

RILogo:

RILogo tworzy interakcje RNA-RNA dla dwóch RNA. Danymi wejściowymi mogą być zarówno dwie pojedyncze sekwencje jak i dwie wielokrotne sekwencje z objaśnieniem wewnętrznych lub międzymolekularnych par zasad pomiędzy dwoma łańcuchami RNA. RILogo wyświetla podobne bądź identyczne sekwencje dla każdego RNA i zachowanie struktur poprzez wzajemne informacje nt. drugorzędowych struktur tych par zasad. RILogo obsługuje cztery różne metody obliczania wspólnych części łańcuchów.

RNALogo:

RNALogo prezentuje nowatorską graficzną reprezentację wzorców w dopasowanej sekwencji RNA z jednakową strukturą. Kilka istotnych cech, w tym zachowania sekwencji, dopasowania struktur oraz informacji o miejscach sparowanych par zasad mogą być ujawnione w ramach dopasowania sekwencji RNA i jednakowej jego struktury drugorzędowej RNA. Narzędzie internetowe jest również rozwinięte, aby zapewniało szybkie, skuteczne i wysoce konfigurowalne generowanie graficznych przedstawień dopasowań i podobieństw sekwencyjnych. Została również wbudowana galeria RNALogo dla rodzin Rfam RNA. Użytkownicy mogą przeglądać wykresy RNALogo w tej galerii w celu uzyskania dalszych perspektyw znanych rodzin RNA.

forna:

forna to narzędzie do wizualizacji drugorzędowych struktur RNA, które jest funkcjonalne, łatwe w obsłudze i piękne. Pozwala to na wyświetlanie i edycję drugorzędowej struktury RNA bezpośrednio w przeglądarce bez konieczności instalowania jakiegokolwiek oprogramowania.

XRNA:

XRNA to oparty na Javie komplet narzędzi do tworzenia, objaśniania oraz wyświetlania diagramów drugorzędowych struktur RNA.

XRNA dostarcza edytujące narzędzia do prostych modyfikacji opublikowanych diagramów cech drugorzędowych, które mogą być zarówno szkicowane ręcznie, jak i generowane automatycznie. Do innych możliwości możemy zaliczyć grupowanie, numerowanie oraz objaśnianie struktur. Struktury drugorzędowe XRNA mogą być zapisywane w natywnym formacie lub eksportowane jako podskrypty do drukowania i późniejszych modyfikacji w programach takich jak Adobe Illustrator.

R-CHIE:

R-chie pozwala wykonać diagramy łukowe drugorzędowych struktur RNA, co znacznie ułatwia porównanie dwóch struktur. Umożliwia również wyświetlenie dopasowania par zasad w kolorze, odpowiadających dopasowań wielosekwencyjnych czy też informacji korelacji sekwencji. R-Chie jest zasilane przez R4RNA - pakiet R, który jest dostępny do pobrania i użytku lokalnego.

RNAbows:

RNAbows oferuje 4 rodzaje łuków (RNAbows) do wizualizacji obliczeniowych funkcji:

1. Podstawowe pary są oznaczane jako łuki, których grubość i odcień jest proporcjonalna do ich prawdopodobieństwa.
2. Całość funkcji kolorowana jest na czarno z czerwonym wyróżnieniem par MFE (Minimum Free Energy).
3. Porównywanie dwóch dominujących grup zgięć po wcześniejszym podzieleniu funkcji.
4. Wyróżnienie różnic pomiędzy zgięciami dwóch sekwencji tej samej długości

PseudoViewer:

Wizualizacja struktur drugorzędowych i pseudowęzłów RNA jest podstawowym narzędziem systemów bioinformatycznych służących do analizy struktur RNA.

Jednakże, wiele systemów bioinformatycznych wykorzystuje rozmaite dane strukturalne oraz niezgodne elementy oprogramowania, zatem integracja składników oprogramowania w system może być utrudniona przez ich wzajemną niezgodność. W PseudoViewer opracowano nową usługę internetową XML i aplikację internetową do wizualizacji struktur drugorzędowych z pseudowęzłem. Wyniki badań pokazują, że serwis internetowy PseudoViewer i aplikacja są przydatne do rozwiązywania wielu problemów niekompatybilności elementów oprogramowania, a także do wizualizacji dużych struktur drugorzędowych RNA z elementem dowolnego typu pseudowęzła.