

La evolución futura de los apellidos. Una modelización con cadenas de Markov no homogéneas^(*)

Jesús Bouso Freijo

Centro de investigaciones Sociológicas

María Cristina González Fidalgo

Instituto Nacional de Estadística

Resumen

El presente trabajo analiza la evolución futura de los apellidos en España bajo diferentes supuestos, tomando como punto de partida las modificaciones incluidas en el nuevo Proyecto de Ley del Registro Civil acerca del modo de transmisión de los apellidos de padres a hijos. Esta evolución se modeliza con cadenas de Markov en tiempo discreto no homogéneas temporalmente, utilizando datos de la distribución actual de los apellidos obtenidos de la explotación estadística del Padrón que elabora el Instituto Nacional de Estadística (INE). Los resultados, tanto asintóticos como empíricos, demuestran que el recurso al orden alfabético como modo de decisión podría alterar significativamente la distribución futura de los apellidos en función de la frecuencia con que se utilice.

Palabras clave: cadenas de Markov, estacionariedad, apellidos

Clasificación AMS: 60J10

The evolution in the future of surnames. A model with nonhomogeneous markov chains

Abstract

This paper analyzes the evolution in the future of the surnames in Spain considering different hypothesis. We take the possible changes in the way of transmission of surnames from parents to children in Spain included in the new

^(*) Los autores quieren agradecer a los evaluadores anónimos de este artículo sus valiosas aportaciones.

Las opiniones expresadas en el artículo corresponden exclusivamente a sus autores sin que coincidan, de modo necesario, con las de las instituciones a las que pertenecen.

Civil Registration Act as a starting point. The tool used for this purpose are discrete time inhomogeneous Markov chains. We have used data from the current distribution of family names from the Register of residents published by the Spanish Statistical Institute. The theoretical and empirical results prove that the use of alphabetical order could significantly modify the future distribution of surnames.

Keywords: markov chains, stationarity, surnames

AMS classification: 60J10

1. INTRODUCCIÓN

El objetivo de este trabajo es presentar un modelo de la forma de transmisión de los apellidos de padres a hijos que englobe diferentes escenarios, con especial atención a las modificaciones en esta materia incluidas en el nuevo Proyecto de Ley de Registro Civil.

La motivación inicial para este estudio fue el reciente Proyecto de Ley del Registro Civil, que en la versión aprobada por Consejo de Ministros el 23 de julio de 2010, establecía en su artículo 49 las pautas para determinar la composición de los apellidos. En concreto, se proponía que los padres decidieran el orden de los apellidos de sus hijos y, en caso de desacuerdo, el orden se determinara atendiendo al orden alfabético¹.

Posteriormente, el referido Proyecto de Ley ha sido remitido por el Congreso de los Diputados al Senado, cuya Comisión de Justicia ha elevado al Presidente del Senado su Dictamen sobre el mismo con fecha 21 de junio de 2011. En lo que se refiere al citado artículo 49, el Proyecto de Ley ha sufrido modificaciones sustantivas y del mismo se ha eliminado el procedimiento de elección de apellidos basado en el orden alfabético para los casos de desacuerdo. En su lugar, la nueva redacción establece que, en caso de desacuerdo, el Encargado del Registro Civil requerirá a los progenitores para que en el plazo de tres días comuniquen el orden de los apellidos y, en otro caso, el citado Encargado decidirá el orden de los apellidos atendiendo al interés superior del menor².

¹ Más precisamente, el mencionado artículo 49 establecía que la filiación determina los apellidos, y lo hace atendiendo a los siguientes criterios:

- Si la filiación está determinada por ambas líneas, el padre y la madre de común acuerdo podrán decidir el orden de los apellidos.
- En caso de desacuerdo o cuando no se hayan hecho constar los apellidos en la solicitud de inscripción, el Encargado del Registro Civil determinará el orden de los apellidos según su orden alfabético.
- En los supuestos de nacimiento con una sola filiación reconocida, ésta determina los apellidos. El progenitor podrá determinar el orden de los apellidos.
- El orden de los apellidos establecido para la primera inscripción de nacimiento determina el orden para la inscripción de los posteriores nacimientos con idéntica filiación.

² La nueva redacción del punto segundo de los indicados en la npp 1 es la siguiente:

- En caso de desacuerdo o cuando no se hayan hecho constar los apellidos en la solicitud de inscripción, el Encargado del Registro Civil requerirá a los progenitores, o a quienes ostenten la representación legal del menor, para que en el plazo máximo de tres días comuniquen el orden de apellidos. Transcurrido dicho plazo sin comunicación expresa, el Encargado acordará el orden de los apellidos atendiendo al interés superior del menor.

Este proyecto normativo ha puesto sobre la mesa el debate acerca del futuro de la distribución de los apellidos y ha merecido la atención de los autores, motivando este análisis estadístico.

Hasta ahora, el artículo 109 del Código Civil fijaba que los padres, de común acuerdo, podrían decidir el orden de transmisión de su respectivo primer apellido a sus hijos, antes de la inscripción registral. Si no se ejercitaba esta opción regía el orden dispuesto en la ley, que no era otro que el tradicional (primer apellido del padre seguido del primer apellido de la madre)³.

A partir de una modelización de la transición entre generaciones a través de la utilización de cadenas de Markov con probabilidades de transición no estacionarias (no homogéneas temporalmente) este estudio analiza el futuro de los apellidos según diferentes supuestos, en función tanto de la propia estructura legal que finamente se adopte como de las decisiones de los ciudadanos en esta materia dentro de lo permitido en dicho marco legal.

El artículo queda estructurado del modo siguiente: el apartado dos introduce el marco teórico del modelo a utilizar, el tercer epígrafe detalla el modo de aplicación de dicho modelo a este estudio y estudia su comportamiento asintótico. Por su parte, en el apartado cuarto se exponen los resultados empíricos obtenidos, mientras que en el quinto se enumeran las conclusiones.

2. MARCO TEÓRICO: LAS CADENAS DE MARKOV NO HOMOGÉNEAS

2.1. Breve introducción del modelo

Se denomina proceso estocástico en tiempo discreto sobre un espacio de probabilidad (Ω, A, P) a cualquier sucesión de variables aleatorias⁴ $\{X_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ definidas en (Ω, A, P) .

Una cadena de Markov es un proceso estocástico en tiempo discreto con la propiedad de que el estado en que se encuentra el proceso en una etapa determinada depende únicamente del estado en que se encontraba en la etapa anterior.

Formalmente⁵, una cadena de Markov en tiempo discreto se define como un proceso estocástico en tiempo discreto que cumple las dos siguientes propiedades:

- a) Cada una de las variables aleatorias es discreta, es decir, toma valores dentro de un conjunto finito o numerable E , que denominaremos espacio de estados.

³ Hay que señalar que, tanto el marco legal en vigor como el que puede derivar de la aprobación de la nueva Ley del Registro Civil, otorgan a los hijos el derecho, una vez alcanzada la mayoría de edad, al cambio de orden de sus apellidos.

⁴ A lo largo de este artículo, \mathbb{N} denotará al conjunto de los números naturales.

⁵ Entre los tratados estadísticos clásicos que abordan la cuestión de las cadenas de Markov, resultan especialmente recomendables Isaacson y Madsen (1976), Kemeny y Snell (1976) y Shiryaev (1996). Una excelente introducción a las cadenas de Markov puede hallarse también en Vélez (1977), mientras que en Howard (1971) se da una introducción al caso no homogéneo.

b) Las variables aleatorias verifican la condición de Markov:

$$P(X_{n+1} = j | X_0 = i_0, X_1 = i_1, \dots, X_n = i) = P(X_{n+1} = j | X_n = i) \quad [1]$$

$$\forall n \in \mathbb{N}, \forall i_0, i_1, \dots, i, j \in E$$

Para la completa especificación de una cadena de Markov es preciso conocer:

a) El espacio de estados E : Para los objetivos de este artículo nos será suficiente restringirnos a un espacio de estados finito $E = \{1, 2, \dots, L\}$

b) Las probabilidades de transición, o probabilidades de pasar, en la etapa n , de un estado i a otro estado j , ambos pertenecientes a E , es decir:

$$P(X_{n+1} = j | X_n = i) = p_{ij}^{(n)}, \quad \forall i, j \in E, \forall n \in \mathbb{N} \quad [2]$$

Cuando el espacio de estados E es finito, dichas probabilidades de transición suelen presentarse, para cada etapa n , en forma de una matriz $L \times L$, que denominaremos matriz de transición y denotaremos $P^{(n)}$.

$$P^{(n)} = \begin{bmatrix} p_{11}^{(n)} & p_{12}^{(n)} & \dots & p_{1L}^{(n)} \\ p_{21}^{(n)} & p_{22}^{(n)} & \dots & p_{2L}^{(n)} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ p_{L1}^{(n)} & p_{L2}^{(n)} & \dots & p_{LL}^{(n)} \end{bmatrix} \quad [3]$$

La matriz de transición $P^{(n)}$ es estocástica, esto es, cumple:

$$p_{ij}^{(n)} \geq 0, \quad \forall i, j \in E \quad \forall n \in \mathbb{N} \quad \text{y} \quad \sum_{j \in E} p_{ij}^{(n)} = 1 \quad \forall i \in E \quad \forall n \in \mathbb{N} \quad [4]$$

Hay que hacer notar que, con frecuencia, el estudio de las cadenas de Markov se restringe a un tipo particular de dichas cadenas: las que tienen probabilidades de transición estacionarias, es decir, las que cumplen:

$$p_{ij}^{(n)} = P(X_{n+1} = j | X_n = i) = P(X_{m+1} = j | X_m = i) = p_{ij}^{(m)}, \quad \forall m, n \in \mathbb{N} \quad \forall i, j \in E \quad [5]$$

Cuando las probabilidades de transición son estacionarias, la matriz de transición no depende de la etapa del proceso en la que nos hallemos y, por lo tanto, es siempre la misma matriz P , independientemente de n . Este hecho simplifica considerablemente el análisis de la estructura de la cadena. Desafortunadamente, las cadenas de Markov que trataremos en este trabajo no cumplen esta condición de homogeneidad en el tiempo, por lo que hemos de tener en cuenta la variación temporal de las probabilidades de transición.

c) La distribución inicial de la cadena, que refleja desde dónde se mueve el proceso o, dicho de otro modo, qué probabilidades existen inicialmente de encontrarnos en cada uno de los estados de E. Se suele denotar con un vector del modo siguiente:

$$p^{(0)} = (p_1^{(0)}, p_2^{(0)}, \dots, p_i^{(0)}, \dots, p_L^{(0)}), \text{ donde } P_i^{(0)} = P(X_0 = i) \quad [6]$$

Por supuesto, se cumple que $p_i^{(0)} \geq 0, \forall i \in E$ y $\sum_{i \in E} p_i^{(0)} = 1$

Es decir, que E representa dónde se mueve el proceso, $P^{(n)}$ cómo se mueve en la etapa n y $p^{(0)}$ desde dónde parte su movimiento en la primera etapa.

