console' section with buttons for 'Example', 'Clear', and 'Submit'.

Figure 2.11 : Prédiction des sites de S-nitrosylation des protéines par GPS-SNO

2.7.2. Deep nitro :

Deep nitro est un prédateur en ligne accessible gratuitement à l'adresse (<http://deepnitro.renlab.Org/>) nécessite uniquement des séquences de protéines pour effectuer une prédiction. La prédiction de la nitration de la tyrosine, nitrosylation de la cystéine, et les utilisateurs peuvent choisir les types de modifications qui les intéressent dans le panneau d'options (Xie et al., 2018). Afin d'équilibrer la précision des prédictions pour chaque type de modification, nous avons choisi seuil ALL, basés sur les résultats de l'évaluation.

Download

- [xls](#)
- [txt](#)
- [bed](#)

| ID | Position | Peptide | Score | Cutoff | Cluster |
|------|----------|-----------------|-------|--------|--------------------|
| SHP2 | 62 | KIQNTGDYDLYGGE | 0.017 | 0 | Tyrosine Nitration |
| SHP2 | 63 | IQNTGDYDLYGGEK | 0.027 | 0 | Tyrosine Nitration |
| SHP2 | 66 | TGDYDLYGGEKFAT | 0.006 | 0 | Tyrosine Nitration |
| SHP2 | 80 | TLAELVQYYMEHHGQ | 0.065 | 0 | Tyrosine Nitration |
| SHP2 | 81 | LAELVQYYMEHHGQL | 0.248 | 0 | Tyrosine Nitration |
| SHP2 | 100 | GDVIELKYPLNCADP | 0.443 | 0 | Tyrosine Nitration |
| SHP2 | 104 | ELKYPLNCADPTSER | 0.439 | 0 | S-Nitrosylation |
| SHP2 | 174 | VTHVMIRCQELKYDV | 0.253 | 0 | S-Nitrosylation |
| SHP2 | 179 | IRCQELKYDVGGER | 0.131 | 0 | Tyrosine Nitration |
| SHP2 | 197 | LTDLVEHYKKNPMVE | 0.19 | 0 | Tyrosine Nitration |

Figure2.12 : prédiction des sites de S-nitrosylation par DeepNitro.

2.7.3. GPS YNO2 :

YNO2 est un logiciel pour prédire les sites de tyrosine nitration. Le logiciel a démontré une précision prometteuse de 76,51%, une sensibilité de 50,09% et une spécificité de 80,18% à partir de la validation de l'exclusion (11). Nous avons utilisé ce logiciel avec un seuil ALL .

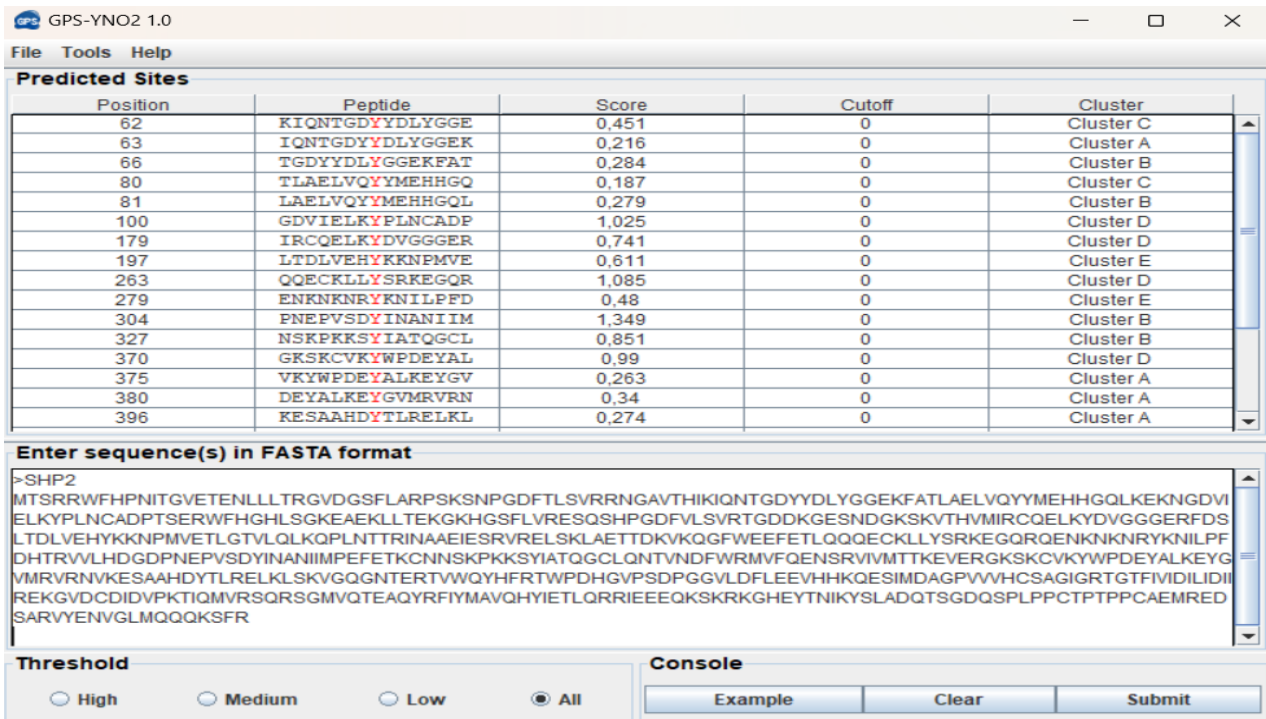


Figure2.13 : Prédiction des sites de nitration des tyrosines par GPS-YNO2.

2.8. Modélisation moléculaire:

2.8.1. Swiss model:

SWISS-MODEL (<http://swissmodel.expasy.org>) est un serveur dédié à la modélisation comparative automatisée des structures protéiques tridimensionnelles (3D). Il a été à l'avant-garde de la modélisation automatisée depuis 1993 et reste la plateforme gratuite en ligne la plus utilisée pour ce type de modélisation à l'heure actuelle. La structure de SHP1 a été modélisée par swiss model en utilisant le Template [3ps5.1.A](#) (Crystal structure of the full length Human Protein tyrosine phosphatase SHP-1), et celle de SHP2 avec le Template [4nwg.1.A](#) (Crystal structure of the tyrosine phosphatase SHP-2 with E139D mutation) prenant en considération les valeurs de Z-score QMEAN et le GMQE score pour l'évaluation de qualité de structures.

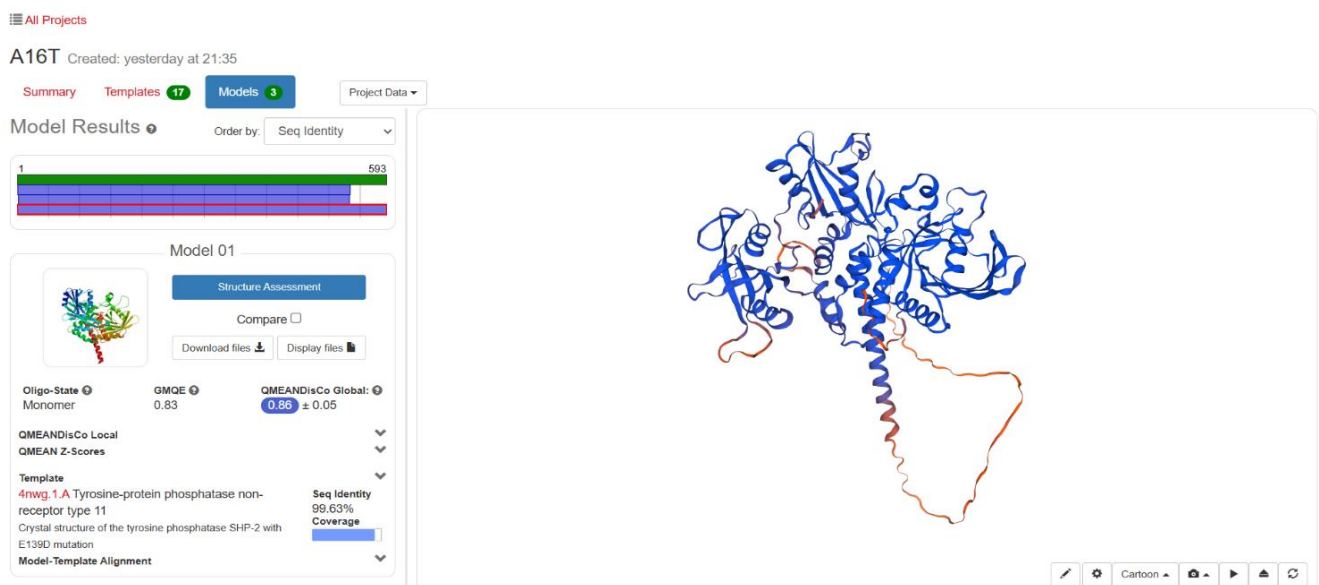


Figure2.15 : Modélisation des structures tridimensionnelles des protéines par SWISS-Model.

