

Document de recherche

**Modèle fondé sur la tendance commune de la
mortalité et prédiction de la mortalité**

**Liqun Diao, Yechao Meng, Chengguo Weng et Tony Wirjanto,
Université de Waterloo**

Décembre 2021

Document rp221138

*This document is available in English.
© 2021 Institut canadien des actuaires*

Résumé

Dans le présent document, nous proposons un cadre de travail destiné à permettre la prise en compte, à un même moment, de populations à différents stades de développement de la mortalité au moyen d'un système de mortalité à population à deux variables reposant sur un processus sous-jacent de tendance commune de la mortalité (TCM). Un des apports principaux du document est l'utilisation du modèle TCM comme apprenant faible dans un cadre demandant relativement peu de puissance de calcul pour emprunter de façon efficace de l'information sur différentes populations dans le but de prédire la mortalité d'une population cible suivant une méthode bien rodée de calcul de la moyenne des modèles. Des études empiriques menées sur la Human Mortality Database confirment que le cadre de prédiction fondé sur la TCM apporte une nette amélioration dans l'efficacité des prédictions par rapport à un ensemble de modèles de prédiction de référence. Qui plus est, ces études empiriques révèlent que l'introduction d'un paramètre clé dans le modèle TCM permet de caractériser le stade de développement d'une population par rapport à une autre dans le modèle TCM.

Mots-clés : prédiction de la mortalité; modèle à population à deux variables; Human Mortality Database; calcul de la moyenne des modèles; emprunt d'information.

1 Introduction

Le risque de longévité, attribuable à l'augmentation de l'espérance de vie humaine, est reconnu comme l'un des principaux risques auxquels font face les assureurs, les gouvernements et les individus. Ce risque, dont les effets tendent par nature à être systématiques, a engendré une pression financière substantielle sur les caisses de retraite et les fournisseurs de rentes. La modélisation de la mortalité est un élément essentiel de la gestion du risque de longévité. Les dernières décennies ont vu les modèles de mortalité se multiplier à un rythme soutenu dans la documentation. Le modèle de Lee-Carter (Lee, 1992) est devenu le modèle de référence en matière de modélisation de la mortalité et de prévision pour une seule population. Ce modèle décompose les taux de mortalité propres à l'âge sur une certaine période en taux de mortalité moyens propres à l'âge, la tendance de la mortalité, l'ampleur de l'évolution de la mortalité à un âge donné et un terme de bruit.

Prototype important de différents modèles de prévision cohérente de la mortalité de plusieurs populations, le modèle augmenté de facteurs communs (AFC) proposé par Li et Lee (2005) élargit la portée du modèle de Lee-Carter à plusieurs populations. Les modèles de prévision cohérente de la mortalité de plusieurs populations ont été élaborés pour éviter les chevauchements ou les divergences irréalistes que l'on serait susceptible d'observer dans les prévisions de mortalité entre les pays ou entre les sexes si l'on appliquait un modèle à une seule population séparément à chaque population. Les modèles de prévision cohérente découlent de l'idée que les prévisions de mortalité chez des populations affichant des développements de la mortalité similaires ne sont pas censées diverger de façon considérable, même lorsqu'il subsiste des différences structurelles entre ces populations. D'autres modèles de prévision cohérente de la mortalité de plusieurs populations sont en cours d'élaboration, notamment par Li et Hardy (2011); Russolillo et coll. (2011); Li (2013); Wang et Yang (2013); Zhou et coll. (2014); Kleinow (2015), entre autres. Un autre courant déterminant de la documentation sur la modélisation de la mortalité de plusieurs populations s'appuie sur une structure de taux de mortalité âge-période-cohorte (APC), une méthodologie depuis longtemps reconnue en épidémiologie. Les publications de Dowd et coll. (2011); Janssen et coll. (2013), notamment, sont représentatives de cet autre courant. L'idée de base des modèles fondés sur la structure APC est de décrire une relation mathématique entre les taux de décès et l'âge atteint, et ce pour une période déterminée et une cohorte de naissance. Par ailleurs, une approche fondée sur les données fonctionnelles a aussi été adoptée récemment pour la modélisation de la mortalité de plusieurs populations, par exemple, par Hyndman et coll. (2013); Shang et Hyndman (2017). De plus, Li et coll. (2015) ont proposé des généralisations à population à deux variables pour les modèles à une seule population M1 à M3 et M5 à M8 de Cairns et coll. (2009).

Il a été largement établi que les modèles de prévision cohérente de la mortalité sont généralement supérieurs aux modèles de prévision individuelle de la mortalité, mais les modèles à plusieurs populations n'ont jusqu'ici été appliqués qu'à un groupe de populations se trouvant à des étapes de développement de la mortalité similaires, en ce sens qu'elles suivent des trajectoires ou des schémas de développement comparables (voir, p. ex., Li et Lee (2005); Li et coll. (2017)).

Dans le présent document, nous proposons un cadre qui décrit un système de mortalité à population à deux variables permettant de prendre en compte à un même moment deux populations à différents stades de développement de la mortalité. Le modèle est conçu en se fondant sur le fait, largement confirmé par l'analyse empirique des données sur la mortalité, que des populations différentes présentent certains points communs dans leurs trajectoires d'évolution respectives dans le temps. Selon Zhou et coll. (2014), certaines populations dominent, tandis que d'autres suivent leur dynamique en matière de mortalité. Ainsi, un pays en développement pourrait avoir affiché pendant la dernière décennie une dynamique d'amélioration de sa mortalité similaire à celle qu'avait antérieurement connue un pays développé dans les années 1990. De plus, comme le mentionnent Li et coll. (2015) à la section 5.4, les estimations de l'effet de période, qui saisissent la tendance de l'évolution de la mortalité au fil du temps, varient généralement ensemble pour deux populations, même si celles-ci sont à des niveaux absolus différents. Du fait de cette similarité dans les trajectoires et schémas de leurs taux de mortalité, des populations à différents stades d'évolution peuvent malgré tout fournir des informations utiles pour améliorer l'efficacité de la prédiction de la mortalité, au moyen d'un modèle bien conçu de prévision de la mortalité capable de saisir à la fois cette évolution parallèle et son décalage dans le temps.

Notre cadre établit un processus sous-jacent de TCM pour deux populations à des stades de développement de la mortalité possiblement différents, afin de caractériser les points communs dans l'évolution des sociétés humaines. À des fins d'illustration, nous nous concentrons sur deux formulations particulières, que nous appellerons les modèles TCM-AFC et TCM-CBD (Cairns-Blake-Dowd) et qui correspondent respectivement au modèle AFC et à la version à deux populations du modèle CBD proposé dans Cairns et coll. (2006) (c.-à-d. le modèle M5 dans Cairns et coll. (2009)). Nous utilisons le modèle TCM à population à deux variables, qui est un des principaux aspects de ce document, comme apprenant de base et élaborons un cadre demandant relativement peu de puissance de calcul qui emprunte de façon efficace de l'information sur plusieurs populations pour produire une prédiction pour une population cible. Ce cadre de travail repose sur une mise en pratique innovante du concept statistique de calcul de la moyenne des modèles, qui consiste à élaborer des modèles à population à deux variables entre la population cible et chaque population d'un bassin de populations candidates, puis à sélectionner et agréger un sous-ensemble de ces modèles à population à deux variables pour prédire la mortalité dans la population cible.

Nous appliquons, dans deux études empiriques distinctes, notre méthode de prédiction fondée sur le calcul de la moyenne des modèles aux données sur la mortalité de 24 populations des deux sexes, tirées de la Human Mortality Database (HMD), que l'on peut trouver sur le site <https://www.mortality.org/>. Dans la première étude empirique, nous prenons le modèle TCM-AFC comme apprenant de base et appliquons notre méthode pour prédire les taux de mortalité de 0 à 100 ans. Dans la seconde étude empirique, nous prenons le modèle TCM-CBD comme apprenant de base, car nous ne souhaitons prédire la mortalité que pour les personnes âgées de 55 à 90 ans, et il est bien connu que la précision prédictive du modèle CBD est supérieure à celle des autres modèles en ce qui concerne les âges des personnes âgées.