Como ya se ha señalado, este estudio utilizará cadenas de Markov que no cumplen la condición de homogeneidad en el tiempo. Los análisis pioneros de estas cadenas fueron realizados por Kolmogorov (1936) y Doeblin (1937), que analizaron su ergodicidad y su comportamiento asintótico, llegando a conjeturar sin demostración resultados de convergencia bajo ciertos supuestos. Los hallazgos de estos primeros trabajos se basan en el establecimiento de hipótesis acerca del comportamiento de los elementos de la matriz de transición en cualquier etapa n. Posteriormente, Blackwell (1945) probó algunos de esos resultados. La ergodicidad fue de nuevo analizada en el trabajo de Hajnal (1956) y en Dobrushin (1956) quedó establecido el teorema central del límite para cadenas de Markov no homogéneas. En un pasado más reciente se han obtenido resultados de convergencia adicionales en Cohn (1976) y Cohn (1981). En este último se estudia de nuevo el artículo de Doeblin⁶.

En el marco anterior se pueden obtener expresiones para las probabilidades más características asociadas a la sucesión de variables aleatorias que forman la cadena de Markov $\{X_n\}_{n \in \mathbb{N}}$. Para ello, únicamente necesitamos utilizar las matrices de transición entre etapas $P^{(n)}$ y la distribución inicial de la cadena $p^{(0)}$.

- Distribución marginal de la variable aleatoria X_n . Para cada etapa n y cada estado i, representa la probabilidad de que en la etapa n la cadena esté en el estado i, es decir las probabilidades:

$$p_i^{(n)} = P(X_n = i) \quad \forall i \in E \quad \forall n \in \mathbb{N} \quad [7]$$

Aplicando la fórmula de la probabilidad total, dichas probabilidades resultan ser:

$$p_i^{(n+1)} = P(X_{n+1} = i) = \sum_{j \in E} P(X_n = j) P(X_{n+1} = i | X_n = j) = \sum_{j \in E} p_j^{(n)} p_{ji}^{(n)} \quad [8]$$

⁶ En Cohn (1976) puede hallarse una introducción al caso no homogéneo. Por su parte, en Sonin (2008), se realiza un interesante análisis del recorrido histórico seguido por las cadenas de Markov no homogéneas en tiempo, así como de los problemas abiertos en la actualidad en este ámbito. También en Seneta (1973) puede hallarse una perspectiva histórica del caso no homogéneo.

Relación que vectorialmente se puede expresar como:

$$p^{(n+1)} = p^{(n)}p^{(n)} = p^{(n-1)}p^{(n-1)}p^{(n)} = \dots = p^{(0)}p^{(0)}p^{(1)} \dots p^{(n)} \quad [9]$$

• Probabilidades de transición entre la etapa m y la n . Las matrices $P^{(n)}$ proporcionan las probabilidades de transición para el paso de la etapa n a la $n+1$. Supongamos ahora que deseamos conocer las probabilidades de transición de la etapa m a la etapa n , con $m < n$. Denotaremos a la matriz de tales probabilidades como $P^{(m,n)}$. Siguiendo un razonamiento análogo al utilizado en el apartado anterior, dicha matriz se puede calcular como:

$$p^{(m,n)} = p^{(m)}p^{(m+1)} \dots p^{(n-1)} \quad [10]$$

y sus elementos vendrán dados por

$$p_{ij}^{(m,n)} = P(X_n = j | X_m = i) \quad [11]$$

Se deduce trivialmente de [10] que la ecuación clásica de Chapman-Kolmogorov en el caso no homogéneo queda:

$$p^{(m,n)} = p^{(m,r)}p^{(r,n)}, \quad \forall m < r < n \quad [12]$$

De este modo, las distribuciones marginales se pueden calcular en función de la distribución inicial como:

$$p^{(n)} = p^{(0)}p^{(0,n)} \quad \forall n \in N \quad [13]$$

3. ANÁLISIS DE LA EVOLUCIÓN DE LOS APELLIDOS A TRAVÉS DE CADENAS DE MARKOV NO HOMOGÉNEAS

3.1 Breve recorrido histórico por el análisis de la extinción de apellidos a través de procesos estocásticos

Hasta donde conocen los autores, el problema de la evolución de los apellidos tratado a través de cadenas de Markov no homogéneas no ha sido estudiado en el pasado. Sin embargo, desde el siglo XIX, se ha abordado un problema afín: el problema de la extinción de familias. Dicho de otro modo, el problema de la extinción del apellido ostentado por una familia concreta⁷. El francés I.J. Bienaymé fue el primer estadístico del que se tiene constancia que consideró este problema, en 1845⁸.

Paralelamente a Bienaymé, los investigadores británicos Francis Galton y Henry William Watson estudiaron de modo propio el problema de la propagación de los apellidos, publicando sus resultados en Galton y Watson (1874), entre otros documentos.

⁷ Un recorrido histórico por el estudio de este problema puede encontrarse en Kendall (1966).

⁸ En Heyde y Seneta (1972) se lleva a cabo un estudio del análisis llevado a cabo por Bienaymé.

Su modo de abordar la cuestión queda perfectamente reflejado en la formulación de su ya clásico Problema 4001⁹. Éste considera una población con M varones adultos en la que, en cada generación, el a_0 por ciento de los varones adultos no tiene hijos varones que alcancen la vida adulta, el a_1 por ciento tiene un hijo varón que llega a adulto, el a_2 tiene dos y así sucesivamente hasta el a_5 por ciento que tiene 5. El problema plantea, en esas circunstancias, dos cuestiones:

- i ¿Qué proporción de los apellidos se ha extinguido tras r generaciones?
- ii ¿En cuántos casos el mismo apellido será compartido por m personas?

Para su análisis se introdujeron los denominados procesos de Galton-Watson y los procesos de ramificación (*branching processes*), que son una generalización de los anteriores. Un proceso de ramificación no es más que un proceso de Markov que modeliza una población en la cual cada individuo de una generación n produce un número aleatorio de individuos en la generación $n+1$, de acuerdo con una distribución de probabilidad fija que no varía entre individuos. Estos procesos son de hecho cadenas de Markov homogéneas, donde los diferentes estados son el número de descendientes en una generación cualquiera¹⁰.

Si bien Galton y Watson realizaron grandes avances en la investigación del Problema 4001, la solución definitiva al mismo llegó bastante más tarde –en 1930– de la mano de J.F. Steffensen. Este matemático demostró, entre otras cosas, que la probabilidad de extinción de una familia (del apellido que comparte dicha familia) depende del número medio de hijos de cada individuo (con la notación anterior, de la cantidad $r = a_1 + 2a_2 + 3a_3 + \dots$). Si $r \leq 1$ la probabilidad de que un apellido familiar se extinga es 1 y si $r > 1$, dicha probabilidad de extinción tomará un valor entre 0 y 1¹¹.

Con posterioridad a 1930 se realizaron algunas aportaciones al problema, ya de menor entidad y se realizaron cálculos empíricos basados en datos reales, principalmente del U.S. Census Bureau¹².

Como ya se ha puntualizado, el tratamiento clásico de problemas ligados a la extinción de apellidos o de familias concretas, utiliza procesos de Markov homogéneos en el tiempo. Concretamente, cadenas de Markov en las cuales la transición entre estados depende de las probabilidades de procrear un determinado número de hijos y no varía de generación en generación.

El enfoque de este artículo es totalmente distinto puesto que considera que la variable clave en el análisis no es el número de hijos de cada individuo, que se considera constante, sino la forma de transmisión de los apellidos de padres a hijos, que en el tratamiento clásico se consideraba fija y aquí es variable. Además, en este trabajo se trata la cuestión desde una perspectiva no homogénea. Como se verá en los próximos

⁹ En Kendall (1966) se analiza en profundidad este problema.

¹⁰ En Grinstead y Snell (2006) se presenta una excelente introducción a los procesos de ramificación.

¹¹ La demostración puede hallarse en Steffensen (1930).

¹² El lector interesado puede consultar Albertsen (1995).

apartados, en esta ocasión se consideran estados las posibles iniciales de los apellidos (del primer apellido, más concretamente) y, por tanto, la transición entre etapas dependerá de las proporciones de individuos en la etapa anterior, con la consiguiente heterogeneidad en el tratamiento temporal. No se tendrán en cuenta en este estudio las probabilidades de procrear, pues se fija que cada individuo tendrá un único hijo¹³.

3.2 Especificaciones del modelo

Sea la variable aleatoria discreta $\{X_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ = “posición en el alfabeto de la inicial del primer apellido de un individuo cualquiera de la generación n , para cada $n \in \mathbb{N}$ ”. Por su parte, el espacio de estados $E = \{1, 2, \dots, 27\}$, estará formado por la posición alfabética de las 27 letras del alfabeto español¹⁴, es decir, las posibles iniciales de primeros apellidos existentes en la población.

Así, con la notación introducida en el apartado anterior, la distribución marginal de la variable aleatoria $\{X_n\}_{n \in \mathbb{N}}$ vendrá dada por el vector $p^n = (p_1^{(n)}, p_2^{(n)}, \dots, p_{27}^{(n)})$, en el cual $p_i^{(n)} = P(X_n = i)$, $i = 1, \dots, 27, n \in \mathbb{N}$ representa la probabilidad de que el primer apellido de un individuo de la generación n comience por la letra de posición i -ésima en el alfabeto.

En particular, consideraremos como distribución inicial de la cadena, es decir, como vector que contiene las probabilidades existentes inicialmente de encontrarnos en cada uno de los estados de E , a la distribución de la primera letra del primer apellido en la población residente en España a 1 de enero de 2009.

$$p^{(0)} = (p_1^{(0)}, p_2^{(0)}, \dots, p_{27}^{(0)}), \text{ donde } p_i^{(0)} = P(X_0 = i), \quad [14]$$

La tabla 1 del Anexo muestra las frecuencias de dicha distribución inicial.

Para nuestro modelo consideramos la población de individuos de una generación n y suponemos que cada individuo de la población tiene un solo descendiente. En la generación $n+1$, asumiremos que cada individuo habrá sido sustituido por su descendiente y por tanto la población estará compuesta por el mismo número de elementos.

Supondremos también que los dos progenitores de una persona de una determinada generación pertenecen a la generación anterior.

Cabe preguntarse si la hipótesis de que cada individuo de una generación tiene un solo descendiente podría inducir a sesgos. Es cierto que quizá en ciertos grupos sociales los hábitos reproductivos son distintos, lo que bien pudiera dar lugar a que los apellidos de

¹³ Es decir, cada pareja tendrá dos hijos, lo que mantiene constante el tamaño poblacional a lo largo de las sucesivas generaciones.