2.8.2. ERRAT :

L'outil ERRAT (<https://saves.mbi.ucla.edu/>) repose sur un algorithme statistique fondé sur les interactions atomiques pour évaluer la qualité des structures protéiques obtenues par cristallographie aux rayons X. Il se base sur l'analyse des interactions entre atomes non liés, en les alignant à celles observées dans une base de données de structures fiables à haute résolution. Les valeurs d'erreur sont représentées en fonction de la position d'une fenêtre glissante de 9 résidus, ce qui permet de localiser les régions potentiellement incorrectes dans la structure analysée ("ERRAT – UCLA-DOE Institute," n.d).

Dans le cadre de notre étude, ERRAT a été utilisé pour valider les modèles 3D des protéines SHP1 et SHP2 après modélisation, afin d'assurer leur fiabilité pour les analyses structurales ultérieures.mahsh

UCLA-DOE LAB — SAVES v6.1



[← Control panel](#) [↑ New Job](#)

job #259035: A70E.pdb

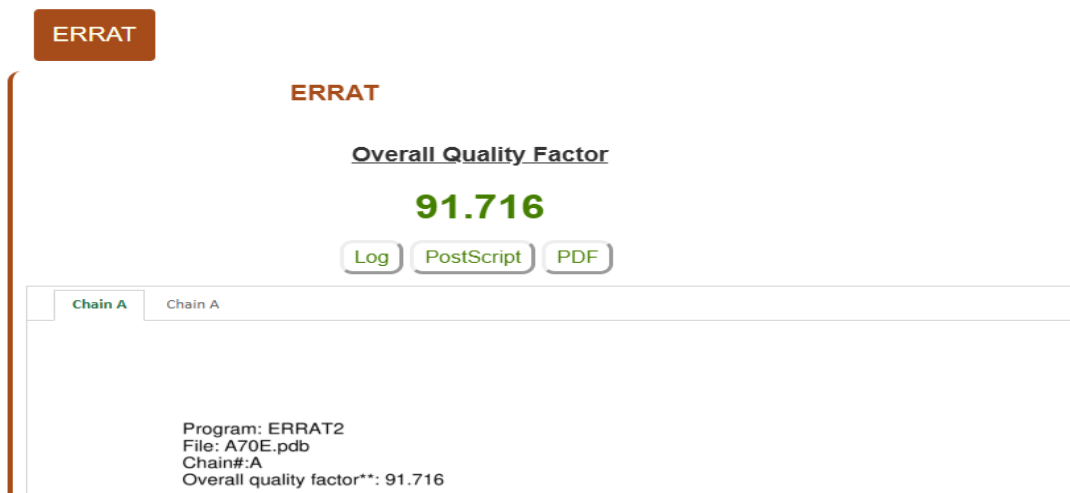


Figure2.16 : Exemple d'une réalisation sur ERRAT.

Chapitre IV : Discussion

6. Chapitre 6 : Discussion

SHP-1 est une protéine tyrosine phosphatase non réceptrice, principalement exprimée dans les cellules hématopoïétiques et épithéliales. Agissant comme un régulateur négatif, SHP-1 intervient dans de nombreuses voies de signalisation des cellules eucaryotes, où elle joue un rôle essentiel dans la réduction et la terminaison des cascades de signaux(Liu et al., 2022).

SHP2 est une tyrosine phosphatases exprimée d'une manière ubiquitaire, jouant un rôle essentiel dans le développement du squelette ainsi que dans le maintien des chondrocytes, des ostéoblastes et des ostéoclastes(Jensen et al., 2023).

L'analyse *in silico* réalisée dans cette étude a permis d'évaluer l'impact potentiel de plusieurs (nsSNPs) identifiées dans les protéines SHP1 et SHP2, en s'appuyant sur différents outils bio-informatiques spécialisés dans la prédiction des PTM. Les résultats obtenus mettent en évidence des effets structuraux et fonctionnels notables, soulignant le rôle critique que peuvent jouer ces variants dans la régulation des fonctions protéiques.

Les analyses à l'aide de GPS 6.0, NetPhos et MusiteDeep ont montré que certaines mutations entraînent l'apparition ou la disparition de sites de phosphorylation, ce qui peut impacter les voies de signalisation intracellulaire. Chez SHP1, les mutations N303S et **N305S** se distinguent par des scores élevés dans plusieurs outils, suggérant une modification fonctionnelle probable. Chez SHP2, la mutation S44C montre une perte de site fortement phosphorylable, tandis que G60S, I96S et P432H/R révèlent de nouveaux sites potentiels, susceptibles de modifier l'activation ou l'interaction de SHP2 avec ses partenaires.

L'étude des résidus lysine et arginine à l'aide de GPS-MSP, PRmePRed et Musite a permis de détecter des variations significatives. Par exemple, R30Q (SHP1) induit une perte de site de méthylation, suggérant une altération de la régulation épigénétique. Inversement, S454R et R459P génèrent de nouveaux sites de méthylation, pouvant influencer la conformation ou la stabilité de la protéine.

L'outil iCarPS a révélé des modifications importantes des profils de carbonylation, principalement sur les résidus lysine, proline, arginine et thréonine. Ces modifications sont associées au stress oxydatif et à la dégradation protéique. Chez SHP1, plusieurs mutations (ex. E15K, N306K, K360R) induisent la perte de sites de carbonylation, tandis que d'autres (ex. A323T, A455T) en introduisent de nouveaux. Chez SHP2, des régions sensibles comme les positions 337, 357, 466 et 468 apparaissent particulièrement sujettes à la carbonylation, en raison de la concentration élevée de mutations affectant ces sites.

Les mutations affectant des résidus de tyrosine ont révélé des conséquences fonctionnelles importantes sur la nitration, une PTM liée au stress oxydatif. Par exemple, H53Y et F71Y (SHP2) créent de nouveaux sites, tandis que Y66H, Y279S, Y81N/D ou C459Y entraînent des pertes ou déplacements de ces sites, ce qui pourrait modifier l'activité enzymatique ou les interactions de la protéine.

Certaines mutations introduisent ou éliminent des résidus cystéine, influençant potentiellement la S-nitrosylation, une modification sensible au microenvironnement cellulaire. Des mutations comme W6C, G60C ou R495C génèrent de nouveaux sites avec des scores prédictifs élevés,

alors que C459Y élimine un site clé, ce qui pourrait réduire la réactivité oxydative ou la signalisation.

Enfin, l'analyse avec GPS-UBER et MusiteDeep a révélé des changements significatifs dans la régulation de la dégradation des protéines. Chez SHP1, des mutations telles que E15K, T337K, Q347K, R413K, T468K induisent des nouveaux sites d'ubiquitination, tandis que d'autres comme R286Q, K360R, R495C sont responsables de pertes de sites, pouvant perturber la régulation du cycle de vie protéique. Des observations similaires ont été faites chez SHP2, notamment avec E69K, R501K et K55E, qui modulent la dynamique de l'ubiquitination.

La modélisation moléculaire comparative a été menée afin d'évaluer l'impact structural de plusieurs mutations nsSNPs identifiées dans les protéines SHP1 et SHP2. Grâce à la plateforme Swiss-Model, les structures tridimensionnelles des formes sauvages et mutées ont été générées, permettant une évaluation approfondie des variations conformationnelles induites par les mutations.

L'analyse des modèles obtenus à l'aide des outils ERRAT, PROCHECK, TM-align et SWISS-MODEL a permis de valider la qualité et la fiabilité des structures générées. Les scores ERRAT élevés (entre 93,6 % et 97,9 %) confirment la bonne cohérence structurale globale des modèles. Par ailleurs, l'analyse Ramachandran réalisée via PROCHECK indique que plus de 88 % des résidus se situent dans des régions géométriquement favorables, avec moins de 1,5 % dans les zones interdites, ce qui témoigne d'une bonne qualité stéréochimique des structures modélisées.

Concernant la stabilité et la fidélité structurale, les résultats du RMSD calculés par TM-align révèlent que la majorité des mutations n'entraînent que des déviations minimales par rapport à la structure de référence. Les mutations telles qu'I54N, G91D, P99A, R286Q, N305S, R393H, R407Q et S454N présentent un RMSD très faible, indiquant une forte similarité tridimensionnelle avec la protéine native. En revanche, certaines mutations, comme E15K, A323T, Q341P ou P423L, induisent des altérations locales modérées, sans toutefois compromettre l'intégrité structurale globale de la molécule.

Il est également important de noter que les modèles générés présentent des scores GMQE élevés (entre 0,87 et 0,88), et des QMEAN Z-scores compris entre -0,54 et -1,13, des valeurs considérées comme acceptables pour des modèles fiables. Quelques mutations, notamment G91D et P99L, affichent des Z-scores légèrement plus négatifs, ce qui pourrait indiquer une altération conformationnelle locale sans impact majeur sur la stabilité globale.

Les données issues de TM-align confirment également que, malgré la présence de certaines mutations plus perturbatrices (ex. D61G, G68W), la structure générale reste conservée, avec des RMSD dans une plage acceptable et des TM-scores reflétant une similitude structurale élevée.

Cette étude *in silico* souligne l'impact potentiel de plusieurs nsSNPs sur les PTM des protéines SHP1 et SHP2, deux phosphatases clés impliquées dans la régulation immunitaire, la prolifération cellulaire et la signalisation intracellulaire. Les résultats obtenus mettent en lumière plusieurs mutations prioritaires à fort potentiel fonctionnel, justifiant des études expérimentales complémentaires pour valider leurs effets biologiques. Ces données offrent également des perspectives prometteuses pour la compréhension des mécanismes pathologiques liés aux dérèglements de SHP1 et SHP2, notamment dans les cancers et les maladies inflammatoires ou auto-immunes.