Les deux études empiriques confirment que la méthode fondée sur les TCM que nous proposons produit des prédictions nettement meilleures à celles de plusieurs modèles de référence examinés dans notre étude. Par ailleurs, le cadre fournit également des informations utiles pour l'interprétation des données actuelles sur la mortalité, grâce à l'introduction d'un paramètre

Δt . Ce paramètre, qui vise à caractériser le « stade d'évolution » d'une population par rapport à une autre dans le processus de TCM peut saisir le niveau de mortalité relatif de la population cible dans la plupart des cas examinés dans nos études empiriques. Le degré de corrélation entre la valeur Δt et le niveau de mortalité dépend du degré de prédominance du processus de TCM par rapport aux effets propres à la population dans le modèle TCM. Lorsque le processus de TCM prédomine par rapport à l'évolution de la mortalité, on peut s'attendre à une forte corrélation négative entre la valeur Δt et le niveau de mortalité d'une population cible, et inversement. Nous élaborons une mesure d'échelle relative pour évaluer le degré de prédominance du processus de tendance commune dans un modèle TCM. Nous observons une forte corrélation négative entre la valeur Δt et le niveau de mortalité (représenté par les taux de mortalité logarithmiques agrégés de l'ensemble des âges considérés et la période des données d'apprentissage) dans les populations où la mesure d'échelle relative est faible. En particulier, la mesure d'échelle relative est petite pour tous les modèles TCM-CBD considérés dans la seconde étude empirique, et on observe des coefficients de corrélation de Pearson aussi élevés que -0,896 et -0,971, pour les populations de femmes et d'hommes respectivement, entre la valeur Δt et le niveau de mortalité. Dès lors, le paramètre Δt , dans le modèle TCM-CBD, constitue un indice simple, mais informatif, pour décrire le nombre d'années d'avance que peut avoir une population par rapport à une autre dans l'évolution de sa mortalité.

2 expose de façon générale notre modèle TCM à population à deux variables et décrit deux cas particuliers d'application du modèle. La section 3 présente différentes méthodes de calcul de la moyenne des modèles que nous élaborons pour prédire la mortalité. La section 4

5 conclut par quelques remarques et explications sur les études à venir.

2 Le modèle TCM à population à deux variables

2.1 Présentation générale du modèle

Soit $\eta_j(x, t)$, une grandeur propre à un âge caractérisant le niveau de mortalité à l'âge x pour l'année t de la population j , pour $t = 0, 1, \dots, T$, $x = x_1, \dots, x_n$ et $j = 1, 2$. La première population ($j = 1$) fait l'objet de la prédiction de mortalité; nous l'appellerons la « population cible ». La seconde population ($j = 2$) est incluse afin d'en emprunter l'information; nous l'appellerons la « population de référence ». Le modèle de TCM à population à deux variables est formulé comme suit :

$$\eta_1(x, t) = F(x, t) + f_1(x, t) + \epsilon_1(x, t), \quad (1)$$

$$\eta_2(x, t) = F(x, t - \Delta t) + f_2(x, t) + \epsilon_2(x, t), \quad (2)$$

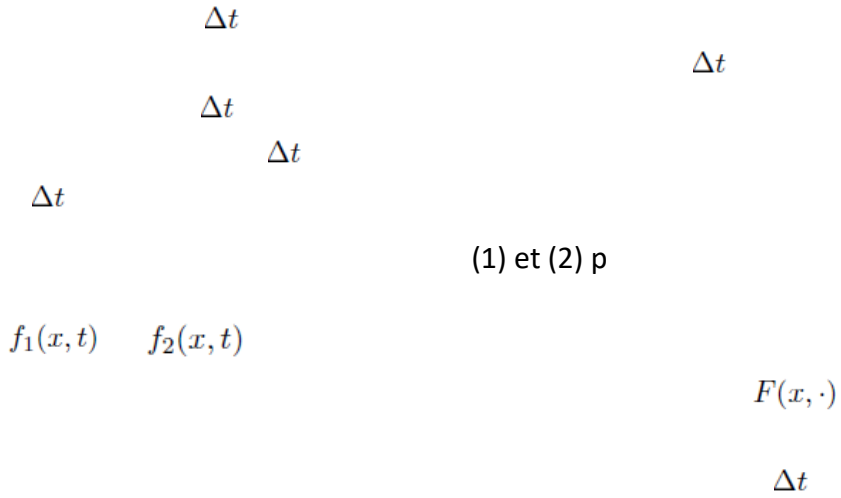
$$t = 0, 1, \dots, T, \quad x = x_1, \dots, x_n, \quad F(x, t)$$

Δt

$$f_1(x, t) \quad f_2(x, t)$$

$$\epsilon_1(x, t) \quad \epsilon_2(x, t)$$

a) Le processus $F(x, \cdot)$ commun aux équations (1) et (2) met en lumière la fonction centrale du modèle TCM et les valeurs de l'hypothèse principale du modèle. Le processus sous-jacent de TCM définit le développement de la mortalité des deux populations, même si celles-ci peuvent en être à des stades différents de cette évolution.



$$\eta_j(x, t), F(x, t) \quad f_j(x, t) \quad \Delta t$$

$$\Delta t$$

Li et Lee (2005) et du

modèle CBD (modèle M5 dans Cairns et coll., 2009).

Le prolongement du cadre proposé à d'autres modèles de mortalité est également viable pour différentes spécifications de $\eta_j(x, t)$, $F(x, t)$ et $f_j(x, t)$, et ces versions prolongées du modèle permettent d'obtenir des résultats.

- e) Dans la documentation, des modèles chronologiques multivariés, comme le modèle VAR ou le modèle VECM, ont été introduits pour modéliser l'évolution parallèle de la mortalité chez plusieurs populations au fil du temps (voir, p. ex., Zhou et coll. (2014)). La corrélation croisée entre l'amélioration de la mortalité globale de deux populations est implicitement modélisée et saisie par des paramètres correspondants dans un modèle VAR/VECM. En revanche, notre modèle TCM saisit la covariation d'une manière différente. Il décompose expressément l'amélioration de la mortalité globale en un processus commun aux deux populations et en un processus propre à chaque population. En même temps, le paramètre Δt indique de façon transparente celle des deux populations qui est au stade d'évolution de la mortalité le plus avancé dans le modèle. D'après notre étude empirique (voir section 4), la valeur calibrée de Δt caractérise bien la position relative de l'évolution de la mortalité parmi les populations.

2.2 Modèle CMT-ACF

2.2.1 Spécification du modèle TCM-AFC

Pour $t = 0, 1, \dots, T$, $x = x_1, \dots, x_n$ et $j = 1, 2$, en posant $\eta_j(x, t) = \log m_j(x, t)$, soit le taux central de mortalité logarithmique propre à l'âge, à l'âge x , au cours de l'année t , pour la population j , et en supposant également que

$$\begin{aligned} F(x, t) &= B(x)K(t), \\ f_j(x, t) &= a_j(x) + b_j(x)k_j(t), \end{aligned}$$

(1) et (2), nous arrivons à la spécification de modèle suivante :

$$\log m_1(x, t) = a_1(x) + B(x)K(t) + b_1(x)k_1(t) + \epsilon_1(x, t), \quad (3)$$

$$\log m_2(x, t) = a_2(x) + B(x)K(t - \Delta t) + b_2(x)k_2(t) + \epsilon_2(x, t). \quad (4)$$

Li et Lee (2005), et, si on fixe en outre $\Delta t = 0$, le modèle aboutit exactement au modèle AFC à population à deux variables. Dès lors nous désignerons la spécification du modèle TCM des équations (3) et (4) sous le nom de modèle TCM-AFC. Dans le modèle, le terme de la tendance commune se décompose en $B(x)$ et $K(t)$, ce qui décrit la TCM en fonction de l'âge et de l'année pour les deux populations. Dans le même temps, $b_j(x)$ et $k_j(t)$ constituent les composantes propres à la population qui tiennent compte de la tendance évolutive distincte des populations individuelles. Comme dans le modèle AFC, on impose les contraintes ci-dessous :

$$\sum_{l=1}^n B(x_l) = 1, \quad \sum_{t \in \mathbb{S}} K(t) = 0, \quad \sum_{l=1}^n b_j(x_l) = 1, \quad \sum_{t=0}^T k_j(t) = 0$$

et

$$\mathbb{S} = \begin{cases} \{-\Delta t, -\Delta t + 1, \dots, T\} & \text{si } \Delta t \geq 0; \\ \{0, 1, \dots, T - \Delta t\}, & \text{sinon.} \end{cases}$$

2.2.2 Calibration et extrapolation du modèle TCM-AFC

2.4, qui s'applique à tous les modèles TCM. Nous prenons ci-dessous un Δt fixe pour hypothèse et décrivons la procédure de calibration et d'extrapolation pour les autres composantes du modèle TCM-AFC. La procédure comprend plusieurs étapes :

$$E_j(x, t)$$

$$\frac{E_1(x, t)m_1(x, t) + E_2(x, t)m_2(x, t)}{E_1(x, t) + E_2(x, t)}$$

Les données agrégées obtenues couvrent l'horizon temporel $[-\Delta t, T]$ si $\Delta t \geq 0$, ou $[0, T - \Delta t]$ si $\Delta t < 0$; autrement dit,

- Lorsque $\Delta t \geq 0$:

$$\Delta t$$

$$\Delta t$$

$$\Delta t$$

$$\Delta t$$

$$\Delta t$$

$$\Delta t$$

données de la population cible ($j = 1$) et de la population de référence ($j = 2$);

- Au-delà de $(T, T - \Delta t]$, elles ne contiennent que les données de la population de référence ($j = 2$).

