

RLogo:

RLogo tworzy diagram przedstawiający interakcje między dwoma niemi RNA. Danymi wejściowymi mogą być zarówno dwie pojedyncze sekwencje, jak i dwa dopasowania wielosekwencyjne z objaśnieniem wewnętrznego lub międzymolekularnego parowania zasad pomiędzy tymi dwoma łańcuchami RNA. RLogo wyświetla podobne sekwencje i struktury dla dowolnego RNA dzięki informacjom na temat części wspólnych drugorzędowych struktur tych łańcuchów. RLogo 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 zachowanie sekwencji, dopasowanie struktur oraz informacje o miejscach sparowanych par zasad, może być ujawnione w ramach dopasowania sekwencji RNA i jednakowej jego struktury drugorzędowej. Narzędzie internetowe jest tak 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 przeprowadzenia dalszych analiz znanych rodzin RNA.

forna:

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

XRNA:

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

XRNA dostarcza narzędzia do prostych modyfikacji opublikowanych diagramów cech drugorzędowych, które mogą być zarówno szkicowane ręcznie, jak i generowane automatycznie. Do innych możliwości XRNA możemy zaliczyć grupowanie, numerowanie oraz objaśnianie struktur. Struktury drugorzędowe XRNA mogą być zapisywane w natywnym formacie lub eksportowane jako podsłupy 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. Pary zasad są łączone łukami, których grubość i odcień są proporcjonalne 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.