**CHAPITRE V :
CONCLUSION ET
PERSPECTIVES**

Chapitre 5 : Conclusion et perspectives

L'étude actuelle a examiné les effets des SNPs sur la structure et la fonction des phosphatases SHP1 et SHP2 à l'aide des méthodes computationnelles. L'objectif principal était de prédire l'impact de ces variations sur les modifications post-traductionnelles (PTM) et de réaliser des modélisations moléculaires afin d'évaluer leurs conséquences structurelles.

Parmi un total de 176 nsSNPs identifiés dans SHP2 et 36 dans SHP1, nous avons détecté, à l'aide d'outils bio-informatique de prédiction des PTM, couplée à la modélisation moléculaire, a permis de retenir 10 SNPs dans SHP1 et 13 SNPs dans SHP2 comme étant probablement délétères.

Ces résultats constituent une base préliminaire prometteuse pour des études de docking moléculaires et des validations expérimentales ultérieures visant à confirmer l'impact fonctionnel de ces variations, notamment dans le contexte des pathologies associées à un dysfonctionnement des phosphatases SHP1 et SHP2, telles que les cancers et les maladies auto-immunes.

Notre étude *in silico* constitue une base préliminaire intéressante concernant l'impact potentiel de certains SNPs sur la structure et la fonction des protéines SHP1 et SHP2. Ces résultats pourraient servir de point de départ pour des études expérimentales visant à valider les effets de ces variations et à mieux comprendre leur implication dans le développement de maladies d'origine immunitaires.

Chapitre VI : BIBLIOGRAPHIES

Chapitre 6 : La bibliographie

- Abram, C.L., Lowell, C.A., 2017. Shp1 function in myeloid cells. *J Leukoc Biol* 102, 657–675. <https://doi.org/10.1189/jlb.2MR0317-105R>
- Abram, C.L., Roberge, G.L., Pao, L.I., Neel, B.G., Lowell, C.A., 2013. Distinct Roles for Neutrophils and Dendritic Cells in Inflammation and Autoimmunity in motheaten Mice. *Immunity* 38, 489–501. <https://doi.org/10.1016/j.immuni.2013.02.018>
- Bahereldeen, A.I., Alfadil, R.G., Ali, H.M., Nasser, R.M., Eisa, N.T., Mahmoud, W.H., Osman, S.M., 2020. In silico analysis of Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) in Human HFE Gene coding region. *JSM Bioinformatics, Genomics and Proteomics* 5, 1–6. <https://doi.org/10.47739/1040>
- Banville, D., Stocco, R., Shen, S.H., 1995. Human protein tyrosine phosphatase 1C (PTPN6) gene structure: alternate promoter usage and exon skipping generate multiple transcripts. *Genomics* 27, 165–173. <https://doi.org/10.1006/geno.1995.1020>
- Beyleveld, G., White, K.M., Ayllon, J., Shaw, M.L., 2013. New-generation screening assays for the detection of anti-influenza compounds targeting viral and host functions. *Antiviral Research* 100, 120–132. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2013.07.018>
- Bheri, M., Mahiwal, S., Sanyal, S.K., Pandey, G.K., 2021. Plant protein phosphatases: What do we know about their mechanism of action? *The FEBS Journal* 288, 756–785. <https://doi.org/10.1111/febs.15454>
- Chaki, M., Kovacs, I., Spannagl, M., Lindermayr, C., 2014. Computational prediction of candidate proteins for S-nitrosylation in *Arabidopsis thaliana*. *PLoS One* 9, e110232. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0110232>
- Chen, M., Zhang, W., Gou, Y., Xu, D., Wei, Y., Liu, D., Han, C., Huang, X., Li, C., Ning, W., Peng, D., Xue, Y., 2023. GPS 6.0: an updated server for prediction of kinase-specific phosphorylation sites in proteins. *Nucleic Acids Res* 51, W243–W250. <https://doi.org/10.1093/nar/gkad383>
- Choi, Y., Nam, G.-H., Kim, G.B., Kim, S., Kim, Y.K., Kim, S.A., Kim, H.-J., Lee, E.J., Kim, I.-S., 2021. Nanocages displaying SIRP gamma clusters combined with prophagocytic stimulus of phagocytes potentiate anti-tumor immunity. *Cancer Gene Ther* 28, 960–970. <https://doi.org/10.1038/s41417-021-00372-y>
- Chun, K., Cho, S., Lee, J., Seo, J.H., Kim, K., Lee, S., 2021. Protein kinase C- δ interacts with and phosphorylates ARD1. *Journal Cellular Physiology* 236, 379–391. <https://doi.org/10.1002/jcp.29866>
- Courivaud, C., Saas, P., Ducloux, D., 2012. Polymorphismes génétiques : comment interpréter les études ? *Néphrologie & Thérapeutique* 8, 141–145. <https://doi.org/10.1016/j.nephro.2011.07.411>
- Croker, B.A., Lawson, B.R., Berger, M., Eidenschenk, C., Blasius, A.L., Moresco, E.M.Y., Sovath, S., Cengia, L., Shultz, L.D., Theofilopoulos, A.N., Pettersson, S., Beutler, B.A., 2008. Inflammation and autoimmunity caused by a SHP1 mutation depend on IL-1, MyD88, and a microbial trigger. *Proc Natl Acad Sci U S A* 105, 15028–15033. <https://doi.org/10.1073/pnas.0806619105>

- Cyril, P., 2023. In silico : la révolution des simulations bioinformatiques [WWW Document]. BGene. URL <https://www.bgene.fr/in-silico-la-revolution-des-simulations-bioinformatiques/> (accessed 4.29.25).
- Dabhi, B., Mistry, K.N., 2014. In silico analysis of single nucleotide polymorphism (SNP) in human TNF- α gene. *Meta Gene* 2, 586–595. <https://doi.org/10.1016/j.mgene.2014.07.005>
- Dai, X., Ren, T., Zhang, Y., Nan, N., 2021. Methylation multiplicity and its clinical values in cancer. *Expert Reviews in Molecular Medicine* 23, e2. <https://doi.org/10.1017/erm.2021.4>
- de Almeida, A.C., Barbosa, S.M., de Lourdes Rios Barjas-Castro, M., Olalla-Saad, S.T., Condino-Neto, A., 2012. IFN- β , IFN- γ , and TNF- α decrease erythrophagocytosis by human monocytes independent of SIRP- α or SHP-1 expression. *Immunopharmacol Immunotoxicol* 34, 1054–1059. <https://doi.org/10.3109/08923973.2012.697470>
- Deng, W., Wang, Y., Ma, L., Zhang, Y., Ullah, S., Xue, Y., 2017a. Computational prediction of methylation types of covalently modified lysine and arginine residues in proteins. *Brief Bioinform* 18, 647–658. <https://doi.org/10.1093/bib/bbw041>
- Deng, W., Wang, Y., Ma, L., Zhang, Y., Ullah, S., Xue, Y., 2017b. Computational prediction of methylation types of covalently modified lysine and arginine residues in proteins. *Briefings in Bioinformatics* 18, 647–658. <https://doi.org/10.1093/bib/bbw041>
- Définition | SNP - Single nucleotide polymorphism - Snip - Polymorphisme nucléotidique [WWW Document], n.d. URL <https://www.futura-sciences.com/sante/definitions/genetique-snp-6348/> (accessed 4.28.25).
- Easton, J.B., Royer, A.R., Middlemas, D.S., 2006. The protein tyrosine phosphatase, Shp2, is required for the complete activation of the RAS/MAPK pathway by brain-derived neurotrophic factor. *J Neurochem* 97, 834–845. <https://doi.org/10.1111/j.1471-4159.2006.03789.x>
- ERRAT – UCLA-DOE Institute, n.d. URL <https://www.doe-mpi.ucla.edu/errata/> (accessed 6.9.25).
- Fedorova, M., Bollineni, R.C., Hoffmann, R., 2014. Protein carbonylation as a major hallmark of oxidative damage: update of analytical strategies. *Mass Spectrom Rev* 33, 79–97. <https://doi.org/10.1002/mas.21381>
- Feng, G.S., 1999. Shp-2 tyrosine phosphatase: signaling one cell or many. *Exp Cell Res* 253, 47–54. <https://doi.org/10.1006/excr.1999.4668>
- Frankson, R. et al. (2017) ‘Therapeutic Targeting of Oncogenic Tyrosine Phosphatases’, *Cancer Research*, 77(21), pp. 5701–5705. Available at: .
- Frankson, R., Yu, Z.-H., Bai, Y., Li, Q., Zhang, R.-Y., Zhang, Z.-Y., 2017. Therapeutic Targeting of Oncogenic Tyrosine Phosphatases. *Cancer Res* 77, 5701–5705. <https://doi.org/10.1158/0008-5472.CAN-17-1510>
- Gianazza, E., Parravicini, C., Primi, R., Miller, I., Eberini, I., 2016. In silico prediction and characterization of protein post-translational modifications. *Journal of Proteomics* 134, 65–75. <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2015.09.026>
- GPS-Uber - Ubiquitin-protein ligase enzymes-substrate relationship prediction [WWW Document], n.d. URL <https://gpsuber.biocuckoo.cn/> (accessed 6.10.25).