2. Nous calibrons le modèle TCM au moyen des données agrégées de l'étape 1. Plus précisément, nous calibrons $B(x)$ et $K(t)$ en tant que premiers vecteurs singuliers gauche et droit de la méthode de décomposition en valeurs singulières (SVD) qui est appliquée aux données agrégées centralisées. La longueur de la séquence calibrée $K(t)$ dépend de la valeur de Δt . L'indice temporel du $K(t)$ réalisé est $\{-\Delta t, -\Delta t+1, \dots, T\}$ pour $\Delta t \geq 0$ et $\{0, 1, \dots, T - \Delta t\}$ pour $\Delta t < 0$.
3. Pour chaque $j = 1, 2$, nous notons les taux résiduels $R_1(x, t) = [\log m_1(x, t) - B(x)K(t)]$ et $R_2(x, t) = [\log m_2(x, t) - B(x)K(t - \Delta t)]$. Nous calibrons ensuite $a_j(x)$ comme étant égal à la moyenne des taux résiduels sur l'ensemble de la période de modélisation pour chaque population et chaque âge :

$$a_j(x) = \frac{1}{T+1} \sum_{t=0}^T R_j(x, t), \quad j = 1, 2, \quad \text{et } x = x_1, \dots, x_n. \quad (5)$$

$$b_j(x) \quad k_j(t) \quad R_j(x, t) - a_j(x)$$

5. Nous ajustons chacune des séquences $K(t)$ et $k_j(t)$ obtenues au moyen d'un modèle autorégressif à moyennes mobiles intégré (modèle ARIMA). Dans notre étude, nous appliquons à chaque séquence la fonction **auto.arima** du module **forecast** du progiciel R.

(3)

$$\begin{matrix} \Delta t & \Delta t \\ \Delta t & \end{matrix} \quad 1$$

Δt 1 couvrent l'horizon

temporel $[0, T - \Delta t]$, où nous remarquons que $T - \Delta t > T$. Dans ce cas, nous entrons directement les valeurs calibrées de $K(t)$ obtenues à l'étape 2 dans l'équation (3) pour obtenir les prévisions de mortalité sur la période $[T, T - \Delta t]$, et nous appliquons la méthode d'extrapolation pour obtenir des prévisions au-delà de l'année $T - \Delta t$.

2.3 Modèle CMT-CBD

2.3.1 Spécification du modèle TCM-CBD

Si $q_j(x, t)$ désigne la probabilité qu'un individu de la population j âgé de x au moment t décède entre t et $t + 1$, sachant qu'il est en vie au moment t , pour $t = 0, 1, \dots, T$, $x = x_1, \dots, x_n$ et $j = 1, 2$. En définissant le modèle TCM dans les équations (1) et (2), avec

$$\begin{aligned}\eta_j(x, t) &= \text{logit } q_j(x, t) \equiv \log \left[\frac{q_j(x, t)}{1 - q_j(x, t)} \right], \\ F(x, t) &= K(t), \\ f_j(x, t) &= (x - \bar{x})k_j(t),\end{aligned}$$

nous obtenons le système d'équations suivant :

$$\log \left[\frac{q_j(x, t)}{1 - q_j(x, t)} \right] = K(t) + (x - \bar{x})k_1(t) + \epsilon_1(x, t), \quad (6)$$

$$\log \left[\frac{q_j(x, t)}{1 - q_j(x, t)} \right] = K(t - \Delta t) + (x - \bar{x})k_2(t) + \epsilon_2(x, t), \quad (7)$$

$$j = 1, 2, t = 0, 1, \dots, T, x = x_1, \dots, x_n \quad \bar{x} = \sum_{l=1}^n x_l/n.$$

Cairns et

coll. (2006) ou que le modèle M5 dans Cairns et coll. (2009), $B(x) = 1$ $b_j(x) = x - \bar{x}$

(6) et (7) comme le modèle TCM-CBD. Cette spécification élargit le modèle CBD au scénario à population à deux variables, où le terme d'âge-période $K(t)$ est commun aux deux populations, mais où celles-ci en sont à des étapes d'évolution différentes.

La calibration du paramètre Δt pour le modèle TCM-CBD s'effectue de la même façon que pour le modèle TCM-AFC. Nous décrivons les détails de la calibration à la section 2.4. L'extrapolation du modèle peut s'effectuer en suivant les étapes 5 et 6 décrites à la section 2.2.2 pour le modèle TCM-AFC. Nous décrivons ci-dessous la procédure de calibration du modèle TCM-CBD pour un paramètre Δt fixe. Les étapes sont les suivantes :

$$\begin{array}{ccc} & d_j(x, t) & \\ & E_j(x, t) & \\ q_j(x, t), & d_j(x, t) \sim \text{Bin}[E_j(x, t), q_j(x, t)] & \\ & d_j(x, t) & E_j(x, t) \end{array}$$

$$\ell = \sum_{j=1}^2 \sum_{l=1}^n \sum_{t \in \mathbb{S}} \ell(d_j(x_l, t), q_j(x_l, t)) \quad (8)$$

où

$$\ell(d_j(x, t), q_j(x, t)) \propto d_j(x, t) \log [q_j(x, t)] + [E_j(x, t) - d_j(x, t)] \log [1 - q_j(x, t)].$$

3. Les équations (6) et (7), permettent d'arriver aux deux expressions suivantes :

$$q_1(x, t) = \text{expit} [K(t) + (x - \bar{x})k_1(t)], \quad (9)$$

$$q_2(x, t) = \text{expit} [K(t - \Delta t) + (x - \bar{x})k_2(t)], \quad (10)$$

$$\text{où } \text{expit}(u) = \frac{\exp(u)}{1 + \exp(u)}.$$

4. Nous calibrons les séquences $K(t)$ et $k_j(t)$ en insérant les expressions de $q_j(x, t)$ (9) et (10) dans la fonction de log-vraisemblance (8), puis en la maximisant par rapport à $K(t)$ et à $k_j(t)$ au moyen de la méthode itérative de Newton-Raphson.

$$\Delta t$$

Le paramètre Δt sert à exprimer le nombre d'années de décalage dans le développement de la mortalité entre la population de référence et la population cible dans notre modèle TCM. La façon de déterminer la valeur de Δt est comparable à celle que l'on utilise pour définir les valeurs des hyperparamètres en apprentissage statistique, ce qui peut s'effectuer au moyen d'une méthode de validation. Dans cette méthode, l'ensemble de données d'apprentissage est divisé en un ensemble destiné à la modélisation et un autre destiné à la validation. L'ensemble destiné à la modélisation sert à calibrer le modèle TCM en attribuant différentes valeurs à Δt parmi un ensemble prédéfini de valeurs entières. Cette méthode de modélisation renvoie un ensemble de modèles correspondant respectivement chaque valeur entière de l'ensemble prédéfini. L'ensemble destiné à la validation est utilisé de façon séquentielle pour déterminer la valeur de Δt à utiliser pour prévoir la mortalité. Ici, la valeur choisie pour Δt est la valeur qui renvoie la somme des carrés des écarts (SSE) globale la plus basse pour prévoir $\eta_j(x, t)$, qui correspond à $\log m_j(x, t)$ dans le modèle TCM-ACF et à $\text{logit} q_j(x, t)$ dans le modèle TCM-CBD, en utilisant les données de validation à la fois de la population cible et de la population de référence.

4, nous utilisons la plage prédéfinie de valeurs entières $[-10, 10]$ pour définir le paramètre Δt . Si l'on prend deux populations données, il apparaît parfois clairement que l'étape de développement de la mortalité de la population cible est en avance sur celle de la population de référence, ou inversement. Il convient alors de choisir un ensemble de valeurs entières uniquement positives ou uniquement négatives pour déterminer le paramètre Δt . À la section 4, nous appliquons le modèle TCM à plusieurs paires de populations parmi 30 populations.

Nous avons adopté à cet effet de façon universelle la plage de valeurs $\{-10, -9, \dots, 9, 10\}$ comme ensemble de valeurs candidates pour Δt , de sorte que la méthode de prévision repose entièrement sur des données et non sur un jugement subjectif de notre part quant aux étapes de développement de la mortalité dans les populations.

3 La prévision fondée sur la méthode de calcul de la moyenne des modèles

À des fins d'essai, nous ajustons le modèle TCM à la HMD et étudions son potentiel d'amélioration de l'efficacité des prédictions de mortalité. La HMD contient des données sur les taux de mortalité humaine dans 47 pays ou régions.

