

# 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\\_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-R

[phenotypes](#)  
[phylogenomics](#)  
[polymorphisms](#)  
[post\\_translational\\_modification](#)  
[promoter](#)  
[proteomics](#)  
[protocols](#)  
[publications](#)  
[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'