- Gross, A.J., Lyandres, J.R., Panigrahi, A.K., Prak, E.T.L., DeFranco, A.L., 2009. Developmental Acquisition of the Lyn–CD22–SHP-1 Inhibitory Pathway Promotes B Cell Tolerance. *J Immunol* 182, 5382–5392. <https://doi.org/10.4049/jimmunol.0803941>
- Guo, H.J., Rahimi, N., Tadi, P., 2025. Biochemistry, Ubiquitination, in: StatPearls. StatPearls Publishing, Treasure Island (FL).
- Hao, D., Wang, Y., Li, L., Qian, G., Liu, J., Li, M., Zhang, Y., Zhou, R., Yan, D., 2020. SHP-1 suppresses the antiviral innate immune response by targeting TRAF3. *FASEB J* 34, 12392–12405. <https://doi.org/10.1096/fj.202000600RR>
- Hao, F., Wang, C., Sholy, C., Cao, M., Kang, X., 2021. Strategy for Leukemia Treatment Targeting SHP-1,2 and SHIP. *Front. Cell Dev. Biol.* 9. <https://doi.org/10.3389/fcell.2021.730400>
- Hardy, S., Julien, S.G., Tremblay, M.L., 2012. Impact of oncogenic protein tyrosine phosphatases in cancer. *Anticancer Agents Med Chem* 12, 4–18. <https://doi.org/10.2174/187152012798764741>
- Hardy, S., Julien, S.G., Tremblay, M.L., 2012. Impact of oncogenic protein tyrosine phosphatases in cancer. *Anticancer Agents Med. Chem.* 12, 4–18.
- Hasan, M.M., Khatun, M.S., Mollah, M.N.H., Yong, C., Dianjing, G., 2018. NTyroSite: Computational Identification of Protein Nitrotyrosine Sites Using Sequence Evolutionary Features. *Molecules* 23, 1667. <https://doi.org/10.3390/molecules23071667>
- Hof, P., Pluskey, S., Dhe-Paganon, S., Eck, M.J., Shoelson, S.E., 1998. Crystal Structure of the Tyrosine Phosphatase SHP-2. *Cell* 92, 441–450. [https://doi.org/10.1016/S0092-8674\(00\)80938-1](https://doi.org/10.1016/S0092-8674(00)80938-1)
- Hossain, M.S., Roy, A.S., Islam, M.S., 2020. In silico analysis predicting effects of deleterious SNPs of human RASSF5 gene on its structure and functions. *Sci Rep* 10, 14542. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-71457-1>
- Huang, W.-Q., Lin, Q., Zhuang, X., Cai, L.-L., Ruan, R.-S., Lu, Z.-X., Tzeng, C.-M., 2014. Structure, function, and pathogenesis of SHP2 in developmental disorders and tumorigenesis. *Curr Cancer Drug Targets* 14, 567–588. <https://doi.org/10.2174/1568009614666140717105001>
- Hunt, R., Sauna, Z.E., Ambudkar, S.V., Gottesman, M.M., Kimchi-Sarfaty, C., 2009. Silent (synonymous) SNPs: should we care about them? *Methods Mol Biol* 578, 23–39. https://doi.org/10.1007/978-1-60327-411-1_2
- Jensen, N.R., Kelly, R.R., Kelly, K.D., Khoo, S.K., Sidles, S.J., LaRue, A.C., 2023. From Stem to Sternum: The Role of Shp2 in the Skeleton. *Calcif Tissue Int* 112, 403–421. <https://doi.org/10.1007/s00223-022-01042-3>
- Jiang, M., Ye, J., Wang, X., Li, N., Wang, Y., Shi, Y., 2020. Phosphatase SHP1 impedes mesenchymal stromal cell immunosuppressive capacity modulated by JAK1/STAT3 and P38 signals. *Cell & Bioscience* 10, 65. <https://doi.org/10.1186/s13578-020-00428-w>
- Kamal, M.M., Mia, M.S., Faruque, M.O., Rabby, M.G., Islam, M.N., Talukder, M.E.K., Wani, T.A., Rahman, M.A., Hasan, M.M., 2024. In silico functional, structural and pathogenicity analysis of missense single nucleotide polymorphisms in human MCM6 gene. *Sci Rep* 14, 11607. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-62299-2>

- Kaneko, T., Saito, Y., Kotani, T., Ohnishi, H., Murata, Y., Yonemoto, Y., Okamura, K., Matozaki, T., Takagishi, K., 2012. OP0059 Importance of the protein tyrosine phosphatase SHP1 in dendritic cells for prevention of TH1 cell differentiation and autoimmunity: A potential target for the therapy. *Annals of the Rheumatic Diseases* 71, 73. <https://doi.org/10.1136/annrheumdis-2012-eular.1742>
- Kelley, L.A., Mezulis, S., Yates, C.M., Wass, M.N., Sternberg, M.J.E., 2015. The Phyre2 web portal for protein modeling, prediction and analysis. *Nat Protoc* 10, 845–858. <https://doi.org/10.1038/nprot.2015.053>
- Kelley, S.M., Ravichandran, K.S., 2021. Putting the brakes on phagocytosis: “don’t-eat-me” signaling in physiology and disease. *EMBO Rep* 22, e52564. <https://doi.org/10.15252/embr.202152564>
- Kinoshita, M., Kaneko, Y., Watanabe, M., Imai, Y., Shrestha, S., Suwa, J., Ohishi, Y., Hamatani, H., Nakasatomi, M., Sakairi, T., Ikeuchi, H., Nojima, Y., Hiromura, K., 2020. Op0306 Cd11c-Specific Ablation of Shp1 Induces Autoimmune Sialadenitis Similar to Sjögren’s Syndrome. *Annals of the Rheumatic Diseases* 79, 189–190. <https://doi.org/10.1136/annrheumdis-2020-eular.1044>
- Korzeniewski, S., Hofman, P., Brest, P., 2013. Des polymorphismes silencieux plutôt bruyants. *Med Sci (Paris)* 29, 124–126. <https://doi.org/10.1051/medsci/2013292003>
- Koskinen, C., Persson, E., Baldock, P., Stenberg, Å., Boström, I., Matozaki, T., Oldenborg, P.-A., Lundberg, P., 2013. Lack of CD47 Impairs Bone Cell Differentiation and Results in an Osteopenic Phenotype in Vivo due to Impaired Signal Regulatory Protein α (SIRP α) Signaling*. *Journal of Biological Chemistry* 288, 29333–29344. <https://doi.org/10.1074/jbc.M113.494591>
- Kumar, P., Joy, J., Pandey, A., Gupta, D., 2017. PRmePred: A protein arginine methylation prediction tool. *PLoS One* 12, e0183318. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0183318>
- LaRoche, J.R., Fodor, M., Xu, X., Durzynska, I., Fan, L., Stams, T., Chan, H.M., LaMarche, M.J., Chopra, R., Wang, P., Fortin, P.D., Acker, M.G., Blacklow, S.C., 2016. Structural and Functional Consequences of Three Cancer-Associated Mutations of the Oncogenic Phosphatase SHP2. *Biochemistry* 55, 2269–2277. <https://doi.org/10.1021/acs.biochem.5b01287>
- Lauriol, J., Jaffre, F., Kontaridis, M.I., 2015. The Role of the Protein Tyrosine Phosphatase SHP2 in Cardiac Development and Disease. *Semin Cell Dev Biol* 0, 73–81. <https://doi.org/10.1016/j.semcdb.2014.09.013>
- Leutert, M., Entwisle, S.W., Villén, J., 2021. Decoding Post-Translational Modification Crosstalk With Proteomics. *Molecular & Cellular Proteomics* 20. <https://doi.org/10.1016/j.mcpro.2021.100129>
- Liao, H., Niu, C., 2022. Role of CD47-SIRP α Checkpoint in Nanomedicine-Based Anti-Cancer Treatment. *Front. Bioeng. Biotechnol.* 10. <https://doi.org/10.3389/fbioe.2022.887463>
- Lim, S., Lee, K.W., Kim, J.Y., Kim, K.D., 2023. Consideration of SHP-1 as a Molecular Target for Tumor Therapy. *Int J Mol Sci* 25, 331. <https://doi.org/10.3390/ijms25010331>