Le modèle TCM proposé à la section 2 nous permet d'emprunter de l'information sur une population de référence. Il serait naturel de penser emprunter de l'information sur plusieurs populations pour développer un modèle TCM à populations multiples, mais l'effort demandé serait prohibitif. Pour un groupe de n populations, il faudrait introduire un paramètre $(n - 1) \Delta t$ pour pouvoir saisir adéquatement les niveaux de développement relatifs des populations n . L'introduction de plusieurs paramètres Δt augmenterait considérablement la complexité des calculs de calibration du modèle, et il serait extrêmement difficile, d'un point de vue statistique, d'en tirer des résultats significatifs pour prévoir la mortalité.

Au vu du fardeau mathématique que serait la calibration d'un modèle TCM à plusieurs populations, nous proposons une méthode de calcul de la moyenne des modèles pour emprunter l'information, nous permettre d'exploiter les modèles TCM à population à deux variables en tant que composantes de base, et d'établir des règles de prédiction améliorées à partir de l'information empruntée à propos de plusieurs populations. Plus précisément, en considérant une population cible et un groupe de populations de référence, nous élaborons des modèles TCM à population à deux variables entre la population cible et chacune des populations de référence en question. Chaque modèle à population à deux variables permet alors d'obtenir des résultats extrapolés (c.-à-d. des prédictions) sur les taux de mortalité futurs dans la population cible et, en faisant la moyenne des résultats extrapolés des différents modèles TCM à population à deux variables, de dégager une prédiction finale.

- **Moyenne simple (SimAvg)** : Il s'agit de la stratégie la plus élémentaire, qui prend en compte toute l'information accessible. Chaque population de référence du groupe est utilisée avec la population cible pour créer un modèle TCM à population à deux variables. La prédiction de mortalité finale pour la population cible est la simple moyenne des prédictions de tous ces modèles à population à deux variables.
- **Moyenne fondée sur l'information géographique (GeoAvg)** : Nous utilisons la proximité géographique comme information exogène pour prédéfinir des groupes géographiques. Pour une population cible donnée, la prédiction finale est la moyenne des prédictions des modèles TCM qui sont calibrés à partir des populations de référence du même groupe géographique.
- **Moyenne fondée sur le regroupement des résultats (KmeansAvg)** : Cette stratégie est fondée sur les données et s'appuie, par exemple, sur une analyse par groupe pour trouver des populations présentant des caractéristiques de mortalité comparables (voir Hatzopoulos (2013)). Nous appliquons un algorithme de regroupement afin de constituer un groupe donné de populations. La prédiction finale pour la population cible résulte de la moyenne des prédictions des modèles TCM à population à deux variables établis entre la population cible et chacune des populations de référence faisant partie du même groupe que le groupe cible.
- **Classement et moyenne (RankAvg)** : Cette stratégie nécessite une méthode de validation. Elle repose sur l'idée selon laquelle les populations les plus « pertinentes » tendent à apporter plus d'informations et à rendre les modèles TCM à population à deux variables correspondants plus précis pour prédire la mortalité de la population cible. Nous classons donc tous les modèles TCM établis entre la population cible et chaque population de référence du groupe en fonction de l'importance de la somme des carrés des écarts (SSE) de validation résultantes de $\eta_1(x, t)$, qui se calcule à partir du même jeu de données de validation que celui qui est utilisé pour définir la valeur de Δt (voir section (2.4)). Nous prenons la moyenne des prédictions des modèles TCM qui renvoient les SSE les plus bas pour le même jeu de données de validation et obtenons ainsi une prédiction de la mortalité de la population cible. Les résultats de la prédiction dépendent bien sûr du nombre de modèles TCM les mieux classés que nous utilisons pour établir la moyenne, ce que nous définissons au moyen d'une méthode de validation.

4 Analyse empirique

Dans cette nouvelle section, nous évaluons de façon empirique l'efficacité des méthodes de prédiction que nous proposons, en les comparant, au moyen d'une analyse de la HMD, à plusieurs modèles de référence traditionnels. Dans la section 4.1, nous décrivons la sélection de populations que nous utilisons pour notre analyse. Dans la section 4.2, nous effectuons une étude sur l'efficacité de la moyenne des modèles à partir des modèles TCM-AFC et évaluons la

prédiction de mortalité pour une plage complète de 0 à 100 ans. Dans la section 4.3, nous resserrons le champ de notre analyse sur le groupe des personnes âgées de 55 à 90 ans et étudions les stratégies de calcul de la moyenne des modèles en nous appuyant sur les modèles TCM-CBD, étant donné que le modèle CBD est connu pour son efficacité supérieure pour caractériser le développement de la mortalité chez les personnes âgées. Dans ces deux études, nous présentons les prédictions pour la cible combinée (la population totale) et la cible selon le sexe (les populations respectives d'hommes et de femmes).

4.1 Description des données

Le choix des populations de la HMD retenues pour notre analyse s'appuie sur Diao et coll. (2020). Pour équilibrer les différents facteurs, notamment la taille du groupe de candidats, la durée de la période de l'étude et le nombre de valeurs manquantes, nous nous sommes concentrés sur les données relatives à la mortalité de 30 populations entre 1970 et 2010. Les données sur la mortalité (1970-2010) sont divisées en un ensemble de données d'apprentissage (1970-2002) et un ensemble de données d'essai (2003-2010). Comme une méthode de validation est nécessaire pour déterminer la valeur du paramètre Δt dans les modèles TCM, l'ensemble d'apprentissage est à son tour divisé en un ensemble de modélisation (1970-1994) et un autre de validation (1995-2002).

Selon Brainerd et Cutler (2005), des catastrophes démographiques, à savoir des hausses brutales des taux de décès, se sont produites dans plusieurs pays de l'ancienne Union soviétique. Comme nous avons observé que les populations peuvent parfois afficher différents types de profils de développement au fil du temps et ainsi faire mentir l'hypothèse selon laquelle il existerait des tendances communes entre les populations au fil du temps, nous souhaitons effectuer une analyse préliminaire pour éclairer la sélection des populations.

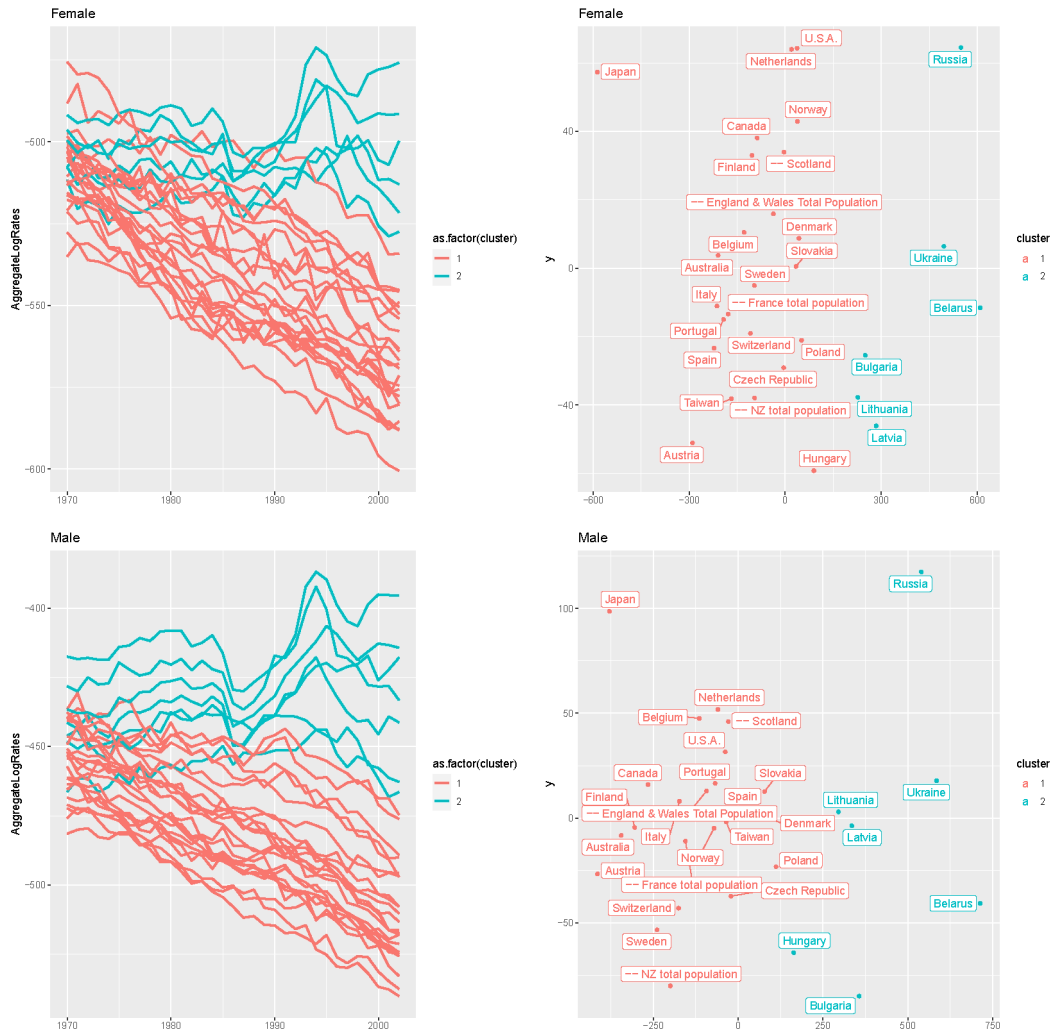
Nous illustrons d'abord la séquence de mortalité logarithmique par groupes d'âge de chacune des 30 populations dans le volet gauche de la figure 1. Nous effectuons ensuite une analyse par groupe de type regroupement en moyennes- k afin de détecter des dissimilarités structurelles entre les séquences de mortalité logarithmique par groupes d'âge. La méthode de regroupement en moyennes- k est conçue pour exclure l'effet sur la dissimilarité entre différentes populations du niveau de mortalité. La méthode en moyennes- k est décrite ci-dessous :