¹⁴ En la Tabla 1 del Anexo se enumeran las 27 letras, así como sus frecuencias absolutas y relativas en la población residente en España a 1 de enero de 2009. En adelante, se aludirán las letras del alfabeto indistintamente por su nombre o por su posición ordinal del 1 al 27.

los individuos pertenecientes a esos presuntos grupos se extendieran o, por el contrario, tendieran a disminuir de modo rápido. Sin embargo, resulta difícil creer que, el potencial sesgo que de esta circunstancia se derivase, pudiera afectar a la distribución de los apellidos por inicial, que es lo que se considera en este trabajo. De este modo, esta suposición resulta, en este caso, suficientemente realista para no desvirtuar en absoluto los resultados obtenidos en el estudio y, por lo demás, se enmarca en las limitaciones a la hora de capturar toda la complejidad de la realidad que no son ajenas a ninguna modelización matemática.

Bajo las condiciones anteriores, las variables aleatorias consideradas son discretas y cumplen la condición de Markov, es decir, que la inicial del primer apellido de un individuo de la generación $n+1$, sólo depende de las iniciales de los primeros apellidos de sus progenitores, pertenecientes a la generación n .

También tomamos como hipótesis que el orden alfabético de los apellidos puede o no respetarse a la hora de la transmisión de padres a hijos¹⁵. En particular, contemplamos la situación que establecía el Proyecto de Ley del Registro Civil en su versión de julio de 2010. Es decir que el primer apellido del descendiente se elegiría por común acuerdo de los progenitores entre el primer apellido de la madre y el primer apellido del padre y, en caso de conflicto u omisión en la cumplimentación de los formularios pertinentes, se recurriría al orden alfabético.

Para calcular el modo en que evoluciona el proceso, o dicho de otro modo, para hallar la distribución marginal del mismo en cada etapa $p^n = (p_1^{(n)}, p_2^{(n)}, \dots, p_{27}^{(n)})$, resulta necesario diferenciar entre esas distribuciones marginales, que son las probabilidades no aleatorias de pertenencia para una etapa n a cada inicial y las proporciones aleatorias de personas que, en la generación n , tendrán realmente la inicial i . Las primeras son números, mientras que las segundas son variables aleatorias. Denotemos estas variables aleatorias por:

$$Y^{(n)} = (Y_1^{(n)}, Y_2^{(n)}, \dots, Y_L^{(n)}) \quad [15]$$

Es decir, que $Y_i^{(n)}$ representa a la variable aleatoria “proporción de personas de la población que, en la generación n , tienen la inicial i -ésima en su primer apellido”.

De este modo resulta claro que, para una población en estudio de tamaño M y para una generación n , la variable aleatoria L -dimensional:

$$(MY_1^{(n)}, MY_2^{(n)}, \dots, MY_L^{(n)}) \quad [16]$$

representa el número de personas cuyos primeros apellidos comienzan por cada letra del alfabeto en la generación n .

Las variables aleatorias $MY_j^{(n)}$ se pueden expresar como suma de L binomiales, del modo siguiente:

¹⁵ Véase más adelante en este apartado la forma en que se modelizan las desviaciones del orden alfabético.

$$MY_j^{(n+1)} = \sum_{i=1}^L MY_{ij}^{(n+1)} \tag{17}$$

donde $MY_{ij}^{(n+1)}$ sigue una distribución binomial $B(MY_i^{(n)}, q_{ij}^{(n)})$, donde las variables aleatorias $Y_{ij}^{(n+1)}$ denotan la proporción de descendientes con inicial j de individuos de la generación n-ésima con inicial i. En realidad, para cualquier $i=1, \dots, L$, el vector aleatorio $(MY_{i1}^{(n+1)}, MY_{i2}^{(n+1)}, \dots, MY_{iL}^{(n+1)})$ tiene distribución multinomial, de parámetros $MY_i^{(n)}$ y $(q_{i1}^{(n)}, q_{i2}^{(n)}, \dots, q_{iL}^{(n)})$.

Cada una de las anteriores binomiales tendrá como número de experimentos a realizar $MY_i^{(n)}$ es decir, la cantidad de personas de la generación n cuyo primer apellido comienza por la letra i; en cuanto a las probabilidades de éxito $q_{ij}^{(n)}$, éstas no son más que la probabilidad de que el primer apellido del descendiente de una de esas personas empiece por j. Calculemos pues esas probabilidades, $q_{ij}^{(n)}$ teniendo en cuenta las posiciones relativas de i y j.

En el momento de la asignación del primer apellido a un individuo de la generación n+1 por parte de sus progenitores, pertenecientes a la generación n, pueden darse dos casos: que el primer apellido del padre (denotado como Padre) sea anterior por orden alfabético al primer apellido de la madre (denotado como Madre) o viceversa.

En el primer caso, que denotaremos como Padre < Madre, entendiendo como “<” el ser anterior en el orden alfabético, se tomará la decisión de asignar como primer apellido el de la madre con una probabilidad que denominaremos f y la decisión contraria en el resto de casos, con probabilidad 1-f.

Si el apellido de la madre es anterior alfabéticamente al del padre, Madre < Padre, se tomará la decisión de asignar como primer apellido el del padre con una probabilidad que denominaremos m y la decisión contraria en el resto de los casos, con probabilidad 1-m.

Se consideran f y m, por tanto, las probabilidades de tomar la decisión contraria a la marcada por el orden alfabético.

Podemos resumir la situación en el esquema siguiente:

Situación	Apellidos del descendiente
Padre < Madre	Madre Padre, con probabilidad f
	Padre Madre, con probabilidad 1-f
Madre < Padre	Padre Madre, con probabilidad m
	Madre Padre, con probabilidad 1-m

Así, en función de f y m , las variables aleatorias $q_{ij}^{(n)}$ se pueden expresar, dependiendo de las posiciones relativas de i y j , del modo siguiente:

- Si $i < j$, es decir, si el descendiente tiene un apellido con la inicial j -ésima, posterior en el orden alfabético a la de su progenitor:

$$q_{ij}^{(n)} = \frac{1}{2} f Y_j^{(n)} + \frac{1}{2} m Y_j^{(n)} = \frac{1}{2} (f + m) Y_j^{(n)} = k Y_j^{(n)} \quad [18]$$

sin más que aplicar la fórmula de la probabilidad total. De forma detallada, la probabilidad de que el apellido de un individuo de la generación $n+1$ comience por la letra j -ésima, siendo que el apellido de su progenitor (de la generación n) comenzaba por la letra i -ésima, anterior alfabéticamente, se calcula como: la probabilidad de que el progenitor sea hombre ($1/2$) multiplicada por la probabilidad de que se escogiera el apellido de la madre en contra del orden alfabético (f) y por la probabilidad de que el apellido de la madre comience por la letra j -ésima (expresada por $Y_j^{(n)}$) por una parte; y, por otra parte, la probabilidad de que el progenitor sea mujer ($1/2$) multiplicada por la probabilidad de que se escogiera el apellido del padre en contra del orden alfabético (m) y por la probabilidad de que el apellido del padre comience por la letra j -ésima (nuevamente $Y_j^{(n)}$)¹⁶.

- Si $i > j$, es decir, si el descendiente tiene un apellido con la inicial j -ésima, anterior en el orden alfabético a la de su progenitor:

$$q_{ij}^{(n)} = \frac{1}{2} (1 - f) Y_j^{(n)} + \frac{1}{2} (1 - m) Y_j^{(n)} = \frac{1}{2} (2 - f - m) Y_j^{(n)} = (1 - k) Y_j^{(n)} \quad [19]$$

aplicando de nuevo la fórmula de la probabilidad total. De forma detallada, la probabilidad de que el apellido de un individuo de la generación $n+1$ comience por la letra j -ésima, siendo que el apellido de su progenitor (de la generación n) comenzaba por la letra i -ésima, posterior alfabéticamente, se calcula como: la probabilidad de que el progenitor sea hombre ($1/2$) multiplicada por la probabilidad de que se escogiera el apellido del padre en consonancia con el orden alfabético ($1-f$) y por la probabilidad de que el apellido de la madre comience por la letra j -ésima (expresada por $Y_j^{(n)}$) por una parte; y, por otra parte, la probabilidad de que el progenitor sea mujer ($1/2$) multiplicada por la probabilidad de que se escogiera el apellido de la madre siguiendo el orden alfabético ($1-m$) y por la probabilidad de que el apellido del padre comience por la letra j -ésima ($Y_j^{(n)}$).

¹⁶ Como ya se ha comentado, el Proyecto de Ley del Registro Civil obliga a que los diferentes hijos de unos mismos progenitores sean registrados con el mismo orden de apellidos. En nuestro modelo, cada pareja ha de tener dos descendientes y no se tiene en cuenta el que ambos descendientes compartirán el orden de sus apellidos. Esta circunstancia no desvirtúa el modelo pues, para cada par de letras i y j , la distribución del orden de los apellidos de los descendientes en la generación $n+1$ de las parejas de la generación n que tengan apellidos que comienzan por i y j no varía aunque dichos apellidos se hereden en "grupos" de dos.

Como se puede observar en las fórmulas anteriores, la dependencia de los parámetros m y f sólo se produce a través de $m+f$, luego podemos denotar como $k = \frac{m+f}{2}$.

