

V předložené práci studujeme interpretaci forezních DNA směsí z pohledu teorie pravděpodobnosti a matematické statistiky. Provádíme detailní matematickou formulaci dané problematiky, což nám umožňuje formulovat matematicky přesné a konzistentní výsledky. Zabýváme se vyhodnocováním dané evidence prostřednictvím věrohodnostního poměru, který porovnává dvě hypotézy dané genotypy známých přispěvovatelů a počtem neznámých přispěvovatelů do směsi DNA. Dále rozebíráme případ strukturované populace, přičemž provádíme důkladnou revizi vzorců pro homozygotní a heterozygotní genotypy, jejich zobecněné varianty a dále věty pro výpočet pravděpodobnosti, že předpokládaný počet náhodně vybraných jedinců vysvětluje danou genetickou evidenci.