- Lin, C.-C., Wieteska, L., Suen, K.M., Kalverda, A.P., Ahmed, Z., Ladbury, J.E., 2021. Grb2 binding induces phosphorylation-independent activation of Shp2. *Commun Biol* 4, 437. <https://doi.org/10.1038/s42003-021-01969-7>
- Liu, Y., Dai, Meng, Yang, PengHui, Cao, Li, and Lu, L., 2022. Src-homology domain 2 containing protein tyrosine phosphatase-1 (SHP-1) directly binds to proto-oncogene tyrosine-protein kinase Src (c-Src) and promotes the transcriptional activation of connexin 43 (Cx43). *Bioengineered* 13, 13534–13543. <https://doi.org/10.1080/21655979.2022.2079252>
- Liu, Y., Yang, X., Wang, Y., Yang, Y., Sun, D., Li, H., Chen, L., 2021. Targeting SHP2 as a therapeutic strategy for inflammatory diseases. *Eur J Med Chem* 214, 113264. <https://doi.org/10.1016/j.ejmech.2021.113264>
- Liu, Z., Cao, J., Ma, Q., Gao, X., Ren, J., Xue, Y., 2011a. GPS-YNO2: computational prediction of tyrosine nitration sites in proteins. *Mol. BioSyst.* 7, 1197–1204. <https://doi.org/10.1039/C0MB00279H>
- Liu, Z., Cao, J., Ma, Q., Gao, X., Ren, J., Xue, Y., 2011b. GPS-YNO2: computational prediction of tyrosine nitration sites in proteins. *Mol. BioSyst.* 7, 1197–1204. <https://doi.org/10.1039/C0MB00279H>
- Lussi, Y.C., Magrane, M., Martin, M.J., Orchard, S., UniProt Consortium, 2023. Searching and Navigating UniProt Databases. *Curr Protoc* 3, e700. <https://doi.org/10.1002/cpz1.700>
- López-Ruiz, P., Rodríguez-Ubreva, J., Cariaga, A.E., Cortes, M.A., Colás, B., 2011. SHP-1 in cell-cycle regulation. *Anticancer Agents Med Chem* 11, 89–98. <https://doi.org/10.2174/187152011794941154>
- Maeshima, K., Stanford, S.M., Hammaker, D., Sacchetti, C., Zeng, L., Ai, R., Zhang, V., Boyle, D.L., Muench, G.R.A., Feng, G.-S., Whitaker, J.W., Zhang, Z.-Y., Wang, W., Bottini, N., Firestein, G.S., 2016. Abnormal PTPN11 enhancer methylation promotes rheumatoid arthritis fibroblast-like synoviocyte aggressiveness and joint inflammation. *JCI Insight* 1. <https://doi.org/10.1172/jci.insight.86580>
- Mah, J.T.L., Low, E.S.H., Lee, E., 2011. In silico SNP analysis and bioinformatics tools: a review of the state of the art to aid drug discovery. *Drug Discovery Today* 16, 800–809. <https://doi.org/10.1016/j.drudis.2011.07.005>
- Mahmood Janlou, M.A., 2025. A comprehensive in silico analysis of structural and functional impacts of natural nonsynonymous SNPs in the ALDH2_HUMAN gene. *Egyptian Journal of Medical Human Genetics* 26, 13. <https://doi.org/10.1186/s43042-025-00638-2>
- Marasco, M., Berteotti, A., Weyershaeuser, J., Thorausch, N., Sikorska, J., Krausze, J., Brandt, H.J., Kirkpatrick, J., Rios, P., Schamel, W.W., Köhn, M., Carlomagno, T., 2020. Molecular mechanism of SHP2 activation by PD-1 stimulation. *Sci Adv* 6, eaay4458. <https://doi.org/10.1126/sciadv.aay4458>
- Markovics1*, A., Toth2, D.M., Glant1, T.T., Mikecz1, K., 2021. Commentary: Regulation of autoimmune arthritis by the SHP-1 tyrosine phosphatase. *Journal of Orthopedics and Orthopedic Surgery* 2.

- Matozaki, T., Murata, Y., Okazawa, H., Ohnishi, H., 2009. Functions and molecular mechanisms of the CD47-SIRP α signalling pathway. *Trends Cell Biol* 19, 72–80. <https://doi.org/10.1016/j.tcb.2008.12.001>
- Matsuda, K., 2017. Chapter Two - PCR-Based Detection Methods for Single-Nucleotide Polymorphism or Mutation: Real-Time PCR and Its Substantial Contribution Toward Technological Refinement, in: Makowski, G.S. (Ed.), *Advances in Clinical Chemistry*. Elsevier, pp. 45–72. <https://doi.org/10.1016/bs.acc.2016.11.002>
- Mi, D., Li, Y., Chen, Y., 2023. Small-molecule Modulators Targeting SHP2 for Cancer Therapy. *Anticancer Agents Med Chem* 23, 498–504. <https://doi.org/10.2174/1871520622666220921093052>
- Mishra, A.K., Zhang, A., Niu, T., Yang, J., Liang, X., Zhao, Z.J., Zhou, G.W., 2002. Substrate specificity of protein tyrosine phosphatase: Differential behavior of SHP-1 and SHP-2 towards signal regulation protein SIRP α 1. *J of Cellular Biochemistry* 84, 840–846. <https://doi.org/10.1002/jcb.10090>
- Myers, D.R., Abram, C.L., Wildes, D., Belwafa, A., Welsh, A.M.N., Schulze, C.J., Choy, T.J., Nguyen, T., Omaque, N., Hu, Y., Singh, M., Hansen, R., Goldsmith, M.A., Quintana, E., Smith, J.A.M., Lowell, C.A., 2020. Shp1 Loss Enhances Macrophage Effector Function and Promotes Anti-Tumor Immunity. *Front Immunol* 11, 576310. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2020.576310>
- Neel, B.G., Gu, H., Pao, L., 2003. The ‘Shp’ing news: SH2 domain-containing tyrosine phosphatases in cell signaling. *Trends in Biochemical Sciences* 28, 284–293. [https://doi.org/10.1016/S0968-0004\(03\)00091-4](https://doi.org/10.1016/S0968-0004(03)00091-4)
- Pan, J., Zhou, L., Zhang, C., Xu, Q., Sun, Y., 2022. Targeting protein phosphatases for the treatment of inflammation-related diseases: From signaling to therapy. *Sig Transduct Target Ther* 7, 1–24. <https://doi.org/10.1038/s41392-022-01038-3>
- Pao, L.I., Lam, K.-P., Henderson, J.M., Kutok, J.L., Alimzhanov, M., Nitschke, L., Thomas, M.L., Neel, B.G., Rajewsky, K., 2007. B cell-specific deletion of protein-tyrosine phosphatase Shp1 promotes B-1a cell development and causes systemic autoimmunity. *Immunity* 27, 35–48. <https://doi.org/10.1016/j.immuni.2007.04.016>
- Papatriantafyllou, M., 2013. T cells: maintaining T cell homeostasis. *Nat Rev Immunol* 13, 546–547. <https://doi.org/10.1038/nri3504>
- Salmond, R.J., Alexander, D.R., 2006a. SHP2 forecast for the immune system: fog gradually clearing. *Trends Immunol* 27, 154–160. <https://doi.org/10.1016/j.it.2006.01.007>
- Schwede, T., Kopp, J., Guex, N., Peitsch, M.C., 2003. SWISS-MODEL: an automated protein homology-modeling server. *Nucleic Acids Res* 31, 3381–3385. <https://doi.org/10.1093/nar/gkg520>
- Sharma, Y., Ahmad, A., Bashir, S., Elahi, A., Khan, F., 2016. Implication of protein tyrosine phosphatase SHP-1 in cancer-related signaling pathways. *Future Oncol* 12, 1287–1298. <https://doi.org/10.2217/fon-2015-0057>
- Shastri, B.S., 2007. SNPs in disease gene mapping, medicinal drug development and evolution. *J Hum Genet* 52, 871–880. <https://doi.org/10.1007/s10038-007-0200-z>
- Shp1 signalling is required to establish the long-lived bone marrow plasma cell pool | Nature Communications [WWW Document], n.d. URL <https://www.nature.com/articles/ncomms5273> (accessed 4.20.25).

- Simoneau, M., 2009. Rôles et régulation de la tyrosine phosphatase SHP-1 dans la prolifération des cellules épithéliales intestinales.
- Sinthuwiat, T., Buranapraditkun, S., Kamolvisit, W., Tongkobpetch, S., Chetruengchai, W., Srichomthong, C., Assawapitaksakul, A., Phokaew, C., Kueanjinda, P., Palaga, T., Boonpiyathad, T., Suphapeetiporn, K., Hirankarn, N., Shotelersuk, V., 2022. A LILRB1 variant with a decreased ability to phosphorylate SHP-1 leads to autoimmune diseases. *Sci Rep* 12, 15420. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-19334-x>
- Smith, M.J., Pastor, L., Newman, J.R.B., Concannon, P., 2021. Genetic Control of Splicing at SIRPG Modulates Risk of Type 1 Diabetes. *Diabetes* 71, 350–358. <https://doi.org/10.2337/db21-0194>
- Tartaglia, M., Martinelli, S., Stella, L., Bocchinfuso, G., Flex, E., Cordeddu, V., Zampino, G., Burgt, I. van der, Palleschi, A., Petrucci, T.C., Sorcini, M., Schoch, C., Foa, R., Emanuel, P.D., Gelb, B.D., 2006. Diversity and functional consequences of germline and somatic PTPN11 mutations in human disease. *Am J Hum Genet* 78, 279–290. <https://doi.org/10.1086/499925>
- Ubersax, J.A., Ferrell, J.E., 2007. Mechanisms of specificity in protein phosphorylation. *Nat Rev Mol Cell Biol* 8, 530–541. <https://doi.org/10.1038/nrm2203>
- UCSF Chimera Home Page [WWW Document], n.d. URL <https://www.cgl.ucsf.edu/chimera/> (accessed 6.10.25).
- Wang, C., Tan, X., Tang, D., Gou, Y., Han, C., Ning, W., Lin, S., Zhang, W., Chen, M., Peng, D., Xue, Y., 2022. GPS-Uber: a hybrid-learning framework for prediction of general and E3-specific lysine ubiquitination sites. *Briefings in Bioinformatics* 23, bbab574. <https://doi.org/10.1093/bib/bbab574>
- Wang, D., Liu, D., Yuchi, J., He, F., Jiang, Y., Cai, S., Li, J., Xu, D., 2020. MusiteDeep: a deep-learning based webserver for protein post-translational modification site prediction and visualization. *Nucleic Acids Research* 48, W140–W146. <https://doi.org/10.1093/nar/gkaa275>
- Wang, D., Zeng, S., Xu, C., Qiu, W., Liang, Y., Joshi, T., Xu, D., 2017. MusiteDeep: a deep-learning framework for general and kinase-specific phosphorylation site prediction. *Bioinformatics* 33, 3909–3916. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btx496>
- Wang, Q., Zhao, W.-C., Fu, X.-Q., Zheng, Q.-C., 2020. Exploring the Allosteric Mechanism of Src Homology-2 Domain-Containing Protein Tyrosine Phosphatase 2 (SHP2) by Molecular Dynamics Simulations. *Front Chem* 8, 597495. <https://doi.org/10.3389/fchem.2020.597495>
- Wang, W., Liu, L., Song, X., Mo, Y., Komma, C., Bellamy, H.D., Zhao, Z.J., Zhou, G.W., 2011a. Crystal Structure of Human Protein Tyrosine Phosphatase SHP-1 in the Open Conformation. *J Cell Biochem* 112, 2062–2071. <https://doi.org/10.1002/jcb.23125>
- Wang, W., Liu, L., Song, X., Mo, Y., Komma, C., Bellamy, H.D., Zhao, Z.J., Zhou, G.W., 2011b. Crystal Structure of Human Protein Tyrosine Phosphatase SHP-1 in the Open Conformation. *J Cell Biochem* 112, 2062–2071. <https://doi.org/10.1002/jcb.23125>
- Watson, H.A., Wehenkel, S., Matthews, J., Ager, A., 2016. SHP-1: the next checkpoint target for cancer immunotherapy? *Biochem Soc Trans* 44, 356–362. <https://doi.org/10.1042/BST20150251>