• Cuando $i=j$, se pueden calcular los $q_{ij}^{(n)}$ haciendo uso de la fórmula de la probabilidad total, considerando el sistema completo de L sucesos “progenitores con las iniciales j y l ”, para $l=1, \dots, 27$ y el suceso “descendiente con inicial j ”:

$$q_{ii}^{(n)} = \sum_{l=1}^{i-1} k Y_l^{(n)} + Y_i^{(n)} + \sum_{l=i+1}^L (1-k) Y_l^{(n)} \quad [20]$$

Sin más que expresar la proporción $Y_i^{(n)}$ por 1 menos las proporciones para el resto de letras y operar:

$$q_{ii}^{(n)} = 1 - (1-k) \sum_{l=1}^{i-1} Y_l^{(n)} - k \sum_{l=i+1}^L Y_l^{(n)} \quad [21]$$

Una vez conocidas las $q_{ij}^{(n)}$ abordamos el problema del cálculo de las distribuciones marginales del proceso $p_j^{(n+1)}$, que no son más que las esperanzas de las variables aleatorias $Y_j^{(n+1)}$:

$$p_j^{(n+1)} = E[Y_j^{(n+1)}] = E_{Y^{(n)}} [E[Y_j^{(n+1)} | Y^{(n)}]] = \frac{1}{M} E_{Y^{(n)}} \left[E \left[\sum_{i=1}^L B(MY_i^{(n)}, q_{ij}^{(n)}) \right] \right], \quad [22]$$

utilizando propiedades elementales de la esperanza condicionada. Aplicando la linealidad de la esperanza, sustituyendo por su valor en las distribuciones binomiales y teniendo en cuenta los valores de $q_{ij}^{(n)}$ calculados en [18], [19] y [21]:

$$\begin{aligned} p_j^{(n+1)} = E_{Y^{(n)}} & \left[\sum_{i=1}^{j-1} Y_i^{(n)} k Y_j^{(n)} + \sum_{i=j+1}^L Y_i^{(n)} (1-k) Y_j^{(n)} + Y_j^{(n)} - \right. \\ & \left. - (1-k) Y_j^{(n)} \sum_{i=1}^{j-1} Y_i^{(n)} - k Y_j^{(n)} \sum_{i=j+1}^L Y_i^{(n)} \right] \end{aligned} \quad [23]$$

Ahora bien, para el cálculo de las esperanzas de los productos $E[Y_i^{(n)} Y_j^{(n)}]$ únicamente disponemos de una herramienta de aproximación: las distribuciones multinomiales $(MY_{i1}^{(n+1)}, MY_{i2}^{(n+1)}, \dots, MY_{iL}^{(n+1)})$, con $i=1, \dots, L$. El problema estriba en que los cálculos basados en dichas distribuciones resultan inabordables. En particular, las citadas esperanzas de productos implican a la vez a diversas distribuciones multinomiales de las anteriores, lo que, en principio, supone un obstáculo insalvable para la resolución del problema por esta vía, puesto que ignoramos la distribución conjunta de $Y_{ij}^{(n+1)}$ e

$Y_{kl}^{(n+1)}$ cuando $i \neq k$.

Una posibilidad para salvar el escollo anterior es recurrir al vector aleatorio $(MY_1^{(n)}, MY_2^{(n)}, \dots, MY_L^{(n)})$, ya introducido, que representa la proporción de personas de la población que, en la generación n-ésima, tienen cada una de las iniciales en su primer apellido. Supondremos que, para una realización del experimento, este vector aleatorio tiene distribución multinomial de parámetros M y $(p_1^{(n)}, p_2^{(n)}, \dots, p_{27}^{(n)})$.

En realidad, desde una perspectiva estrictamente teórica, este hecho no es del todo cierto, puesto que dada una realización del experimento y una etapa n , las probabilidades que rigen la proporción de individuos con cada inicial vienen dadas por la evolución concreta de la cadena en las etapas anteriores para esa realización y no por la esperanza de dichas proporciones para la generación n . Sin embargo, dado que el tamaño de la población española es muy grande en relación al del espacio de estados, a efectos prácticos no resulta en absoluto un problema dicha suposición, puesto que las proporciones realmente obtenidas en cada realización es tremendamente poco probable que difieran de modo significativo de los valores esperados para dichas proporciones. De este modo, y teniendo en cuenta el carácter eminentemente práctico de este artículo, se incluirá esta suposición como parte del modelo, a efectos de poder obtener las conclusiones pertinentes.

Asumiendo este hecho y sin más que realizar cálculos elementales, introduzcamos algunos momentos de las variables aleatorias $Y_i^{(n)}$, que representan las proporciones aleatorias introducidas. Estos cálculos nos permitirán avanzar en el desarrollo de la ecuación [23].

$$E[Y_i^{(n)}] = p_i^{(n)} \tag{24}$$

$$\text{cov}[Y_i^{(n)}, Y_j^{(n)}] = -\frac{p_i^{(n)} p_j^{(n)}}{M}, \quad \forall i, j \in E, i \neq j, n \in N \tag{25}$$

$$E[Y_i^{(n)} Y_j^{(n)}] = \text{cov}[Y_i^{(n)}, Y_j^{(n)}] + E[Y_i^{(n)}] E[Y_j^{(n)}] = -\frac{p_i^{(n)} p_j^{(n)}}{M} + p_i^{(n)} p_j^{(n)} = \left(1 - \frac{1}{M}\right) p_i^{(n)} p_j^{(n)}, \quad \forall i, j \in E, i \neq j, n \in N \tag{26}$$

Vale la pena subrayar que las esperanzas de los productos anteriores se separan de la independencia tanto más cuanto menor sea M . Así, para valores de M muy grandes, las variables aleatorias proporción que componen la multinomial son prácticamente independientes. Nótese que la dispersión de dichas variables disminuye a medida que aumenta M . De hecho $\text{Var}[Y_i^{(n)}] = \frac{p_i^{(n)}(1-p_i^{(n)})}{M}$, $\forall i \in E, n \in N$, que tiende a 0 cuando M tiende a infinito.

Utilizando de nuevo la linealidad de la esperanza y [26] para calcular las esperanzas de los productos:

$$\begin{aligned}
 p_j^{(n+1)} = & k \sum_{i=1}^{j-1} \left(1 - \frac{1}{M}\right) p_i^{(n)} p_j^{(n)} + (1-k) \sum_{i=j+1}^L \left(1 - \frac{1}{M}\right) p_i^{(n)} p_j^{(n)} + p_j^{(n)} - \\
 & -(1-k) \sum_{i=1}^{j-1} \left(1 - \frac{1}{M}\right) p_i^{(n)} p_j^{(n)} - k \sum_{i=j+1}^L \left(1 - \frac{1}{M}\right) p_i^{(n)} p_j^{(n)} \quad [27]
 \end{aligned}$$

Operando se obtiene:

$$p_j^{(n+1)} = p_j^{(n)} + (2k-1) \left(1 - \frac{1}{M}\right) p_j^{(n)} \sum_{i=1}^{j-1} p_i^{(n)} + (1-2k) \left(1 - \frac{1}{M}\right) p_j^{(n)} \sum_{i=j+1}^L p_i^{(n)}, \quad [28]$$

de donde:

$$p_j^{(n+1)} = p_j^{(n)} + (2k-1) \left(1 - \frac{1}{M}\right) p_j^{(n)} \left[\sum_{i=1}^{j-1} p_i^{(n)} - \sum_{i=j+1}^L p_i^{(n)} \right] \quad [29]$$

La ecuación anterior permite calcular por recurrencia las distribuciones marginales del proceso. El tránsito entre etapas se podría expresar de modo matricial así:

$$p^{(n)} = \begin{bmatrix} 1 - k \left(1 - \frac{1}{M}\right) \sum_{j=2}^{27} p_j^{(n)} & p_2^{(n)} k \left(1 - \frac{1}{M}\right) & \dots & p_{27}^{(n)} k \left(1 - \frac{1}{M}\right) \\ p_1^{(n)} \left(1 - k\right) \left(1 - \frac{1}{M}\right) & 1 - \left(1 - \frac{1}{M}\right) \left[\left(1 - k\right) p_1^{(n)} - k \sum_{j=3}^{27} p_j^{(n)} \right] & \dots & p_{27}^{(n)} k \left(1 - \frac{1}{M}\right) \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ p_1^{(n)} \left(1 - k\right) \left(1 - \frac{1}{M}\right) & p_2^{(n)} \left(1 - k\right) \left(1 - \frac{1}{M}\right) & \dots & 1 - \left(1 - k\right) \left(1 - \frac{1}{M}\right) \sum_{j=1}^{26} p_j^{(n)} \end{bmatrix} \quad [30]$$

como se puede comprobar sin más que calcular $p^{(n+1)} = p^{(n)} P^{(n)}$. No hay que perder de vista, sin embargo, la peculiaridad que supone el que las probabilidades que forman las distribuciones marginales figuren en $P^{(n)}$.

En este momento cabe realizar algunas observaciones acerca de k; se cumple siempre que $0 \leq k \leq 1$, de hecho, el parámetro k no es más que la probabilidad de cambiar el orden alfabético en el momento de asignación de los apellidos, como se deduce de la mera definición de m y f.

Hay que señalar que, si bien el valor de k podría evolucionar a lo largo de las generaciones, esta posibilidad no se introduce en nuestro modelo. Sólo se contemplan las variaciones de m y f que se compensen, sin alterar el valor de k.

Aunque cualquier valor de k entre 0 y 1 podría darse en la práctica, con más o menos verosimilitud, presentamos a continuación algunos casos particulares que resultan de especial interés, bien desde el punto de vista práctico o desde el expositivo:

- $k = \frac{m+f}{2} = 0$

En este escenario se asigna el primer apellido teniendo siempre en cuenta el orden alfabético ya que, como hemos dicho, k es la probabilidad de no respetar el orden alfabético. De este modo, la matriz $P^{(n)}$ resultaría triangular inferior.

- $k = \frac{m+f}{2} = \frac{1}{2}$

Este valor de k cubre diferentes escenarios reales y en todos ellos se cumple que se respeta el orden alfabético en la mitad de los casos. Por ejemplo:

- $m = 1, f = 0$

Corresponde a la situación tradicional en España donde, independientemente del orden alfabético de los apellidos de los progenitores, se adjudica siempre el paterno como primer apellido.

- $m = 0, f = 1$

Modelizaría la situación inversa a la anterior, en la cual, independientemente del orden alfabético de los apellidos de los padres, se adoptase el materno como primer apellido.

- $m = 0,5, f = 0,5$

Situación en la cual, en la mitad de las ocasiones se cambia el orden alfabético adoptando el apellido del padre y en la otra mitad adoptando el de la madre.

Estos escenarios son idénticos en cuanto a su comportamiento evolutivo a cualquiera en que m y f , ambas distintas de cero, sumen 1, ya que no alteran el valor de k .

En realidad, cualquier situación en la cual la asignación del orden de los apellidos siga una vía que no sesgue la distribución alfabética de los mismos está englobada en el caso $k = 0,5$. Son ejemplos del mismo los métodos que resulten aleatorios respecto a la distribución frecuencial de los apellidos, como lanzar una moneda, decidir el orden en función del día del año de nacimiento de los padres, de la edad de los mismos, etc.

La situación contemplada en una versión más reciente del Proyecto de Ley de Registro Civil (junio de 2011), que, en caso de desacuerdo, otorga, en último término, la potestad de decidir el orden de los apellidos al Encargado del Registro Civil atendiendo al “interés superior del menor”, podría también formar parte de los escenarios modelizables con $k=0,5$, siempre que los criterios utilizados por dicho Encargado no produzcan sesgos en el orden alfabético. Sin embargo, si dichos criterios tuvieran

relación, en ocasiones, con el orden alfabético (por ejemplo, si algunos de los Encargados decidieran establecer por su cuenta el criterio del orden alfabético) se trasladaría el valor de k , resultando inferior a 0,5, suponiendo que esos Encargados utilizaran el orden alfabético directo y no el inverso.