1. Nous établissons avant tout une matrice de dissimilarités D avec les entrées $D_{i,j}$ correspondant à la variance de la séquence $\text{diff}_{i,j}(t) = \sum_x \log_i(x, t) - \sum_x \log_j(x, t)$, qui représente la différence entre les deux séquences de mortalité logarithmique par groupes d'âge pour la population i et la population j .
2. Nous utilisons la méthode d'analyse multidimensionnelle (MDS) comme outil pour ramener la matrice D à deux dimensions. D'après Cox et Cox (2008), cette méthode produit une configuration de points dans un espace bidimensionnel, où chaque point représente chaque séquence originale, tandis que la distance entre deux points exprime autant que possible les dissimilarités originales $D_{i,j}$.

3. Nous procédons alors à un regroupement en moyennes- k sur le résultat bidimensionnel de la méthode MDS.

Il est bon de préciser que la variance est utilisée, dans la méthode en moyennes- k ci-dessus, pour éviter que la disparité des niveaux de mortalité ne contribue aux dissimilarités entre les différentes populations. Le volet droit de la figure 1 illustre les résultats du regroupement. On peut observer, dans la figure 1, que la majeure partie des anciens pays membres de l'Union soviétique ont un schéma d'évolution de la mortalité différent de celui des autres pays, et qu'ils apparaissent dans un groupe distinct (en bleu), à l'écart de ces derniers (en rouge). Comme les populations « déviantes » ont très peu en commun avec les autres, nous excluons de notre étude les données relatives à la Biélorussie, à la Bulgarie, à la Lettonie, à la Lituanie, à la Russie et à l'Ukraine, ce qui nous laisse uniquement avec les données sur la mortalité, pour la période de 1970 à 2010, des 24 populations énumérées au tableau 1, avec, en regard, leur groupe géographique prédéfini, comme dans Diao et coll. (2020).

Figure 1 : Résultat du regroupement des taux de mortalité logarithmique par groupes d'âge à partir de la méthode MDS (en haut, les femmes et, en bas, les hommes)



*Cette figure est disponible en anglais seulement.

4.2 Étude empirique au moyen du modèle TCM-AFC

Dans cette étude empirique, nous nous penchons sur l'efficacité de la méthode de calcul de la moyenne des modèles en utilisant, comme composantes de base, les modèles TCM-AFC. Nous étudions ces modèles TCM-AFC à travers différentes stratégies de calcul de la moyenne des modèles et comparons leur efficacité pour la prédiction des taux de mortalité entre 0 et 100 ans à celle des modèles AFC traditionnels.

4.2.1 Les modèles de prédiction

1 comme population cible et déterminons sa valeur prédite au moyen d'une des stratégies de calcul de la moyenne des modèles proposées à la section 3. Plus précisément, pour une population cible donnée, nous établissons un modèle TCM à deux variables avec chacune des 23 autres

populations, ce qui permet d'obtenir 23 règles de prédiction. La méthode de calcul de la moyenne des modèles utilise les valeurs prédites générées par l'ensemble ou un sous-ensemble de ces 23 règles de prédiction et en calcule la moyenne pour aboutir à une prédiction finale. Nous répétons la formule du modèle, le calcul de la moyenne des modèles et la prédiction pour chacune des 24 populations du tableau 1. Nous répétons l'analyse de façon distincte pour chaque sexe (hommes et femmes séparément) sur les 24 populations.

Table 1 : 24 populations de la HMD et leur régions géographiques prédéfinies

Population cible	Région géographique	Population cible	Région géographique
Australie	Océanie	Pays-Bas	Europe de l'Ouest
Autriche	Europe de l'Ouest	Nouvelle-Zélande	Océanie
Japon	Asie	Norvège	Scandinavie
Belgique	Europe de l'Ouest	Pologne	Europe de l'Est
Écosse	Grande Bretagne	Portugal	Europe du Sud
Canada	Amérique du Nord	États-Unis	Amérique du Nord
République tchèque	Europe de l'Est	Slovaquie	Europe de l'Est
Danemark	Scandinavie	Espagne	Europe du Sud
Finlande	Scandinavie	Suède	Scandinavie
France	Europe de l'Ouest	Suisse	Europe de l'Est
Hongrie	Europe de l'Est	Taiïwan	Asie
Italie	Europe du Sud	Angleterre et pays de Galles	Grande-Bretagne

Nous intégrons à présent au modèle TCM-AFC les quatre stratégies de calcul de la moyenne proposées à la section 3 et les désignerons comme suit :

- **TCM-AFC-SimAvg** : La prédiction finale est une simple moyenne des valeurs prédites au moyen des 23 modèles TCM-AFC à deux variables.
- **TCM-AFC-GeoAvg** : La prédiction finale est une moyenne des valeurs prédites au moyen des modèles TCM-AFC établis, en choisissant la population de référence dans la même région géographique que la population cible (voir le détail des groupes géographiques au tableau 1).
- **TCM-AFC-KmeansAvg** : Un algorithme de partitionnement en moyennes- k (avec huit groupes et 1 000 initialisations aléatoires indépendantes) est appliqué aux taux de mortalité logarithmique des 30 populations. Cela permet d'obtenir huit groupes de populations. La prédiction finale est une moyenne des valeurs prédites au moyen des modèles TCM-AFC, en choisissant la population de référence dans le même groupe que la population cible.

- **TCM-AFC-RankAvg** : La prédiction finale est une moyenne des valeurs prédites à partir des modèles TCM s les mieux classés. La valeur s se détermine comme suit :
 1. Nous classons les 23 modèles TCM à population à deux variables en fonction des SSE de validation pour les taux de mortalité logarithmique, classées par ordre croissant ;
 2. Nous établissons une règle de prédiction en faisant la moyenne des premiers modèles TCM u à partir de la liste ordonnée, pour $u = 1, 2, \dots, 23$.
 3. Nous calculons la SSE de validation pour chacune des 23 règles de prédiction établies à l'étape précédente, puis nous désignons par s la règle qui renvoie la SSE la plus basse.

Remarque 1. *a) Il est également bon de souligner que la stratégie KmeansAvg est une application aux taux de mortalité logarithmique de la simple méthode de partitionnement en moyennes-k. Avec les stratégies KmeansAvg, le niveau de mortalité de chaque population influence les résultats du regroupement en moyennes-k, contrairement à ce que l'on observe avec le regroupement en moyennes-k fondé sur une méthode MDS. Autrement dit, la similarité du niveau de mortalité est un des facteurs (en plus des schémas de développement de la mortalité) qui permettent de classer deux populations dans le même groupe.*

b) Parmi les quatre stratégies de calcul de la moyenne ci-dessus, nous nous attendons à ce que les stratégies GeoAvg et KmeansAvg s'avèrent de façon générale moins efficaces, pour les raisons ci-après, dans la présente étude empirique que les stratégies SimAvg et RankAvg. En premier lieu, l'analyse préliminaire décrite à la section 4.1 a exclu les populations « déviantes » de l'analyse. Les 24 populations restantes pour l'analyse affichent des schémas de développement de la mortalité comparables, et il semble qu'un modèle TCM est viable pour chaque paire de ces populations. En second lieu, les stratégies GeoAvg et KmeansAvg empruntent uniquement l'information d'un petit sous-ensemble du groupe de populations et n'utilisent aucune information extérieure à ce sous-ensemble qui pourrait être utile. Cela contredit l'idée de base de notre modèle TCM, qui permet d'emprunter de l'information de populations se trouvant à des stades différents de développement de la mortalité en plus d'informations sur des populations à des stades de développement comparables.

