

	RNALogo	forna	R-chie	RNAbows	PseudoViewer	Varna
formaty wprowadzania danych wejściowych	4 (flat, fasta, clustalw stockholm)	4 (kropkowo-nawiasowy, PDB, MMCIF, JSON)	4 (kropkowo-nawiasowy, connect, bpseq, helix)	4 (plain, FASTA, GenBank, RNAstructure)	6 (kropkowo-nawiasowy, Paired Positions, Multiple sequences, bpseq, ct, PseudoBase)	1 (kropkowo-nawiasowy)
instrukcja wprowadzania danych	+	+	+	+	+	-
przejrzystość wizualizacji	spada wraz ze wzrostem skomplikowania struktury	+	+	+	+	+
możliwe formaty zapisu	5 (SVG, JPG, PNG, TIF, PDF)	3 (SVG, PNG, JSON)	2 (PNG, PDF)	3 (PDF, SVG, EPS)	5 (EPS, PNG, GIF, SVG, Bracket view)	8 (PG, JPEG, EPS, SVG, XFIG, CT, BPSEQ, DBN (Vienna))
możliwości edytowania wizualizacji	-	+	-	-	-	+
pseudowęzły	-	+	+	-	+	+
możliwości kolorowania	+	+	+	-	-	+
aplikacja internetowa	+	+	+	+	+	-
aplikacja desktopowa	-	+	+	-	+	+
ilość błędów*	4	2	3	4	2	2

*ilość białek, które okazały się być problemem dla danej aplikacji