No forman parte del caso $k = 0,5$, sin embargo, la elección del apellido en función de la frecuencia del mismo en la población, en función del número de hermanos de cada uno de los padres o, por supuesto, el ya mencionado orden alfabético, puesto que todos estos criterios alteran de modo sistemático la distribución marginal de los apellidos en la población.

$$\bullet \quad k = \frac{m+f}{2} = 1$$

Se trata de una situación en la que la decisión es siempre contraria al orden alfabético, es decir $m=1$ y $f=1$. Podríamos denominarlo orden alfabético inverso. Se trata de un supuesto poco realista pero que contemplamos en aras de respetar la simetría del modelo. Da lugar a una matriz $P^{(n)}$ triangular superior.

Antes de terminar este apartado, cabe una pequeña digresión. Aunque estemos tratando con una población de M individuos, en nuestro modelo, la cadena de Markov planteada se aplica a cada uno de los individuos de la población. Es decir, el modelo teórico, estrictamente hablando, se aplica a cada individuo que, en cada generación, es susceptible de moverse de un estado a otro (asimilando, como decimos, cada individuo con su descendiente). Así, un individuo tendrá una inicial en su primer apellido en una generación y otra (o la misma) en la siguiente. De este modo, cada individuo va “saltando” entre estados, a medida que avanzan las generaciones, según las relaciones que calcularemos a continuación. Por lo tanto, tomando como distribución inicial de la cadena la indicada en [14], la distribución marginal de la misma en la generación n nos da la probabilidad de que un individuo de dicha generación se encuentre en cada uno de los estados en la generación n .

Sin embargo, como se indica en Kemeny y Snell (1976), cuando la cadena se aplica a una población, como en este caso, es igualmente válido interpretar dicha distribución marginal como la distribución de frecuencias poblacionales que tendrá la cadena tras n generaciones, entendiendo que todos los individuos pasan a través de la misma. En este último caso, se obtienen resultados en términos de porcentajes estimados de individuos de la población en cada uno de los estados en una determinada etapa¹⁷.

¹⁷ En Kemeny y Snell (1976) se denominan estos dos enfoques “proceso individual” y “proceso colectivo”, respectivamente.

3.3. Comportamiento asintótico

Una vez detallado el modelo, procede analizar su convergencia en función del valor de k . A tal fin se dedica el presente apartado.

En el apartado anterior, hemos demostrado que la evolución de las distribuciones marginales del proceso quedan descritas por la relación de recurrencia [29]¹⁸:

$$p_j^{(n+1)} = p_j^{(n)} + (2k - 1) \left(1 - \frac{1}{M}\right) p_j^{(n)} \left[\sum_{i=1}^{j-1} p_i^{(n)} - \sum_{i=j+1}^L p_i^{(n)} \right]$$

Analicemos la fórmula de recurrencia anterior en función del valor de k :

- Caso $k = \frac{1}{2}$: La fórmula se reduce a:

$$p_j^{(n+1)} = p_j^{(n)} = p_j^{(0)} \quad \forall j \in E \tag{31}$$

Llegamos, por tanto, a la importante conclusión de que, en esta situación, la distribución marginal de las iniciales de los apellidos permanece inalterada a lo largo de las generaciones y coincide con la distribución inicial de la cadena $p_j^{(0)}$. Es decir, que la probabilidad de que un individuo de la generación n tenga un primer apellido que comience por una letra determinada no varía con el transcurso de las generaciones. Ello permite inferir que, tomando a la población en conjunto, las proporciones de individuos de la generación n cuyos primeros apellidos empiecen por las diferentes letras del alfabeto tenderán a ser estables con el tiempo. Si denominamos p a la distribución marginal en el límite se cumple que $p = p^{(0)}$.

- Caso $0 \leq k < \frac{1}{2}$: Como veremos, para este valor nos será suficiente considerar la ecuación [29] para $j=1$. Así, el primer sumando de dentro del corchete se anula y nos queda:

$$p_1^{(n+1)} = p_1^{(n)} + (1 - 2k) \left(1 - \frac{1}{M}\right) p_1^{(n)} \sum_{i=2}^L p_i^{(n)} = p_1^{(n)} + (1 - 2k) \left(1 - \frac{1}{M}\right) p_1^{(n)} (1 - p_1^{(n)}) \tag{32}$$

Ahora bien, la expresión anterior no es más que el término general de una sucesión de números reales $0 \leq (p_1^{(n)})_n \leq 1$ definida por recurrencia, siendo su primer término

¹⁸ En esta ecuación, se entiende que los sumatorios que van hasta $j-1$ se anulan cuando $j=1$ y los que van desde $j+1$ se anulan cuando $j=L$.

$p_1^{(0)}$, el correspondiente elemento de la distribución inicial de la cadena que, en nuestro caso, es estrictamente positivo. Del término general se deduce claramente que la sucesión es creciente puesto que cada término suma al anterior una cantidad positiva o nula. Por otra parte, la sucesión está formada por probabilidades, luego está acotada superiormente por 1. Una sucesión de números reales, creciente y acotada superiormente es convergente. Sea p_1 su límite. Tomando límites en [32] se sigue que dicha cantidad ha de verificar:

$$p_1 = p_1 + (1-2k)\left(1-\frac{1}{M}\right)p_1(1-p_1) \quad [33]$$

Es decir, que ha de cumplirse $(1-2k)\left(1-\frac{1}{M}\right)p_1(1-p_1)=0$, identidad que sólo puede alcanzarse si $p_1=0$ ó $p_1=1$, habida cuenta de que $0 \leq k < \frac{1}{2}$ y $M > 1$. Ahora bien, la sucesión es creciente, con primer término $p_1^{(0)} > 0$, luego su límite no puede ser 0, por lo que se concluye que $p_1=1$. Por lo tanto, si denominamos p a la distribución marginal en el límite, al ser una probabilidad, se verifica $p = (1, 0, \dots, 0)$. Dicho de otro modo, en el límite, cualquier individuo tiende a tener un apellido que comience por la primera letra del alfabeto, que es tanto como decir que todos los apellidos se concentran en la letra A.

- Caso $\frac{1}{2} < k \leq 1$: Aquí nos será suficiente considerar la ecuación [29] para $j=L$.

Así, el segundo sumando de dentro del corchete se anula y nos queda:

$$p_L^{(n+1)} = p_L^{(n)} + (2k-1)\left(1-\frac{1}{M}\right)p_L^{(n)} \sum_{i=1}^{L-1} p_i^{(n)} = p_L^{(n)} + (2k-1)\left(1-\frac{1}{M}\right)p_L^{(n)}(1-p_L^{(n)}) \quad [34]$$

Nuevamente, nos encontramos con una sucesión de números reales $0 \leq (p_L^{(n)})_n \leq 1$ definida por recurrencia, siendo su primer término $p_L^{(0)}$ estrictamente positivo. Análogamente al caso anterior, la sucesión es creciente y acotada superiormente por 1, luego convergente. Sea p_L su límite. Al tomar límites en [34] se obtiene:

$$p_L = p_L + (2k-1)\left(1-\frac{1}{M}\right)p_L(1-p_L) \quad [35]$$

Es decir, que ha de cumplirse $(2k-1)\left(1-\frac{1}{M}\right)p_L(1-p_L)=0$ lo que implica que $p_L=0$ ó $p_L=1$ ya que $\frac{1}{2} < k \leq 1$ y $M > 1$. Pero como $p_L^{(0)} > 0$ y la sucesión es creciente, su límite no puede ser 0, por tanto $p_L=1$. Y nuevamente, al tratarse de una probabilidad, la

distribución marginal en el límite, p , toma el valor $p=(0,0,\dots,1)$. En otras palabras, en el límite, todos los apellidos se concentran en la última letra del alfabeto.

En resumen, para $k=0,5$ se ha demostrado que, a lo largo de las generaciones, la distribución de los apellidos permanece inalterada, en el sentido anteriormente descrito. Sin embargo para el resto de valores de k entre 0 y 0,5 los apellidos terminan concentrándose a lo largo de las generaciones en la letra A¹⁹.

Los resultados de convergencia aplicados al espacio de estados estudiado, es decir, a las iniciales del primer apellido, se pueden trasladar de forma trivial a la segunda letra del primer apellido y así sucesivamente. Dicho de otro modo, si considerásemos como espacio de estados todos los primeros apellidos existentes en la población, se demostraría la convergencia al primero ó al último de ellos de forma análoga a la demostración de convergencia a la primera o última letra, respectivamente.

4. PRINCIPALES RESULTADOS EMPÍRICOS

En el anterior apartado se ha demostrado la convergencia del modelo en función del valor de k . Si bien el comportamiento en el límite resulta de interés, desde el punto de vista práctico es preciso complementar esos resultados teóricos con información acerca del número de generaciones estimadas que serían necesarias para la extinción de los apellidos en los distintos casos. Éste es el objetivo del análisis empírico que se presenta en este punto.

Para analizar el número de generaciones que tardarían en desaparecer las distintas letras según el caso en que nos encontremos, resulta necesario fijar un umbral en la frecuencia marginal de una letra a partir del cual se considera extinta dicha letra en la población.

En este trabajo se ha elegido como umbral $p_u = \frac{1}{46.000.000}$, es decir, el inverso del número aproximado de habitantes que existe en España. Formalmente, se considera que la letra i -ésima se extingue en la generación n si $p_i^{(n)} < p_u$. Esta elección de p_u permite asegurar que cuando una letra se considera extinta realmente lo está o dista muy poco de desaparecer.

En la tabla 2 se presenta, para diferentes valores de k , el número de generaciones que, previsiblemente, tardaría en desaparecer cada letra del alfabeto. Para k próximos a 0,5 el número de generaciones hasta la desaparición aumenta y para $k=0,5$ no se produce dicha desaparición. Para valores próximos a $k=0$, y aún teniendo en cuenta el umbral estricto que se ha fijado, en pocas generaciones desaparecen todas las letras salvo la A²⁰.

¹⁹ Análogamente, para k entre 0,5 y 1, se ha demostrado que los apellidos se concentrarían en la letra Z. No se analiza con detalle este caso, como ya se ha comentado.

²⁰ Análogamente para $k=1$ con la letra Z.

En la tabla 3 y el gráfico 1 del anexo, se observa el descenso en el número de letras supervivientes a lo largo de las generaciones, para diferentes valores de k . Como es lógico, este descenso es más acusado para valores de k próximos a 0 ó a 1.

Para $k=0,5$ sobreviven todas las letras a lo largo de las generaciones y cuanto más próximo es el valor de k a 0,5, más generaciones son necesarias para la desaparición de todas las letras salvo la primera (ó última). Este hecho puede ser apreciado especialmente en el gráfico 1, puesto que en él se han tomado valores de k realmente próximos a 0,5.

