

**PDB:** Zakładka depozytowania podzielona jest na 2 kategorie – opcje depozytu oraz dokumentację. W pierwszej znajdziemy kolejne etapy depozytowania danych tj. przygotowanie danych (głównie zapisanie plików we właściwym formacie), walidację danych (wymagana jest ocena jakości danych i porównanie ich do archiwalnych struktur), depozytowanie struktur makromolekularnych w 3D do PDB oraz mocno rozwiniętą pomoc. Każda informacja jest odnośnikiem do zewnętrznej, właściwej strony do konwersji plików, bądź zapisu danych na serwer.

Jest najlepiej rozbudowaną bazą pod względem deponowania danych oraz intuicyjności obsługi.

**PDBe:** W odnośniku do depozytów znajdziemy 2 zakładki - depozytowanie struktur makromolekularnych w 3D do PDB oraz EM (obrazów elektromikroskopowych) do bazy EMDB, walidację danych oraz notkę prawną odnośnie systemu depozytowania. Obie zakładki prowadzą do oddzielnych stron, na których zapisujemy na serwerach bazy kolejno zebrane dane i ich udokumentowanie - walidację.

Dostępna jest również pomoc dotycząca depozytowania danych.

**PDBj:** W pomocy znajdziemy odnośniki do poszczególnych stron na których uzyskamy pomoc, zdeponujemy dane, czy dokumentację. Jest to zdecydowanie najłatwiej rozbudowana baza w porównaniu z wcześniejszymi.

Wszystkie bazy w celu depozytowania danych przenoszą na serwery **wwPDB OneDep System** jednakże na różne strony w zależności od lokalizacji – strona PDB obsługuje region obu Ameryk oraz Australii i Oceanii, PDBe Europy, Afryki oraz Rosji, natomiast PDBj pozostałej części Azji. Strona do zamieszczania udokumentowań (walidacji) prac jest jednakowa dla wszystkich baz. Również wszystkie bazy przenoszą nas do głównej strony wwPDB z pomocą.