

Resources



These pages include a curated set of bioinformatics and data resources that have been compiled by members of the International Arabidopsis Informatics Consortium (IAIC) and curators at TAIR. This is not a comprehensive list; if you know of a resource that you think should be included, please [send us an email](#).

Search within these pages for Arabidopsis community bioinformatics tools and data resources. You can use labels for data types such as 'proteomics' or 'gene_expression' or actions such as data submission or data analysis.

Browse by subject portals

[Epigenomics Resources](#)

[Education and Outreach Resources](#)

[General Databases](#)

[Gene Expression/Transcriptomics Resources](#)

[Metabolomics Resources](#)

[Mutant and Mapping Resources](#)

[Proteomics Resources](#)

[Stock Centers \(DNA, Seeds, other Physical Resources\)](#)

Or you can **browse** the list of resources **based on tags**.

A-C

[advocacy](#)
[analytics](#)
[arabidopsis](#)
[bioinformatics](#)
[cis_elements](#)
[clones](#)
[comparative_genomics](#)
[covid_19](#)

D-E

[data_analysis](#)
[data_management](#)
[data_repository](#)
[data_sets](#)
[data_submission](#)
[data_visualization](#)
[dataset](#)
[dna_methylation](#)
[dna_stocks](#)
[education_outreach](#)
[epigenomics](#)

F-L

[fair](#)
[gene](#)
[gene_annotation](#)
[gene_expression](#)
[gene_ontology](#)
[general](#)
[genomics](#)
[governance](#)
[gwas](#)
[illustrations](#)
[interactome](#)

M-O

[mapping](#)
[metabolomics](#)
[metadata](#)
[methylation](#)
[microarray](#)
[mirna](#)
[mutants](#)
[natural_variation](#)
[nomenclature](#)
[ontologies](#)
[organization](#)

P-Q

[phenotypes](#)
[phylogenomics](#)
[plant_transformation](#)
[plasmids](#)
[polymorphisms](#)
[post_translational_modification](#)
[promoter](#)
[proteomics](#)
[protocols](#)
[publications](#)

R


[reagents](#)
[rna_seq](#)

S

[seed_stocks](#)
[seeds](#)
[sequence](#)
[single_cell](#)
[small_rna](#)
[software](#)
[standards](#)
[stock_center](#)
[structures](#)
[synteny](#)

T-Z

[term_enrichment](#)
[tf_binding_sites](#)
[transcription_factor_binding_sites](#)
[transcriptomics](#)
[variants](#)

 Unknown macro: 'hideelements-macro'