

Tato práce se věnuje konečným směsím a klade si za cíl představit čtenáři použití metody maximální věrohodnosti pro odhad modelu směsi. K tomu využije EM algoritmus, který je v práci detailně zaveden a odvozen. Pro obecný model směsi popíše oba dva kroky algoritmu, E-kroku a M-kroku, a také výpočet nových odhadů části parametrů reprezentující model. Pro specifickou rodinu normálních směsí jsou pak odvozeny explicitní vzorce pro iteraci EM algoritmu. Popsaná teorie je pak aplikována na modelu produkce cytokinu interleukin 10 při napadení člověka paradontózou, díky kterému je názorně ukázána využitelnost modelu v praxi. Na závěr je pak na odhad modelu směsi navázáno teorií shlukování, zabývající se rozřazování prvků do skupin. Podobně jako předchozí teorie je také ilustrována na výše zmíněném modelu produkce cytokinu IL10.