Hay que subrayar que, tanto las tablas 2 y 3 como el gráfico 1 se refieren a la extinción total de las letras y, por tanto, quizá no permitan apreciar de modo claro la concentración en unas pocas letras que se produce tras escasas generaciones por pequeña que sea la implantación que experimente el orden alfabético como modo de decisión del orden de los apellidos. A tal fin resultan mucho más reveladoras las tablas 4, 5 y 6. En ellas se presentan las distribuciones marginales $p^{(n)}$ para diferentes valores de k tras 10, 20 y 50 generaciones, respectivamente. Sirva como ejemplo, el análisis de la columna $k=0,4$ de la tabla 4. En ella se puede apreciar cómo, incluso con un valor de k cercano al de equilibrio, en sólo 10 generaciones, las letras A, B y C coparían más del 64% de los apellidos, cuando la situación inicial a 1 de enero de 2009 es que dichas letras concentran apenas el 22% de los mismos. Sólo con bajar el valor de k hasta 0,3 en la misma tabla, nos encontramos con que, tras 10 generaciones, el primer apellido del 75% de las personas comenzaría por A, mientras que, más del 94% de los habitantes tendrían apellidos comenzados por A, B ó C.

Los resultados que se exponen en la tabla 5 son realmente rotundos: incluso para $k=0,4$, tras 20 generaciones, el 93% de los habitantes tendrían apellidos comenzados por A, B ó C. Por su parte, para $k=0,3$, el primer apellido de más del 99% de los ciudadanos empezaría por A.

La situación tras 50 generaciones se detalla en la tabla 6. En ella se aprecia que, incluso para $k=0,4$, todas las letras excepto la A presentan una frecuencia tremendamente baja. Concretamente, la frecuencia de la A es del 99,9%, mientras que sólo 2 de cada 10.000 apellidos empezarían por B, y 1 de cada 10.000 comenzaría por C ó D. Hay que tener en cuenta que este análisis de las tablas de frecuencias marginales se ha centrado en los valores de k próximos a 0,5, que es el valor de equilibrio, en el cual se mantiene constante la distribución marginal por muchas generaciones que transcurran. Por supuesto, si tomamos valores de k más alejados de 0,5, la desaparición de las letras resulta mucho más rápida.

Los gráficos 2 y 3 permiten enriquecer la visualización de los resultados. Ambos retornan a la perspectiva de análisis desde la desaparición de las letras y, por tanto, como ya se ha apuntado, sus resultados resultan algo menos impactantes que los recién referidos. El gráfico 2 muestra, en función de k , el número de generaciones necesarias para que únicamente quede una letra superviviente. Esta función presenta una asíntota en $k=0,5$, puesto que, obviamente, a medida que el valor de k se acerca al de equilibrio, crece de modo no acotado el número de generaciones preciso para que se produzca la

extinción de todas las letras salvo una. No obstante, el gráfico también muestra como, para valores de k algo más alejados del de equilibrio, el número de generaciones presenta un drástico descenso, como ya se ha comprobado. Por último, el gráfico 3 permite visualizar de modo rápido el número de letras que sobreviven como función de k tras 10, 20, 50 ó 100 generaciones. Este gráfico no hace más que mostrar de un modo más directo información ya explicitada.

5. CONCLUSIONES

El modelo que se ha construido en este trabajo engloba multitud de situaciones en cuanto al modo de decisión en una población de la forma de transmisión de los apellidos, sin más que variar el parámetro k .

Cualquier método para decidir el orden de los apellidos que no altere la distribución alfabética de la primera letra de los mismos corresponde al valor $k=0,5$. En esos casos, la distribución marginal de la cadena permanece inalterada con el tiempo, por lo que la proporción de apellidos que comienzan por cada letra perdura de modo indefinido. Esa situación es la imperante en la actualidad, con el sistema basado en que el primer apellido sea el del padre y el segundo el de la madre ($m=1$ y $f=0$ en nuestro modelo). Hay que matizar que, si bien es cierto que los padres están facultados para cambiar el orden de los apellidos si así lo desean, alterando los valores de m y f recién referidos, no parece razonable creer que dicha alteración se produzca en la práctica en función de ningún criterio susceptible de alterar la distribución marginal de la cadena, con lo que el ejercicio de esa facultad, en términos de probabilidades, supondría una bajada de m acompañada de una subida equivalente de f , que se compensarían sin alterar el valor de k .

Por su parte, el método que ha adoptado el Proyecto de Ley de Registro Civil en junio de 2011 de otorgar la última decisión en caso de desacuerdo al Encargado del Registro Civil se amoldará al caso $k=0,5$ siempre que tales Encargados no decidan atendiendo al orden alfabético. Debido a lo concluido en este estudio, en ese caso, no se alterarán en el futuro las distribuciones de los apellidos por iniciales. Sin embargo, si estos Encargados utilizaran con alguna frecuencia el orden alfabético para decidir, si producirían una cierta bajada de k , que abandonaría su valor de equilibrio $0,5$ y daría lugar, por tanto, a una disminución más o menos paulatina de la frecuencia de los apellidos que comiencen por las últimas letras del abecedario.

Cualquier otro modo de decisión del orden de los apellidos que dé lugar a un valor de k de $0,5$, no se traducirá en la extinción sistemática de apellidos y permitirá conservar de modo indefinido el elenco de apellidos existente en la actualidad²¹. Analicemos brevemente algunos de estos métodos.

Uno de los métodos de elección del orden más sencillos de entre los que producen un valor de k de $0,5$ es el que consiste simplemente en lanzar una moneda al aire y, en función del resultado, decidir el orden de los apellidos. Claramente, este modo de

²¹ Obviamente, para cualquier valor de k , se podrían extinguir apellidos especialmente escasos.

proceder resulta aleatorio respecto de la distribución de la cadena, luego no alteraría, en el futuro, la distribución de los apellidos.

Otra posibilidad podría ser una situación en la que el orden de los apellidos se decidiera, en caso de desacuerdo, por el siguiente método: se suman los años de nacimiento del padre y de la madre y , a continuación, se suman los dígitos del resultado; si este último número es par, se pone primero el apellido del padre y si es impar, se pone primero el de la madre. Este método es claramente independiente de las respectivas iniciales de los progenitores, luego da lugar a un valor de k de 0,5 que haría que, en el futuro, no se produjesen alteraciones en la distribución de los apellidos. Sin duda, solo se trata de un ejemplo; no es difícil encontrar otros métodos similares que producen situaciones análogas respecto al futuro de los apellidos.

En realidad, existen muchas otras posibilidades que permiten ser modelizadas con $k=0,5$. Cualquier método aleatorio análogo al del lanzamiento de la moneda, diversidad de posibilidades basadas en fechas, en edades, en gustos no relacionados con el orden alfabético, preferencias sistemáticas por el apellido del padre o de la madre, etc.

Sin embargo, los modos de decisión que produzcan un valor de k diferente a 0,5 sí producen con el tiempo una alteración en la distribución de los apellidos. Entre estos modos se encuentra la utilización del orden alfabético que, sea más o menos habitual su uso, conlleva un sesgo a favor de los apellidos que comienzan con las primeras letras del alfabeto, que terminarían por imponerse totalmente al resto. Este hecho daría lugar a largo plazo a la extinción de todos los apellidos existentes en nuestro país, salvo los primeros en el orden alfabético. En realidad, en sentido estricto, habría que decir salvo el primero en dicho orden, puesto que todo lo que en el presente trabajo se ha razonado tomando como espacio de estados cada letra del alfabeto como primera letra del apellido, resultaría trasladable de modo inmediato a la segunda letra del mismo en el momento en que se hubieran extinguido todos los apellidos que no comiencen por A. Esta extinción ha sido probada de modo formal, calculando las distribuciones límite de la cadena para el caso $0 \leq k < 0,5$. Ahora bien, desde un punto de vista práctico, resulta aún más interesante que la situación en el límite el conocer el número de generaciones necesario para que la extinción de apellidos tenga lugar. El análisis empírico realizado muestra que dicho número de generaciones varía mucho en función de k . Si el valor de k es próximo a 0 (es decir, si el orden alfabético se utiliza de modo habitual) en muy pocas generaciones se produciría la extinción de la inmensa mayoría de los apellidos. Por su parte, a medida que el valor de k tienda a 0,5, serán precisas bastantes más generaciones para la desaparición total de los mismos. No obstante, aún en este último caso, la concentración de apellidos en las primeras letras del alfabeto resultaría muy elevada tras escasas generaciones y, en cualquier caso, la extinción definitiva de todos los apellidos salvo el primero por orden alfabético se terminaría por producir.

La situación para valores de k entre 0,5 y 1 resulta teóricamente análoga pero alejada de la realidad en la práctica, en tanto en cuanto no parece que vaya a ser el orden alfabético inverso el que decida el orden de los apellidos, por lo que no procede extenderse más en ese caso que ha sido incluido, como ya se ha dicho, por simetría en el modelo más que por su necesidad práctica.

En definitiva, este análisis permite concluir que, en aras de la conservación de la actual configuración de apellidos, resulta poco adecuado utilizar el orden alfabético como modo de resolver conflictos respecto al orden de los apellidos y, en su lugar, se podría utilizar cualquier otro método de los que se han puesto como ejemplo en este trabajo, que no altere su distribución futura.

ANEXO

Tabla 1

Distribución en España de la primera letra del primer apellido

<i>Letras</i>	<i>Población</i>	<i>Frecuencia ($p_i^{(0)}$)(%)</i>
A	3.108.445	6,799
B	2.557.831	5,595
C	4.202.714	9,193
D	1.915.626	4,190
E	922.809	2,018
F	1.973.865	4,317
G	5.033.444	11,010
H	1.076.685	2,355
I	469.684	1,027
J	760.628	1,664
K	128.542	0,281
L	2.401.953	5,254
M	5.530.755	12,097
N	750.969	1,643
Ñ	1.116	0,002
O	870.371	1,904
P	3.195.537	6,990
Q	193.821	0,424
R	3.678.780	8,047
S	3.420.057	7,481
T	1.110.394	2,429
U	198.413	0,434
V	1.708.720	3,737
W	71.676	0,157
X	17.139	0,037
Y	111.278	0,243
Z	307.637	0,673
Total	45.718.889	100,000

Fuente: INE. Explotación Estadística de Padrón a 01/01/2009.

Se han tenido en cuenta los apellidos cuya frecuencia es superior a 5 en el primer apellido ó en el segundo. Se ha excluido la letra Ç por su baja frecuencia (9 personas en la población).