- Xie, Y., Luo, X., Li, Y., Chen, L., Ma, W., Huang, J., Cui, J., Zhao, Y., Xue, Y., Zuo, Z., Ren, J., 2018. DeepNitro: Prediction of Protein Nitration and Nitrosylation Sites by Deep Learning. *Genomics, Proteomics & Bioinformatics* 16, 294–306. <https://doi.org/10.1016/j.gpb.2018.04.007>
- Xu, D., Wang, S., Yu, W.-M., Chan, G., Araki, T., Bunting, K.D., Neel, B.G., Qu, C.-K., 2010. A germline gain-of-function mutation in Ptpn11 (Shp-2) phosphatase induces myeloproliferative disease by aberrant activation of hematopoietic stem cells. *Blood* 116, 3611–3621. <https://doi.org/10.1182/blood-2010-01-265652>
- Xu, H.Y., Yuan, Y.Y., Dai, P., 2019. [PTPN11 and the deafness]. *Lin Chuang Er Bi Yan Hou Tou Jing Wai Ke Za Zhi* 33, 830–834. <https://doi.org/10.13201/j.issn.1001-1781.2019.09.008>
- Xue, Y., Liu, Z., Gao, X., Jin, C., Wen, L., Yao, X., Ren, J., 2010. GPS-SNO: Computational Prediction of Protein S-Nitrosylation Sites with a Modified GPS Algorithm. *PLOS ONE* 5, e11290. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0011290>
- Yang, F., Wang, C., 2020. Profiling of post-translational modifications by chemical and computational proteomics. *Chem. Commun.* 56, 13506–13519. <https://doi.org/10.1039/D0CC05447J>
- Yang, H., Shao, R., Huang, H., Wang, X., Rong, Z., Lin, Y., 2019. Engineering macrophages to phagocytose cancer cells by blocking the CD47/SIRP α axis. *Cancer Med* 8, 4245–4253. <https://doi.org/10.1002/cam4.2332>
- Yang, J., Liu, L., He, D., Song, X., Liang, X., Zhao, Z.J., Zhou, G.W., 2003. Crystal Structure of Human Protein-tyrosine Phosphatase SHP-1 *. *Journal of Biological Chemistry* 278, 6516–6520. <https://doi.org/10.1074/jbc.M210430200>
- Zhang, D., Xu, Z.-C., Su, W., Yang, Y.-H., Lv, H., Yang, H., Lin, H., 2021. iCarPS: a computational tool for identifying protein carbonylation sites by novel encoded features. *Bioinformatics* 37, 171–177. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa702>
- Zhang, J., Somani, A.K., Yuen, D., Yang, Y., Love, P.E., Siminovitch, K.A., 1999. Involvement of the SHP-1 tyrosine phosphatase in regulation of T cell selection. *J Immunol* 163, 3012–3021.
- Zhang, J., Ye, C., Zhu, Y., Wang, J., Liu, J., 2023. The Cell-Specific Role of SHP2 in Regulating Bone Homeostasis and Regeneration Niches. *International Journal of Molecular Sciences* 24, 2202. <https://doi.org/10.3390/ijms24032202>
- Zhang, Y., Skolnick, J., 2005. TM-align: a protein structure alignment algorithm based on the TM-score. *Nucleic Acids Res* 33, 2302–2309. <https://doi.org/10.1093/nar/gki524>
- Zhang, Youting, Zhang, L., Chen, W., Zhang, Yuanyuan, Wang, X., Dong, Y., Zhang, W., Lin, X., 2021. Shp2 regulates PM2.5-induced airway epithelial barrier dysfunction by modulating ERK1/2 signaling pathway. *Toxicology Letters* 350, 62–70. <https://doi.org/10.1016/j.toxlet.2021.07.002>
- Zhang, Z.-Y., Zhou, B., Xie, L., 2002. Modulation of protein kinase signaling by protein phosphatases and inhibitors. *Pharmacol Ther* 93, 307–317. [https://doi.org/10.1016/s0163-7258\(02\)00199-7](https://doi.org/10.1016/s0163-7258(02)00199-7)
- Zhao, M.-X., Chen, Q., Li, F., Fu, S., Huang, B., Zhao, Y., 2023. Protein phosphorylation database and prediction tools. *Briefings in Bioinformatics* 24, bbad090. <https://doi.org/10.1093/bib/bbad090>

- Zhao, Q., Ma, J., Xie, F., Wang, Y., Zhang, Y., Li, H., Sun, Y., Wang, L., Guo, M., Han, K., 2021. Recent Advances in Predicting Protein S-Nitrosylation Sites. *Biomed Res Int* 2021, 5542224. <https://doi.org/10.1155/2021/5542224>
- Zhou, D., Collins, C.A., Wu, P., Brown, E.J., 2010. Protein tyrosine phosphatase SHP-1 positively regulates TLR-induced IL-12p40 production in macrophages through inhibition of phosphatidylinositol 3-kinase. *J Leukoc Biol* 87, 845–855. <https://doi.org/10.1189/jlb.0409289>
- Zhu, Y., Wu, Z., Yan, W., Shao, F., Ke, B., Jiang, X., Gao, J., Guo, W., Lai, Y., Ma, H., Chen, D., Xu, Q., Sun, Y., 2022. Allosteric inhibition of SHP2 uncovers aberrant TLR7 trafficking in aggravating psoriasis. *EMBO Molecular Medicine* 14, e14455. <https://doi.org/10.15252/emmm.202114455>
- Zhu, Z., Oh, S.Y., Cho, Y.S., Zhang, L., Kim, Y.-K., Zheng, T., 2010. Tyrosine phosphatase SHP-1 in allergic and anaphylactic inflammation. *Immunol Res* 47, 3–13. <https://doi.org/10.1007/s12026-009-8134-5>
- Tidow N, Kasper B, Welte K. SH2-containing protein tyrosine phosphatases SHP-1 and SHP-2 are dramatically increased at the protein level in neutrophils from patients with severe congenital neutropenia (Kostmann's syndrome). *Exp Hematol.* 1999 Jun 1 ; 27(6):1038–45.
- Varone A, Spano D, Corda D. Shp1 in Solid Cancers and Their Therapy. *Front Oncol.* 2020 Jun 11 ; 10:935.
- Li S, Qu J, Wang X, Zou Q, Li C. SHP2 is involved in the occurrence, development and prognosis of cancer. *Oncol Lett.* 2023 Sep 1;26(3):1–10.