Nous examinons les méthodes de référence suivantes à titre comparatif :

- **Lee-Carter** : Le modèle de Lee-Carter est ajusté séparément à chaque population. La séquence de kt obtenue par une méthode de décomposition en valeurs singulières (SVD) est ajustée au moyen de la fonction auto.arima du module forecast du progiciel R pour rechercher un modèle ARIMA adapté.
- **ACF-AIO** : Le modèle AFC est ajusté de façon combinée aux 24 populations.
- **ACF-GeoInfo** : Le modèle AFC est ajusté à chaque groupe géographique du tableau 1.

- **ACF-kmeans** : Le modèle AFC est ajusté à chaque groupe résultant de l'algorithme de regroupement en moyennes- k .

Ces modèles de référence sont calibrés au moyen de l'ensemble de données d'apprentissage (1970-2002), et les modèles obtenus sont appliqués par extrapolation à la période d'essai (2003-2010) pour prédire la mortalité.

4.2.2 Efficacité de la prédiction

Évaluation fondée sur des SSE d'essai

La précision de la prédiction est évaluée en fonction des SSE d'essai, que l'on note $e(t)$ et qui correspondent à la somme des carrés des écarts entre les taux de mortalité logarithmique et le logarithme du taux de mortalité prédit, soit :

$$e(t) = \sum_{x=0}^{100} [\log m_1(x, t) - \log \widehat{m}_1(x, t)]^2, \quad t = 2003, \dots, 2010, \quad (11)$$

où $m_1(x, t)$ représente le taux de mortalité pour la population cible, et $\widehat{m}_1(x, t)$ désigne le taux de mortalité prédit. Plus la SSE des essais est basse, meilleure est l'efficacité de la prédiction.

Afin d'obtenir un aperçu de l'efficacité de chaque modèle de prédiction, nous calculons la SSE d'essai globale, $\sum_{t=2003}^{2010} e(t)$, pour chaque population cible et obtenons 24 SSE d'essai globales, pour chacune des 24 populations cibles respectivement. Le tableau 2 présente le premier quartile, le quartile médian, le quartile moyen et le troisième quartile des 24 SSE d'essai globales obtenues pour chaque modèle de prédiction. De façon générale, le tableau 2 montre que les modèles de prédiction fondés sur les modèles TCM que nous proposons, notamment les modèles TCM-AFC-RankAvg et TCM-AFC-SimAvg, produisent de façon régulière des essais d'essai plus bas et s'avèrent notablement plus efficaces que les modèles de référence. L'efficacité des modèles TCM-AFC-GeoAvg et TCM-AFC-KmeansAvg, même s'ils ne sont pas aussi précis que les deux autres modèles TCM, se compare aisément à celle des modèles de référence.

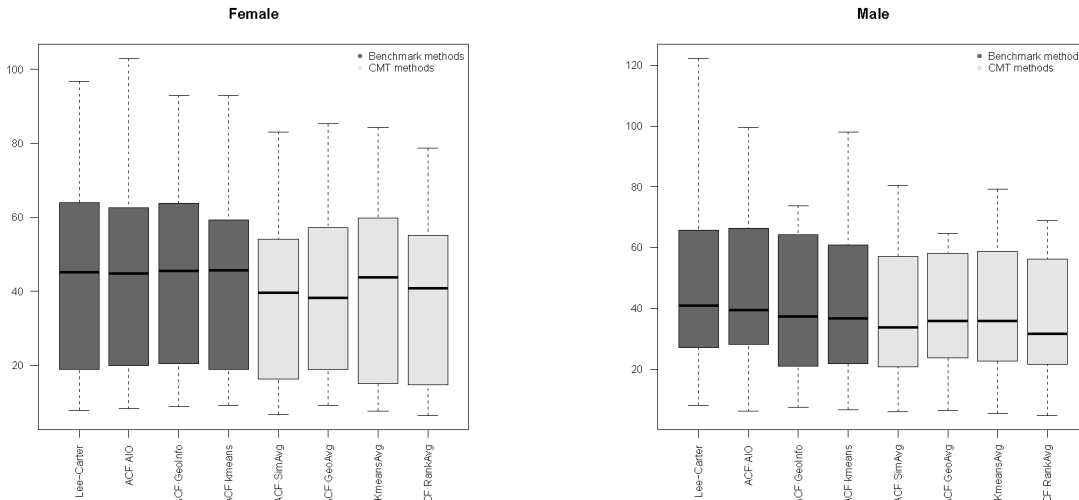
Tableau 2: Résumé statistique comparant l'efficacité prédictive des modèles TCM- AFC par rapport aux modèles de référence d'après les SSE d'essai pour les 24 populations de femmes et les 24 populations d'hommes

	1 ^{er} quartile	Médian	Moyen	3 ^e quartile
Femmes				
Lee-Carter	19,24	45,11	44,04	63,86
ACF·AIO	20,49	44,91	43,76	62,09
ACF·GeoInfo	20,95	45,49	42,96	63,77
ACF-kmeans	18,99	45,77	41,63	59,19
CMT-ACF·SimAvg	16,59	39,65	37,78	54,00
CMT-ACF·GeoAvg	19,43	38,21	38,95	56,67
CMT-ACF·KmeansAvg	15,11	43,79	39,51	59,47
CMT-ACF·RankAvg	15,04	40,84	37,34	54,73
Hommes				
Lee-Carter	28,28	40,85	49,07	65,29
ACF·AIO	28,28	39,54	46,90	65,76
ACF·GeoInfo	23,75	37,43	41,41	64,02
ACF-kmeans	24,35	36,70	42,31	58,82
CMT-ACF·SimAvg	23,00	33,67	36,66	56,69
CMT-ACF·GeoAvg	26,74	35,76	37,97	57,63
CMT-ACF·KmeansAvg	24,80	35,82	39,69	58,38
CMT-ACF·RankAvg	24,40	31,61	35,58	56,11

La figure 2 montre les diagrammes de quartile des SSE d'essai obtenus pour les 24 populations par les différents modèles de prédiction. La figure 2 contient deux volets, à gauche et à droite, correspondant respectivement aux résultats obtenus pour les populations d'hommes et de femmes. Dans chacun de ces volets, l'ordre des diagrammes de quartile suit quatre modèles de référence classique (en gris foncé), nommément les modèles de Lee-Carter, ACF·AIO, ACF·GeoInfo et ACF·moyennesk, et quatre modèles TCM (en gris clair), CMT-ACF·SimAvg, CMT-ACF·GeoAvg, CMT-ACF·KmeansAvg et CMT-ACF·RankAvg. Comme on peut l'observer dans la Figure 2, les modèles fondés sur la TCM affichent invariablement une valeur médiane inférieure, un nombre inférieur d'observations aberrantes et une variation plus faible des SSE d'essai. L'amélioration est plus nette pour les modèles TCM-AFC·RankAvg et TCM-AFC·SimAvg. Ces résultats confirment notre conclusion selon laquelle les modèles fondés sur la TCM sont

capables de produire des prévisions de la mortalité plus précises. De plus, la relative infériorité des modèles CMT-ACF-GeoAvg et CMT-ACF-KmeansAvg sur le plan de la précision par rapport aux modèles TCM-AFC-RankAvg et TCM-AFC-SimAvg renforce les observations que nous faisons à la remarque 1.

Figure 2 : Diagrammes de quartile des SSE d’essai comparant la précision des prévisions des modèles TCM-AFC par rapport aux modèles AFC de référence pour les 24 populations de femmes (à gauche) et les 24 populations d’hommes (à droite)



*Cette figure est disponible en anglais seulement.

Évaluation fondée sur les tests unilatéraux de Diebold-Mariano

Nous avons aussi effectué des tests d’hypothèse en bonne et due forme pour déterminer si la SSE d’essai d’un modèle donné était significativement inférieure d’un point de vue statistique à celle d’un autre. Le test unilatéral de Diebold-Mariano (DM) est vu comme une méthode de test d’hypothèse statistique courante dans le domaine de la comparaison des prévisions (voir Diebold et Mariano (1995) et Harvey et coll. (1997)). Nous projetons chaque modèle de prévision dans la période d’essai 2003-2010 et effectuons des tests de DM à partir des séquences de SSE d’essai $\{e(t), t = 2003, \dots, 2010\}$ obtenues par différents modèles de prédiction pour la même population parmi les 24 populations. Pour une paire de modèles, appelés Modèle A et Modèle B, nous effectuons à titre comparatif deux tests unilatéraux de DM, en posant l’hypothèse nulle selon laquelle le Modèle A n’est pas pire que le Modèle B et inversement. Si le premier test montre que le Modèle A est significativement inférieur au Modèle B avec une valeur-p inférieure à 0,05, nous considérons que ce dernier est victorieux. Si le test inverse montre que le Modèle B est significativement inférieur au Modèle A avec une valeur-p inférieure à 0,05, nous considérons que ce dernier est victorieux. Il arrive dans certaines situations que les deux tests conduisent à des valeurs-p supérieures à 0,05 et qu’aucun modèle n’en ressorte victorieux.