Tabla 2

Número de generaciones que sobrevive cada letra para distintos valores de k

	$k=0$	$k=0,1$	$k=0,2$	$k=0,3$	$k=0,4$	$k=0,5$	$k=0,6$	$k=0,7$	$k=0,8$	$k=0,9$	$k=1$
A	∞	∞	∞	∞	∞	∞	67	30	17	10	3
B	7	15	24	41	91	∞	67	30	17	10	3
C	6	14	23	39	87	∞	70	31	18	11	3
D	5	13	21	36	80	∞	68	30	17	10	3
E	5	12	20	34	75	∞	65	29	16	10	4
F	5	13	20	35	78	∞	69	31	17	11	4
G	5	13	21	36	80	∞	74	33	19	11	4
H	4	11	18	32	71	∞	69	31	18	11	4
I	4	11	17	30	67	∞	65	29	17	10	4
J	4	11	18	31	69	∞	68	30	17	11	4
K	4	10	16	27	60	∞	60	27	16	10	4
L	4	11	19	33	73	∞	73	33	19	12	4
M	4	12	19	33	75	∞	79	35	21	13	5
N	4	10	17	29	65	∞	72	32	19	12	5
Ñ	3	6	9	16	35	∞	42	19	12	8	4
O	4	10	17	29	65	∞	73	33	19	12	5
P	4	11	18	31	71	∞	81	36	21	13	5
Q	3	9	15	26	58	∞	70	32	19	12	5
R	3	10	18	31	70	∞	85	38	22	14	6
S	3	10	17	30	69	∞	90	41	24	15	6
T	3	9	16	28	63	∞	91	41	24	15	7
U	3	8	14	24	55	∞	85	39	23	15	7
V	3	9	16	28	65	∞	103	47	28	18	8
W	2	7	13	22	50	∞	97	45	27	17	9
X	2	6	11	19	44	∞	91	43	26	17	9
Y	2	8	13	23	52	∞	101	47	28	18	9
Z	2	8	14	25	57	∞	∞	∞	∞	∞	∞

Tabla 3

Número de letras supervivientes en la generación n para distintos valores de k

(Continúa)

	<i>k=0</i>	<i>k=0,1</i>	<i>k=0,2</i>	<i>k=0,3</i>	<i>k=0,4</i>	<i>k=0,5</i>	<i>k=0,6</i>	<i>k=0,7</i>	<i>k=0,8</i>	<i>k=0,9</i>	<i>k=1</i>
n=2	27	27	27	27	27	27	27	27	27	27	27
n=4	16	27	27	27	27	27	27	27	27	27	23
n=6	3	27	27	27	27	27	27	27	27	27	9
n=8	1	24	27	27	27	27	27	27	27	27	5
n=10	1	18	26	27	27	27	27	27	27	26	1
n=12	1	8	25	27	27	27	27	27	27	15	1
n=14	1	3	23	27	27	27	27	27	26	9	1
n=16	1	1	20	27	27	27	27	27	26	5	1
n=18	1	1	13	26	27	27	27	27	18	3	1
n=20	1	1	7	25	27	27	27	26	11	1	1
n=22	1	1	3	25	27	27	27	26	9	1	1
n=24	1	1	2	23	27	27	27	26	7	1	1
n=26	1	1	1	21	27	27	27	26	5	1	1
n=28	1	1	1	19	27	27	27	25	3	1	1
n=30	1	1	1	15	27	27	27	23	1	1	1
n=32	1	1	1	10	27	27	27	16	1	1	1
n=34	1	1	1	7	27	27	27	11	1	1	1
n=36	1	1	1	5	26	27	27	10	1	1	1
n=38	1	1	1	3	26	27	27	9	1	1	1
n=40	1	1	1	2	26	27	27	7	1	1	1
n=42	1	1	1	1	26	27	27	5	1	1	1
n=44	1	1	1	1	26	27	26	4	1	1	1
n=46	1	1	1	1	25	27	26	3	1	1	1
n=48	1	1	1	1	25	27	26	1	1	1	1
n=50	1	1	1	1	25	27	26	1	1	1	1
n=52	1	1	1	1	24	27	26	1	1	1	1
n=54	1	1	1	1	23	27	26	1	1	1	1
n=56	1	1	1	1	22	27	26	1	1	1	1
n=58	1	1	1	1	21	27	26	1	1	1	1
n=60	1	1	1	1	20	27	26	1	1	1	1
n=62	1	1	1	1	19	27	25	1	1	1	1
n=64	1	1	1	1	18	27	25	1	1	1	1
n=66	1	1	1	1	15	27	23	1	1	1	1
n=68	1	1	1	1	14	27	21	1	1	1	1
n=70	1	1	1	1	12	27	17	1	1	1	1
n=72	1	1	1	1	9	27	15	1	1	1	1
n=74	1	1	1	1	8	27	12	1	1	1	1
n=76	1	1	1	1	6	27	11	1	1	1	1
n=78	1	1	1	1	6	27	11	1	1	1	1
n=80	1	1	1	1	5	27	10	1	1	1	1

Tabla 3

Número de letras supervivientes en la generación n para distintos valores de k

(Conclusión)

	$k=0$	$k=0,1$	$k=0,2$	$k=0,3$	$k=0,4$	$k=0,5$	$k=0,6$	$k=0,7$	$k=0,8$	$k=0,9$	$k=1$
n=82	1	1	1	1	3	27	9	1	1	1	1
n=84	1	1	1	1	3	27	9	1	1	1	1
n=86	1	1	1	1	3	27	7	1	1	1	1
n=88	1	1	1	1	2	27	7	1	1	1	1
n=90	1	1	1	1	2	27	7	1	1	1	1
n=92	1	1	1	1	1	27	4	1	1	1	1
n=94	1	1	1	1	1	27	4	1	1	1	1
n=96	1	1	1	1	1	27	4	1	1	1	1
n=98	1	1	1	1	1	27	3	1	1	1	1
n=100	1	1	1	1	1	27	3	1	1	1	1
n=102	1	1	1	1	1	27	2	1	1	1	1
n=104	1	1	1	1	1	27	1	1	1	1	1

Tabla 4

Distribución marginal de la cadena tras 10 generaciones para distintos valores de k

	$p_i^{(0)}$	$p_i^{(10)}$ (‰)										
	(‰)	$k=0$	$k=0,1$	$k=0,2$	$k=0,3$	$k=0,4$	$k=0,5$	$k=0,6$	$k=0,7$	$k=0,8$	$k=0,9$	$k=1$
A	68,0	1000,0	999,7	976,7	751,1	310,0	68,0	9,0	0,6	0,0	0,0	0,0
B	55,9	0,0	0,2	15,5	124,2	163,4	55,9	8,5	0,6	0,0	0,0	0,0
C	91,9	0,0	0,1	5,2	68,2	173,0	91,9	16,5	1,4	0,1	0,0	0,0
D	41,9	0,0	0,0	0,8	14,1	54,8	41,9	8,9	0,8	0,0	0,0	0,0
E	20,2	0,0	0,0	0,3	5,1	22,7	20,2	4,6	0,4	0,0	0,0	0,0
F	43,2	0,0	0,0	0,4	8,4	42,1	43,2	10,7	1,0	0,0	0,0	0,0
G	110,1	0,0	0,0	0,6	12,7	78,8	110,1	34,1	3,5	0,1	0,0	0,0
H	23,6	0,0	0,0	0,1	1,8	13,0	23,6	8,9	1,0	0,1	0,0	0,0
I	10,3	0,0	0,0	0,0	0,7	5,4	10,3	4,1	0,5	0,0	0,0	0,0
J	16,6	0,0	0,0	0,1	1,1	8,2	16,6	6,9	0,8	0,0	0,0	0,0
K	2,8	0,0	0,0	0,0	0,2	1,3	2,8	1,2	0,1	0,0	0,0	0,0
L	52,5	0,0	0,0	0,1	2,8	23,0	52,5	24,7	3,1	0,1	0,0	0,0
M	121,0	0,0	0,0	0,2	4,3	40,5	121,0	78,3	11,9	0,5	0,0	0,0
N	16,4	0,0	0,0	0,0	0,4	4,5	16,4	13,8	2,5	0,1	0,0	0,0
Ñ	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
O	19,0	0,0	0,0	0,0	0,5	5,0	19,0	17,3	3,3	0,2	0,0	0,0
P	69,9	0,0	0,0	0,0	1,5	16,2	69,9	77,7	17,4	1,0	0,0	0,0
Q	4,2	0,0	0,0	0,0	0,1	0,9	4,2	5,6	1,4	0,1	0,0	0,0
R	80,5	0,0	0,0	0,0	1,3	15,2	80,5	133,5	44,6	3,1	0,0	0,0
S	74,8	0,0	0,0	0,0	0,9	11,8	74,8	194,9	123,6	13,3	0,2	0,0
T	24,3	0,0	0,0	0,0	0,3	3,4	24,3	87,1	97,4	17,2	0,3	0,0
U	4,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,6	4,3	17,2	24,2	5,5	0,1	0,0
V	37,4	0,0	0,0	0,0	0,4	4,9	37,4	174,2	400,8	261,9	17,0	0,0
W	1,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	1,6	8,5	30,3	45,3	6,9	0,0
X	0,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4	2,0	7,4	12,1	2,1	0,0
Y	2,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,3	2,4	13,4	51,2	95,7	23,3	0,0
Z	6,7	0,0	0,0	0,0	0,1	0,8	6,7	38,6	170,4	543,6	950,1	1000,0

Tabla 5

Distribución marginal de la cadena tras 20 generaciones para distintos valores de k

	$p_i^{(0)}$	$p_i^{(20)}$ (%)										
	(%)	k=0	k=0,1	k=0,2	k=0,3	k=0,4	k=0,5	k=0,6	k=0,7	k=0,8	k=0,9	k=1
A	68,0	1000,0	1000,0	1000,0	997,6	771,7	68,0	1,0	0,0	0,0	0,0	0,0
B	55,9	0,0	0,0	0,0	1,4	106,7	55,9	0,9	0,0	0,0	0,0	0,0
C	91,9	0,0	0,0	0,0	0,6	61,1	91,9	1,9	0,0	0,0	0,0	0,0
D	41,9	0,0	0,0	0,0	0,1	13,5	41,9	1,0	0,0	0,0	0,0	0,0
E	20,2	0,0	0,0	0,0	0,1	5,0	20,2	0,5	0,0	0,0	0,0	0,0
F	43,2	0,0	0,0	0,0	0,1	8,5	43,2	1,3	0,0	0,0	0,0	0,0
G	110,1	0,0	0,0	0,0	0,1	13,5	110,1	4,3	0,0	0,0	0,0	0,0
H	23,6	0,0	0,0	0,0	0,0	2,0	23,6	1,2	0,0	0,0	0,0	0,0
I	10,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,8	10,3	0,6	0,0	0,0	0,0	0,0
J	16,6	0,0	0,0	0,0	0,0	1,2	16,6	1,0	0,0	0,0	0,0	0,0
K	2,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	2,8	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0
L	52,5	0,0	0,0	0,0	0,0	3,2	52,5	3,6	0,0	0,0	0,0	0,0
M	121,0	0,0	0,0	0,0	0,0	5,3	121,0	12,8	0,1	0,0	0,0	0,0
N	16,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,6	16,4	2,5	0,0	0,0	0,0	0,0
Ñ	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
O	19,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,6	19,0	3,3	0,0	0,0	0,0	0,0
P	69,9	0,0	0,0	0,0	0,0	1,9	69,9	17,0	0,1	0,0	0,0	0,0
Q	4,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	4,2	1,4	0,0	0,0	0,0	0,0
R	80,5	0,0	0,0	0,0	0,0	1,7	80,5	40,8	0,4	0,0	0,0	0,0
S	74,8	0,0	0,0	0,0	0,0	1,3	74,8	106,8	1,3	0,0	0,0	0,0
T	24,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4	24,3	84,2	1,5	0,0	0,0	0,0
U	4,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	4,3	21,2	0,5	0,0	0,0	0,0
V	37,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,5	37,4	389,4	31,2	0,1	0,0	0,0
W	1,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,6	33,0	8,5	0,0	0,0	0,0
X	0,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4	8,2	2,5	0,0	0,0	0,0
Y	2,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,4	57,5	24,3	0,1	0,0	0,0
Z	6,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	6,7	204,4	929,6	999,8	1000,0	1000,0