Chapitre VII : ANNEXES

Chapitre 7 : ANNEXES

SHP1 Sauvage:

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFVLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHD
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (E15K)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAKTLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFVLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHD
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (E15G)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAGTLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFVLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHD
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs : (L28P)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFPARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLYG
GEKFATLTELVEYYTQQQGVLDQDRDGTIIHLKYPLNCSPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKGEP
WTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSTDLVEHFK
KTGIEEASGAFVYLRQPYYATRVNAADIENRVLELNKKQES EDTAKAGFWEEFESLQKQEVKNLH
QRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVLQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQG
CLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHD TT
EYKLR TLQV SPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGV PSEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCSA
GIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKKKL
EVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADKEK
SKGSLKRK

SHP1 SNPs: (R30Q)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLAQP SRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLDQDRDGTIIHLKYPLNCSPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYYATRVNAADIENRVLELNKKQES EDTAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVLQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHD T
TEYKLR TLQV SPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGV PSEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (I54N)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRNQN S GDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLDQDRDGTIIHLKYPLNCSPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYYATRVNAADIENRVLELNKKQES EDTAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVLQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHD T
TEYKLR TLQV SPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGV PSEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (A70E)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLDQDRDGTIIHLKYPLNCSPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKGE
PWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSTDLVEHFK
KTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQESD TAKAGFWEEFESLQKQEVKNLH
QRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
CLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHDTT
EYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCSA
GIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKKL
EVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADKEK
SKGSLKRK

SHP1 SNPs: (G91D)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLDQDRDDTIIHLKYPLNCSPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQESD TAKAGFWEEFESLQKQEVKNLH
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHD
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (P99A)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLDQDRDGTIIHLKYALNCSPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQESD TAKAGFWEEFESLQKQEVKNLH
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHD
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (P99L)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLDQDRDGTIIHLKYLLNCSPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHD
TEYKLRTLQVSPDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (D104N)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLDQDRDGTIIHLKYPLNCSNPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHD
TEYKLRTLQVSPDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (R286Q)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLDQDRDGTIIHLKYPLNCSPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSQVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHD
TEYKLRTLQVSPDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (V287M)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLDQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDSLTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRMLQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHD
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKGQSEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (D300N)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLDQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDSLTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRMLQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHD
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKGQSEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (N303S)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLDQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDSLTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRMLQGRDSNIPGSDYISANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
CLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHD
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKGQSEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADKEK
SKGSLKRK

SHP1 SNPs: (N305S)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDSLTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINASYIKNQLLGPDENAKTYIASQG
CLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHDTT
EYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCSA
GIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKKKL
EVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADKEK
SKGSLKRK

SHP1 SNPs: (A323T)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDSLTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYITSQG
CLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHDTT
EYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCSA
GIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKKKL
EVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADKEK
SKGSLKRK

SHP1 SNPs: (Q325H)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDSLTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASH
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHD
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (Q341P)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDSL TDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWPENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHT
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVSEPPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (E342G)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDSL TDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQNSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHT
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVSEPPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (R358W)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDSL TDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQNSRVIVMTTREVVEKGNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHT
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVSEPPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (K360R)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFVLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSLTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNRCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHD
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKGQSEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (R393H)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFVLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSLTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNRCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHD
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKGQSEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (R407Q)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFVLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSLTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNRCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHD
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIQEIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKGQSEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (D419N)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQESD TAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVLQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHDT
TEYKLR TLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPNHGVSEPPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKGQESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (V422A)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQESD TAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVLQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHDT
TEYKLR TLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGAPSEPPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKGQESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (P423L)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQESD TAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVLQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHDT
TEYKLR TLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVSEPPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKGQESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (P448A)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHDT
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVSEPPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGAIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRRK

SHP1 SNPs: (S454N)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHDT
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVSEPPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRRK

SHP1 SNPs: (S454R)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHDT
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVSEPPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCR
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRRK

SHP1 SNPs: (A455T)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDSLTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHDT
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
TGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKKK
LEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADKE
KSKGSLKR

SHP1 SNPs: (G456S)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDSLTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHDT
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
ASIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKKK
LEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADKE
KSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (G456D)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDSLTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHDT
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
ADIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs: (G458S)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHDT
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGISRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKKK
LEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADKE
KSKGSLKRK

SHP1 SNPs :(R459P)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHDT
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGPTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKKK
LEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADKE
KSKGSLKRK

SHP1 SNPs :(D467N)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFSLSVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDLSDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVILQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHDT
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVINMLMENISTKGLDCDIDIQTIQMVRAQRSGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQGESEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRK

SHP1 SNPs :(R495C)

>sp|P29350|PTN6_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN6 PE=1 SV=1

MVRWFHRDLSGLDAETLLKGRGVHGSFLARPSRKNQGDFLSVVRVGDQVTHIRIQNSGDFYDLY
GGEKFATLTELVEYYTQQQGVLQDRDGTIIHLKYPLNCSDPTSERWYHGHMSGGQAETLLQAKG
EPWTFLVRESLSQPGDFVLSVLSQPKAGPGSPLRVTHIKVMCEGGRYTVGGLETFDSLTDLVEHF
KKTGIEEASGAFVYLRQPYATRVNAADIENRVLELNKKQSEDTAKAGFWEEFESLQKQEVKNL
HQRLEGQRPENKGNRYKNILPFDHSRVLQGRDSNIPGSDYINANYIKNQLLGPDENAKTYIASQ
GCLEATVNDFWQMAWQENSRVIVMTTREVVEKGRNKCVPYWPEVGMQRAYGPYSVTNCGEHD
TEYKLRTLQVSPLDNGDLIREIWHYQYLSWPDHGVPEPGGVLSFLDQINQRQESLPHAGPIIVHCS
AGIGRTGTIIVIDMLMENISTKGLDCDIDIQKTIQMVRAQCSCGMVQTEAQYKFIYVAIAQFIETTKK
KLEVLQSQKQSEYGNITYPPAMKNAHAKASRTSSKHKEDVYENLHTKNKREEKVKKQRSADK
EKSKGSLKRRK

SNPs SHP2 (A16T)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVETENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (A16G)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEGENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (R32M)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLAMPKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDL
YGGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEK
GKHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDL
VEHYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQE
CKLLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPK
KSYIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
VKESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHHKQESIMD
AGPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQRSGMVQTEAQYRFIYMAV
QHYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVG
LMQQQKSFR

SNPs SHP2 (G39R)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGV DGSFLARPSKSNPRDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (S44C)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGV DGSFLARPSKSNPGDFTLCVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDL
YGGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEK
GKHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDL
VEHYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQEK
CKLLYSRKEGQRQENKKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPK
KSYIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
VKESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMD
AGPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAV
QHYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVG
LMQQQKSFR

SNPs SHP2 (V51A)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGV DGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAATHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (H53N) :

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTNIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQKSFR

SNPs SHP2 (H53Y)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTYIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQKSFR

SNPs SHP2 (H53D)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTDIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQKSFR

SNPs SHP2 (H53Q)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTQIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (I54F)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHFKIQNTGDYYDL
YGGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEK
GKHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDL
VEHYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQE
CKLLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPK
KSYIATQGCLQNTVND FWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
VKESAAHDYTLRELKLSKVGQNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMD
AGPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAV
QHYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVG
LMQQQKSFR

SNPs SHP2 (I54N)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHNKIQNTGDYYDL
YGGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEK
GKHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDL
VEHYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQE
CKLLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPK
KSYIATQGCLQNTVND FWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
VKESAAHDYTLRELKLSKVGQNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMD
AGPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAV
QHYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVG
LMQQQKSFR

SNPs SHP2 (I54M)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHMKIQNTGDYYDL
YGGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEK
GKHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDL
VEHYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQE
CKLLYSRKEGQRQENKKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPK
KSYIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRN
VKESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHHKQESIMD
AGPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAV
QHYIETLQRRIIEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVG
LMQQQKSFR

SNPs SHP2 (K55E)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIEIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIIEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (I56F)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKFQNTGDYYDL
YGGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEK
GKHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDL
VEHYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQE
CKLLYSRKEGQRQENKKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPK
KSYIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRN
VKESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHHKQESIMD
AGPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAV
QHYIETLQRRIIEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVG
LMQQQKSFR

SNPs SHP2 (I56N)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKNQNTGDYYDL
YGGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEK
GKHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDL
VEHYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQE
CKLLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPK
KSYIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRN
VKESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHHKQESIMD
AGPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAV
QHYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVG
LMQQQKSFR

SNPs SHP2 (I56T)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKTQNTGDYYDL
YGGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEK
GKHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDL
VEHYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQE
CKLLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPK
KSYIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRN
VKESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHHKQESIMD
AGPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAV
QHYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVG
LMQQQKSFR

SNPs SHP2 (G60R)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTRDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G60S)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTSDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G60C)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTCDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G60V)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTVDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G60A)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTADYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (D61A)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGAYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (D61V)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGVYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (D61G)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGGYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (D64V)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYVLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (D64G)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYGLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (L65Q)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDQ
YGGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEK
GKHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDL
VEHYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQE
CKLLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNKPK
KSYIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRN
VKESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMD
AGPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAV
QHYYETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVG
LMQQQKFSR

SNPs SHP2 (L65P)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDPY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKFSR

SNPs SHP2 (Y66H)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLH
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKFSR

SNPs SHP2 (G67E)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
EGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFAQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G67A)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
AGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFAQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G67V)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
VGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFAQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G68R)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GREKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMV FQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G68W)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GWEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMV FQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G68E)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GEEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMV FQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G68A)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GAEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (E69K)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGKKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (E69G)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGKKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (F71I)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKIATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFAQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (F71L)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKLATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFAQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (F71V)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKVATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFAQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (A72D)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFDTLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMV FQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (A72G)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFGTLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMV FQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (T73P)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFAPLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMV FQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (L74F)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATFAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (E76G)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAGLVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (L77F)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAEFVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (Y81N)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYNMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (Y81D)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYDMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G93R)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNRDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G93A)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNADVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G93V)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNVDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (I96S)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVSELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (I96T)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVTELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKFSR

SNPs SHP2 (L98P)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIEPKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKFSR

SNPs SHP2 (L98H)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIEHKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKFSR

SNPs SHP2 (P101A)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYALNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (P101T)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYTLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (P101S)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYSLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKS

