

Scores_2

Die paarweisen Scores in der BLOSUM 62-Matrix für die aliphatischen Aminosäuren sind:

	Ile	Leu	Val
Ile	4	2	3
Leu	2	4	1
Val	3	1	4

Da sämtliche Scores positiv sind, lässt sich ableiten, dass sich diese Aminosäuren gut substituieren können.

Die paarweisen Scores für die aromatischen Aminosäuren lauten:

	Phe	Trp	Tyr	His
Phe	6	1	3	-1
Trp	1	11	2	-2
Tyr	3	2	7	2
His	-1	-2	2	8

Mit Ausnahme von Kombinationen mit His weist diese Gruppe ebenfalls nur positive Scores auf. Es ist daher ebenfalls anzunehmen, dass sich diese Aminosäuren gut ersetzen können. His ist im Gegensatz zu den anderen aromatischen Aminosäuren positiv geladen. Diese Eigenschaft wird sicherlich zu den inhomogenen Scorewerten beitragen.

Den höchsten Score liefert das Alignment Trp-Trp. Tryptophan ist eine selten vorkommende, komplexe Aminosäure. Deswegen wird ihr Auftreten in einem Alignment mit hohem Score bewertet. Dies bewirkt, dass ein Vorkommen von Trp-Residuen das paarweise und multiple Ausrichten von Sequenzen deutlich beeinflusst.