Tabla 6

Distribución marginal de la cadena tras 50 generaciones para distintos valores de k

	$P_i^{(50)} (\%)$											
	$k=0$	$k=0,1$	$k=0,2$	$k=0,3$	$k=0,4$	$k=0,5$	$k=0,6$	$k=0,7$	$k=0,8$	$k=0,9$	$k=1$	
A	68,0	1000,0	1000,0	1000,0	1000,0	999,6	68,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
B	55,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	55,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
C	91,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	91,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
D	41,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	41,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
E	20,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	20,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
F	43,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	43,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
G	110,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	110,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
H	23,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	23,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
I	10,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	10,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
J	16,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	16,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
K	2,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
L	52,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	52,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
M	121,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	121,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
N	16,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	16,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Ñ	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
O	19,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	19,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
P	69,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	69,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Q	4,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
R	80,5	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	80,5	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0
S	74,8	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	74,8	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0
T	24,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	24,3	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0
U	4,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,3	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0
V	37,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	37,4	3,2	0,0	0,0	0,0	0,0
W	1,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,6	0,8	0,0	0,0	0,0	0,0
X	0,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0
Y	2,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,4	2,2	0,0	0,0	0,0	0,0
Z	6,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	6,7	993,1	1000,0	1000,0	1000,0	1000,0

Gráfico 1

Evolución del número de letras supervivientes para distintos valores de k

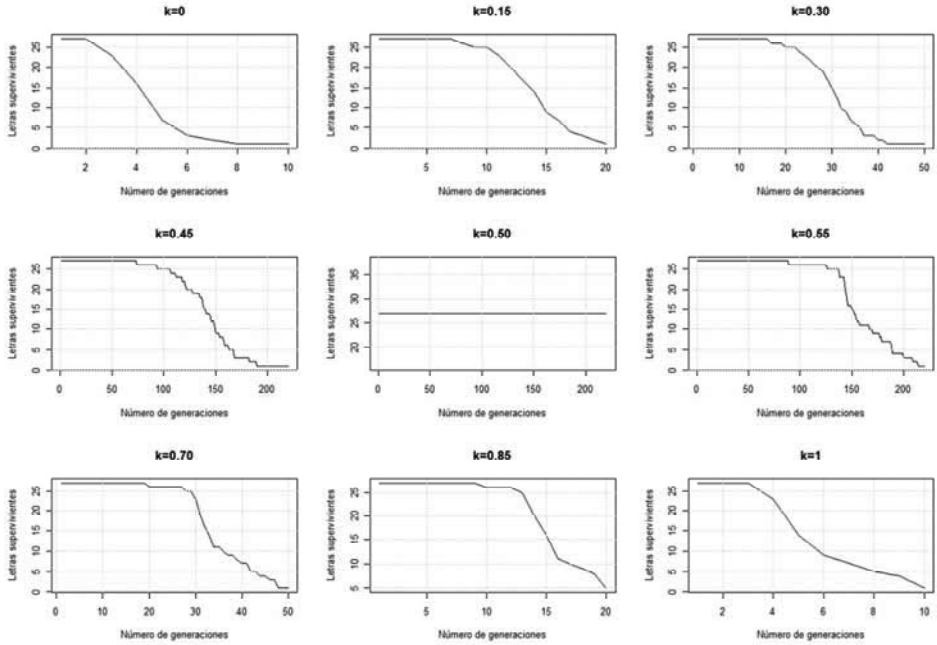


Gráfico 2

Número de generaciones necesarias para que sólo quede una letra superviviente en función de k

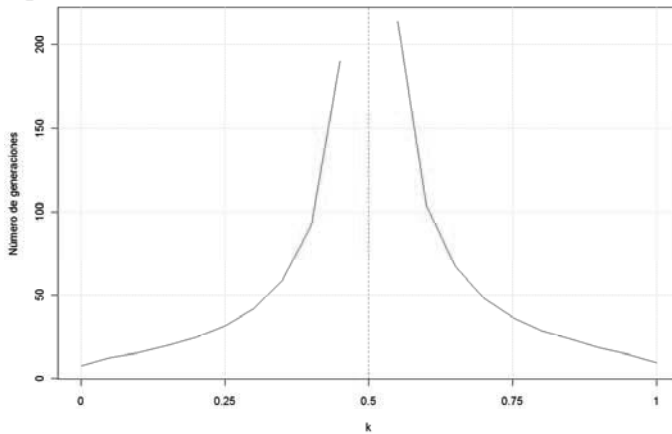
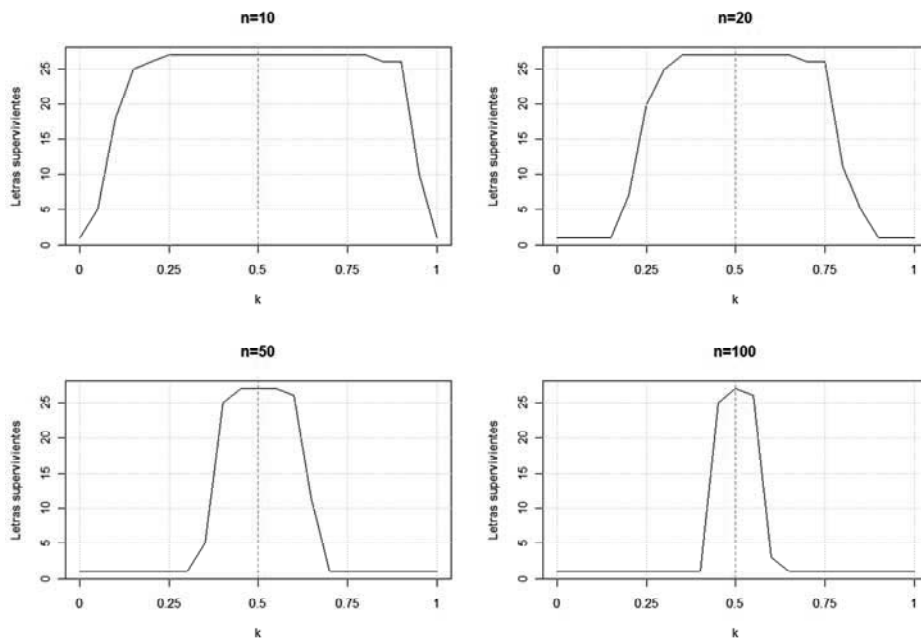


Gráfico 3

Número de letras supervivientes tras n generaciones en función de k



REFERENCIAS

ALBERTSEN, D. (1995). «The Extinction of Families». *International Statistical Review*, 63-2, 234-239.

BLACKWELL, D. (1945). «Finite nonhomogeneous Markov chains». *Annals of Mathematics*, 46, 594-599.

COHN, H. (1976). «Finite nonhomogeneous Markov chains: asymptotic behavior». *Advances in Applied Probability*, 8, 502-516.

COHN, H. (1981) «On A Paper By Doeblin On Non-Homogeneous Markov Chains». *Advances in Applied Probability*, 13, 388-401

COHN, H. (1989). «Products of stochastic matrices and applications», *International Journal of Mathematics and Mathematical Sciences*, 12 209-333.

DOBRUSHIN, R. (1956) «Central limit theorem for non-stationary Markov chains» *Theory of Probability and its Applications*, 1, 65–80.

- DOEBLIN, W. (1937) «Le cas discontinu de probabilités en chaîne». Publication of Faculty of Sciences of University of Masaryk (Brno), 236, 3-13.
- GALTON, F. Y WATSON, H.W. (1874) «On the Probability of Extinction of Families». Journal of the Anthropological Institute of Great Britain and Ireland. 4, 138-144.
- GRINSTEAD, M. Y SNELLS, J.L. (2006) «Introduction to Probability» American Mathematical Society.
- HAJNAL, J. (1956) «The ergodic properties of non-homogeneous finite Markov chains». Mathematical Proceedings of the Cambridge Philosophical Society. 52, 67-77.
- HEIDE, C.C. Y SENETA, E. (1972) «The simple branching process, a turning point test and a fundamental inequality. A historical note on I.J. Bienaymé». Biometrika. 59, 680-683.
- HOWARD, R. A. (1971) «Dynamic Probabilistic Systems. Volume 1. Markov Models». John Wiley & Sons, Inc.
- ISAACSON, D., MADSEN, R. (1976) «Markov Chains: Theory and Applications». Wiley, New York.
- KEMENY, J. Y SNELL, J. (1976) «Finite Markov chains». Reprinting of the 1960 original. Springer-Verlag, New York, Heidelberg.
- KENDAL, D.G. (1966) «Branching Processes since 1873». Journal of London Mathematical Society, 41, 385-406.
- KOLMOGOROV A.N. (1936) «Zur Theorie der Markoffschen Ketten». Mathematische Annalen, 112, 155-160.
- SENETA, E. (1973). «On the historical development of the theory of finite inhomogeneous Markov chains». Mathematical Proceedings of Cambridge Philosophical Society, 74 507-513.
- SHIRYAEV, A. N. (1996). «Probability». Springer-Verlag, New York.
- SONIN I.M. (2008) «The Decomposition-Separation Theorem for Finite Nonhomogeneous Markov Chains and Related Problems» Markov Processes and Related Topics: A Festschrift for Thomas G. Kurtz, 4, 1-15
- STEFFENSEN, J.F. (1930) «On the Probability that the Offspring Dies Out». Mathematisk Tidsskrift, B, 19-23.
- VÉLEZ, R. (1977) «Procesos Estocásticos». Madrid. Editorial U.N.E.D.