SNPs SHP2 (P101H)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYHLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEETFELQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (Y279S)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEETFELQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRSKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (I282T)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEETFELQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNLTPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKK
SYIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (D286H)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFHHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (D286V)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFVHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (R289G)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTGVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (R289S)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTSVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (V290D)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRDVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (V290A)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRAVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2(D303Y)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2(Y304N)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDNINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (Y304H)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDHINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (Y304D)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDDINANIMPEFETKCNNSKPKK
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (I305N)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYNNANIMPEFETKCNNSKPKK
SYIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (I305M)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYMNANIMPEFETKCNNSKPKK
SYIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (N306K)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYIKANIIMPEFETKCNNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (I328T)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSKPKKS
YTATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (Y304H)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDHINANIIMPEFETKCNNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (Y304D)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDDINANIMPEFETKCNNSKPKK
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (I305N)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYNNANIMPEFETKCNNSKPKK
SYIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (I305M)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYMNANIMPEFETKCNNSKPKK
SYIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (N306K)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYIKANIIMPEFETKCNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (I328T)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNSKPKKS
YTATQGCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G332A)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNSKPKKS
YIATQAQLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G332D)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGV DGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
 GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
 KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
 HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
 LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
 YIATQDCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
 KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVVHHKQESIMDA
 GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
 HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
 MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G332V)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGV DGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
 GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
 KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
 HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
 LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
 YIATQVCLQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
 KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVVHHKQESIMDA
 GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
 HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
 MQQQKSFR

SNPs SHP2 (L334Q)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGV DGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
 GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
 KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
 HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
 LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
 YIATQGCQQNTVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
 KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVVHHKQESIMDA
 GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
 HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
 MQQQKSFR

SNPs SHP2 (T337K)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNKVNDFWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQKSFR

SNPs SHP2 (M344V)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNVK
ESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHHKQESIMDAG
PVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQH
YIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGLM
QQQKSFR

SNPs SHP2 (M344I)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRIVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNVK
ESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHHKQESIMDAG
PVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQH
YIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGLM
QQQKSFR

SNPs SHP2 (Q347K)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFKENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQKSFR

SNPs SHP2 (Q347R)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFRENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNVK
ESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHHKQESIMDAG
PVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQH
YIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGLM
QQQKSFR

SNPs SHP2 (M355T)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFNENSRVIVTTTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNVK
ESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHHKQESIMDAG
PVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQH
YIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGLM
QQQKSFR

SNPs SHP2 (T357R)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGV DGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTRKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (T357M)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGV DGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTMKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (E361Q)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGV DGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVQRGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ

HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (P372S)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGV DGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWSDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (R413K)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGV DGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTEKTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (W423C)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGV DGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTCPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (P424A)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWADHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMD
AGPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQM VRSQRS GMVQTEAQYRFIYMAV
QH YIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVG
LMQQQKSFR

SNPs SHP2 (P424S)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWSDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQM VRSQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (P424T)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWTDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQM VRSQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (P424R)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMV FQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWRDHGVPSPDGGVLD FLEEVH HKQESIMD
AGPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAV
QH YIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVG
LMQQQKSFR

SNPs SHP2 (P424L)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMV FQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWLDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G427S)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMV FQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHSPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G427R)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMV FQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHRVPSDPGGVLD FLEE VHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G427C)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMV FQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHCVPSDPGGVLD FLEE VHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G427A)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMV FQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHCVPSDPGGVLD FLEE VHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G427V)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHV VPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQM VRSQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (V428M)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGMPSPDPGGVLD FLEEVH HKQESIMD
AGPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQM VRSQRS GMVQTEAQYRFIYMAV
QHYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVG
LMQQQKSFR

SNPs SHP2 (V428E)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGEPSPDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQM VRSQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (V428A)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGGPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (V428G)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGGPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (P429A)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVASDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMD
AGPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAV
QHUIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVG
LMQQQKSFR

SNPs SHP2 (P429S)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMV FQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVSSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQM VRSQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (P429T)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMV FQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVTS DPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQM VRSQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (P429H)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMV FQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVHSD PGGVLD FLEEVH HKQESIMD
AGPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQM VRSQRS GMVQTEAQYRFIYMAV
QH YIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVG
LMQQQKSFR

SNPs SHP2 (P429R)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVRSDPGGVLDLFLEEVVHHKQESIMD
AGPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAV
QHYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVG
LMQQQKFSR

SNPs SHP2 (P429L)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVLSDPGGVLDLFLEEVVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKFSR

SNPs SHP2 (P432H)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDHGGVLDLFLEEVVHHKQESIMD
AGPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAV
QHYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVG
LMQQQKFSR

SNPs SHP2 (P432R)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDRGGVLDLFEEVHHKQESIMD
AGPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAV
QHYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVG
LMQQQKFR

SNPs SHP2 (V435G)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGGLDFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKFR

SNPs SHP2 (L436V)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVDFEEVHHKQESIMD
AGPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAV
QHYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVG
LMQQQKFR

SNPs SHP2 (L436P)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVPDFLEEVVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (L436Q)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVQDFLEEVVHHKQESIMD
AGPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQRSGMVQTEAQYRFIYMAV
QHYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVG
LMQQQKSFR

SNPs SHP2 (V457L)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVVHHKQESIMDA
GPVVLHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (V457M)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVMHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (V457E)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVEHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (V457A)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVAHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (V457G)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVGHCASAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQK SFR

SNPs SHP2 (H458N)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVNCASAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQK SFR

SNPs SHP2 (H458P)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVPCASAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQK SFR

SNPs SHP2 (H458Q)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVQCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (C459Y)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHYSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (S460N)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCNAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (S460R)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCRAIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIIEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (A461P)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSPGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIIEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (A461S)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSSGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIIEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (A461G)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMV FQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSGGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (A461V)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMV FQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSVGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (I463N)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMV FQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGNGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIK YSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (I463S)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGSGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G464S)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGISRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G464C)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGICRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G464D)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIDRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G464A)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIARTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (G464V)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIVRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (R465G)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEETFELQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGGTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIIEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKFSR

SNPs SHP2 (R465W)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEETFELQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGWTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIIEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKFSR

SNPs SHP2 (R465P)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEETFELQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGPTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIIEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSQDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKFSR

SNPs SHP2 (R465L)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGLTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (R465Q)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGQTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (T466R)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRRGTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (T466I)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFNQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRIGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQH
YIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGLM
QQQKSFR

SNPs SHP2 (G467R)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFNQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTRTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQKSFR

SNPs SHP2 (G467E)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFNQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTETTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTS GDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQKSFR

SNPs SHP2 (G467E)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTETTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (T468P)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGPFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (T468K)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGKFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (T468R)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFAQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGRFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (T468M)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFAQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGMFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (D473N)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFAQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHKKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVINILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (D473H)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIHILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (D473V)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIVILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (D489G)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIGVPKTIQMVRSSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (D489A)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIAPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (D489V)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTS GDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (D489E)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVS DYINANIIMPEFETKCNN SKPKKS
YIATQGCLQNTVND FWRMVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLD FLEEVH HKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIEVPKTIQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ

HYIETLQRRIIEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (I494F)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGV DGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTFQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIIEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (I494N)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGV DGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTNQMVR SQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIIEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (V497E)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGV DGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMERSQRS GMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIIEEQKSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (R498G)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVGSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (R498Q)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVQSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (R498P)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSPKPKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHVKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVPSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKSRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (Q500P)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFAQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSPRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (R501G)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFAQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQGSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (R501K)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGVDGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEFETLQQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNNSPKKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVFAQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDLIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQKSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQSKRKGHEYTNIKYSLADQTSGDQSPLPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQQKSFR

SNPs SHP2 (Y542C)

>sp|Q06124|PTN11_HUMAN Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 11 OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=PTPN11 PE=1 SV=3

MTSRRWFHPNITGVEAENLLLTRGV DGSFLARPSKSNPGDFTLSVRRNGAVTHIKIQNTGDYYDLY
GGEKFATLAELVQYYMEHHGQLKEKNGDVIELKYPLNCADPTSERWFHGHLSGKEAEKLLTEKG
KHGSFLVRESQSHPGDFVLSVRTGDDKGESNDGKSKVTHVMIRCQELKYDVGGGERFDSLTDLVE
HYKKNPMVETLGTVLQLKQPLNTTRINAAEIESRVRELSKLAETTDKVKQGFWEETFELQQECK
LLYSRKEGQRQENKNKNRYKNILPFDHTRVVLHDGDPNEPVSDYINANIIMPEFETKCNNSKPKKS
YIATQGCLQNTVNDFWRMVVFQENSRVIVMTTKEVERGKSKCVKYWPDEYALKEYGVMRVRNV
KESAAHDYTLRELKLSKVGQGNTERTVWQYHFRTWPDHGVPSDPGGVLDLFLEEVHHKQESIMDA
GPVVVHCSAGIGRTGTFIVIDILIDIIREKGVDCDIDVPKTIQMVRSQRSGMVQTEAQYRFIYMAVQ
HYIETLQRRIEEEEQKSKRKGHECTNIKYSLADQTSGDQSPLPPCTPTPPCAEMREDSARVYENVGL
MQQKSFR