Le tableau 3 présente le nombre de victoires d'un modèle du groupe de modèles TCM par rapport à un autre modèle du groupe de modèles de référence. Chaque cellule du tableau contient deux nombres entiers, qui représentent les résultats de la comparaison du modèle indiqué dans la ligne de la cellule par rapport au modèle indiqué dans la colonne de la cellule. Le premier entier représente le nombre de victoires du modèle de la ligne, tandis que le second entier représente le nombre de victoires du modèle de la colonne. Par exemple, à l'intersection de la première ligne et de la première colonne du volet relatif à la population de femmes, « (23, 1) » signifie que, sur 24 comparaisons effectuées à l'égard des populations de femmes, le modèle TCM-AFC-RankAvg l'emporte 23 fois sur le modèle de Lee-Carter, et que ce dernier ne bat qu'une seule fois le modèle TCM-AFC-RankAvg. Comme l'indique clairement le tableau 3, les modèles fondés sur la TCM se montrent nettement plus performants que les modèles de référence du point de vue du nombre de victoires. La supériorité des modèles TCM-AFC-SimAvg et TCM-AFC-RankAvg est évidente lorsque l'on compare ces modèles à l'ensemble des modèles de référence utilisés dans notre étude, car ces deux modèles sont capables de l'emporter fréquemment dans les 24 comparaisons, dans tous les champs de données (populations d'hommes ou de femmes). Même si les résultats ont été moins convaincants pour les modèles TCM-AFC-GeoAvg et TCM-AFC-KmeansAvg, ces derniers restent néanmoins suffisamment performants par rapport aux modèles de référence. De plus, l'efficacité supérieure des modèles TCM-AFC-SimAvg et TCM-AFC-RankAvg par rapport aux modèles TCM-AFC-GeoAvg et TCM-AFC-KmeansAvg confirme à nouveau nos commentaires de la remarque 1 quant à leur efficacité relative.

Tableau 3 : Nombre de victoires respectives à l'issue d'une paire de tests unilatéraux de DM menés à des fins de comparaison du modèle TCM-AFC et du modèle AFC de référence : dans chaque cellule, le premier entier représente le nombre de victoires, sur 30 comparaisons, du modèle indiqué dans la ligne correspondante, tandis que le second entier représente le nombre de victoires du modèle indiqué dans la colonne correspondante.

	Lee-Carter	ACF-AIO	ACF-GeoInfo	ACF-kmeans
Femmes				
CMT-ACF-SimAvg	(23, 1)	(22, 1)	(17, 0)	(16, 3)
CMT-ACF-GeoAvg	(13, 0)	(15, 1)	(13, 3)	(12, 4)
CMT-ACF-KmeansAvg	(15, 1)	(15, 2)	(15, 3)	(11, 3)
CMT-ACF-RankAvg	(21, 2)	(19, 2)	(16, 1)	(14, 2)
Hommes				
CMT-ACF-SimAvg	(24, 0)	(20, 0)	(16, 4)	(15, 4)
CMT-ACF-GeoAvg	(16, 3)	(13, 3)	(10, 9)	(11, 7)
CMT-ACF-KmeansAvg	(19, 0)	(17, 0)	(10, 5)	(10, 9)
CMT-ACF-RankAvg	(24, 0)	(21, 0)	(14, 3)	(17, 3)

4.2.3 Interprétation des valeurs Δt dans les modèles TCM-AFC

Pour chaque population cible, 23 valeurs Δt sont issues des 23 modèles CMT de populations à deux variables. Chaque modèle est construit entre la cible et une référence parmi les 23 autres populations. Le tableau 4 présente la moyenne des 23 valeurs Δt obtenues pour chaque population cible. Comme nous l'avons vu dans la section 2, le signe et l'importance du paramètre Δt traduisent le stade relatif de la population cible dans le développement de la mortalité comparativement à la population de référence. Le signe du paramètre Δt d'une population cible est censé être positif si celle-ci est à un stade de développement de la mortalité plus avancé que celui de la population de référence, tandis qu'il sera négatif dans le cas inverse. Le tableau 4 montre les résultats auxquels on peut en principe s'attendre. On peut y voir que la valeur Δt moyenne de populations comme celles du Canada, de la France, du Japon, de l'Angleterre et des États-Unis, qui sont largement reconnus comme des pays en avance sur le plan de l'évolution de la longévité, est positive, tandis qu'elle est négative pour des populations où le développement de la longévité est moins avancé, comme la République tchèque et la Hongrie.

Tableau 4: Moyenne des 24 valeurs Δt pour chaque population cible, d'après le modèle TCM-AFC

Cible	Femmes	Hommes	Cible	Femmes	Hommes
Australie	0,13	0	Nouvelle-Zélande	-1,70	-0,87
Autriche	-1,22	-1,91	Norvège	-2,00	-0,83
Belgique	0,26	0,13	Pologne	0,17	0,70
Canada	3,09	0,83	Portugal	-0,09	-0,39
République tchèque	-1,35	-1,96	Slovaquie	0,57	-0,61
Danemark	-0,83	0	Espagne	0,48	-0,70
Finlande	-0,39	-0,78	Suède	1,65	0,39
France	0,74	0,74	Suisse	-1,30	-1,61
Hongrie	-1,52	-1,74	Taiïwan	-1,52	-1,65
Italie	0,04	1,35	Angleterre et pays de Galles	1,91	2,91
Japon	2,83	4,61	Écosse	-1,70	-1,96
Pays-Bas	0,17	1,43	États-Unis	1,57	1,91

Pour démontrer la relation entre Δt et le stade de développement de la mortalité, nous utilisons la mortalité logarithmique moyenne agrégée par groupes d'âge sur la période d'apprentissage pour représenter le niveau de mortalité relatif et tracer un diagramme de dispersion du niveau de mortalité par rapport à la valeur moyenne de Δt pour les 24 populations (voir diagrammes en haut à gauche des figures 4 et 5 pour les populations de

femmes et d'hommes, respectivement). Comme une valeur positive élevée de Δt est censée traduire un stade plus avancé dans le développement de la mortalité, on peut s'attendre à ce qu'une valeur moindre de la mortalité logarithmique moyenne agrégée par groupes d'âge corresponde à une valeur Δt plus élevée. Il est intéressant d'observer que les coefficients de corrélation de Pearson entre les deux variables prennent respectivement pour valeurs -0,3972 et -0,4781 dans les populations de femmes et d'hommes, ce qui indique qu'il existe une corrélation légèrement négative entre les valeurs moyennes de Δt et les niveaux de mortalité pour les 24 populations.

Bien que nous ayons observé une corrélation négative entre la valeur Δt et le niveau de mortalité sur les 24 populations, nous restons conscients du fait que Δt ne reflète directement le niveau de mortalité que lorsque les effets propres à la population sont relativement réduits par rapport à la TCM dans le modèle TCM (1)-(2). Pour mieux comprendre le lien entre la valeur Δt et le niveau de mortalité, nous définissons le concept d'échelle relative pour évaluer dans quelle mesure les effets propres à la population contribuent au développement de la mortalité d'une paire de populations comparativement à la tendance commune dans un modèle TCM.

Pour un modèle TCM à population à deux variables, où la population i est la population cible et la population- j est la population de référence, l'échelle relative, notée $RS(i, j)$ se calcule comme suit :

$$RS(i, j) = \frac{1}{2} \frac{\text{moyenne} [\Delta k_i(t)]}{\text{moyennes} [\Delta K(t)]} + \frac{1}{2} \frac{\text{moyenne} [\Delta k_j(t)]}{\text{moyennes} [\Delta K(t)]} \quad (12)$$

où l'opérateur moyen est appliqué pour la séquence correspondante sur la période considérée dans le modèle TCM, et

$$\Delta k_i(t) = k_i(t+1) - k_i(t), \quad \Delta k_j(t) = k_j(t+1) - k_j(t), \quad \Delta K(t) = K(t+1) - K(t).$$

