

PDB – dysponuje bardzo rozbudowaną wyszukiwarką, która daje aż 8 opcji wyszukiwania. Są to wyszukiwania za pomocą kategorii (organizm, typ polimeru, systematyka itp.), sekwencji, ligand, białek modyfikowanych przez leki, nieopublikowanych i ostatnich haseł, komentarzy, statystyk oraz zaawansowanych metod względem kategorii. Ta bardzo bogata różnorodność możliwości wyszukiwania informacji daje szansę na znalezienie ich znacznie szybciej i łatwiej, gdy np. posiadamy tylko część informacji.

PDBe – dysponuje znacznie bardziej ubogą w funkcje wyszukiwarką, w której możemy jedynie wpisywać m.in. id genu, organizm, nazwę białka, czy nazwę genu, ale także autora badań. Posiada 38 głównych kategorii, z których najczęściej korzystamy w trakcie wyszukiwania (np. gatunek, typ molekuły, nazwy genów, autorów itd.), co czyni ją funkcjonalną, lecz mniej przejrzystą.

PDBj – posiada 14 wyszukiwarek, które dają możliwość wyszukiwania za pomocą, m.in. autora, id białka, nazwy białka, daty zdeponowania, daty wydania, jak również wyszukiwanie związków o podobnych strukturach, czy obrazów 3D białek. Posiada również kategorię wielkich struktur, które przekraczają limit oryginalnego formatu plików PDB, ale są publikowane jako jeden plik w formacie PDBx, bądź XML, po to aby nie dzielić ich na kilka wpisów, co znacznie utrudniałoby pracę.