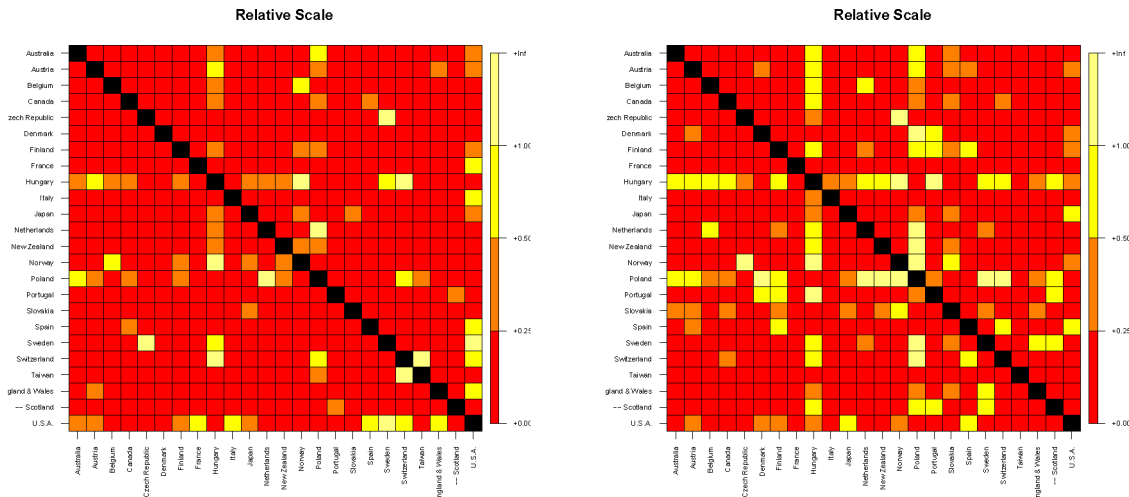
D'après la définition, une valeur $RS(i, j)$ faible implique que la TCM est le déterminant principal du développement de la mortalité pour les deux populations, et une valeur $RS(i, j)$ élevée signifie que, dans au moins une des deux populations considérées dans le modèle TCM, le développement de la mortalité est largement dicté par les effets propres à la population. La figure 3 montre la valeur $RS(i, j)$ de chaque paire de populations parmi les 24 populations couvertes par notre analyse et révèle que la valeur RS est plutôt élevée pour certaines paires de populations, ce qui engendre le risque d'utiliser la valeur Δt pour représenter le niveau de mortalité d'une population. Il est intéressant d'observer que les grilles de la figure 3 sont symétriques, car, en raison de la définition de la mesure RS , $RS(i, j) = RS(j, i)$.

Pour approfondir notre compréhension de la relation complexe entre la valeur Δt et le niveau de mortalité des populations considérées, nous partons soit du triangle inférieur, soit du triangle supérieur des grilles de la figure 3 et fixons un seuil $\gamma \in \{0.25, 0.5, 1, \infty\}$

pour RS , afin de supprimer des populations du jeu de données, jusqu'à ce que toutes les

entrées $RS(i, j)$ restant dans les grilles soient inférieures à ce seuil. Cette suppression suit une démarche itérative : à chaque itération, la population pour laquelle la valeur $RS(i, j)$ est la plus élevée parmi les entrées restantes de la grille est supprimée, jusqu'à ce que le critère soit rempli (autrement dit, que toutes les entrées soient inférieures au seuil γ). Il est bon de signaler que $\gamma = \infty$ signifie qu'aucune population n'est plus supprimée des grilles, et que les entrées restantes, qui affichent une valeur γ inférieure au seuil, devraient correspondre à une corrélation négative plus forte entre la valeur Δt et le niveau de mortalité des populations restantes. Cette observation est confirmée par les diagrammes de dispersion du niveau de mortalité par rapport à la valeur moyenne Δt des figures 4 et 5, où chaque figure contient uniquement les diagrammes de dispersion des populations restantes pour lesquels la valeur RS est inférieure au seuil γ correspondant. La corrélation négative entre la valeur moyenne de Δt et le niveau de mortalité est plus forte lorsque l'on réduit le seuil γ prédéfini. Le coefficient de corrélation de Pearson entre les deux variables baisse de -0,3972 à -0,67147 pour les populations de femmes et de -0,478 à -0,793 pour les populations d'hommes lorsque l'on réduit γ de ∞ à 0,25.

Figure 3 : Valeurs d'échelle relative basées sur les modèles CMT-ACF. Panneau de gauche : données pour les femmes. Panneau de droite : données pour les hommes.



*Cette figure est disponible en anglais seulement.

4.3 Étude empirique au moyen du modèle TCM-CBD

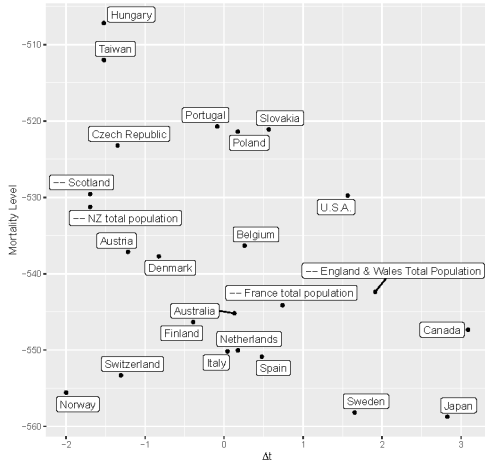
Dans cette étude empirique, nous examinons l'efficacité prédictive de la méthode de calcul de la moyenne des modèles pour les personnes âgées de 55 à 90 ans. Les modèles de type CBD sont connus pour être une amélioration des modèles de type Lee-Carter/APC sur le plan de la modélisation et de la prédiction de la mortalité d'un groupe de personnes âgées, en raison de la structure log-linéaire relativement simple de leur courbe de mortalité et du peu d'effets de l'âge (voir Cairns et coll. (2009) et Cairns et coll. (2011)). Nous utilisons les modèles TCM-CBD comme composantes de base dans la méthode de calcul de la moyenne des modèles, en étudiant les stratégies de regroupement proposées à la section 3, et comparons l'efficacité de leurs prédictions à celle du modèle traditionnels (Cairns et coll., 2006), aussi appelé modèle M5 dans Cairns et coll. (2009).

4.3.1 Les modèles de prédiction

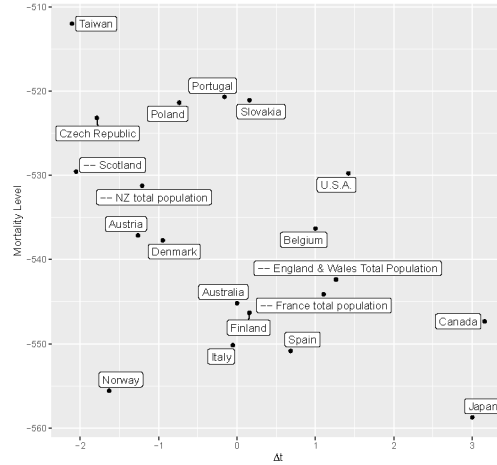
Nous étudions les quatre stratégies de calcul de la moyenne des modèles déjà décrites à la section 3, que nous utilisons à présent avec les modèles TCM-CBD et désignons comme suit :

- **TCM-CBD·SimAvg** : La prédiction finale est une simple moyenne des valeurs prédites au moyen des 23 modèles TCM-CBD à deux variables.
- **TCM-CBD·GeoAvg** : La prédiction finale est une moyenne des valeurs prédites au moyen des modèles TCM-CBD établis, en choisissant la population de référence dans la même région géographique que la population cible (voir le détail des groupes géographiques au tableau 1).
- **TCM-CBD·KmeansAvg** : Un regroupement en moyennes- k , avec huit groupes et 1 000 initialisations aléatoires indépendantes, est effectuée, de la même façon que pour la méthode TCM-AFC·KmeansAvg à la section 4.2.1. La prédiction finale est une moyenne des valeurs prédites au moyen des modèles TCM-CBD, en choisissant la population de référence dans le même groupe que la population cible.
- **TCM-CBD·RankAvg** : La prédiction finale est une moyenne des valeurs prédites à partir d'un certain nombre des modèles TCM-CBD les « mieux classés », qui sont sélectionnés de la même manière que pour le modèle TCM-AFC·RankAvg décrit à la section 4.2.1.

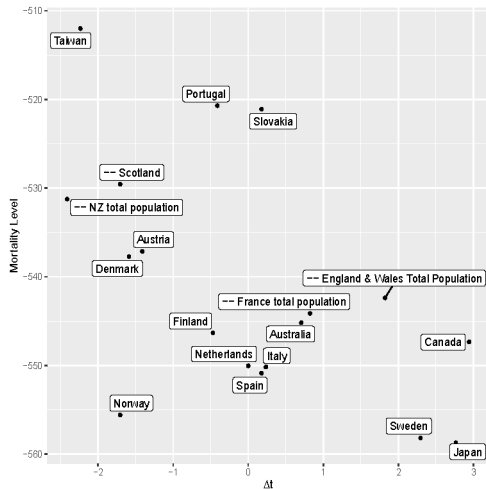
Figure 4 : Données pour les femmes : Corrélation entre la valeur moyenne des Δt et le niveau de mortalité relatif, d'après les modèles TCM-AFC, pour différentes valeurs de seuil γ



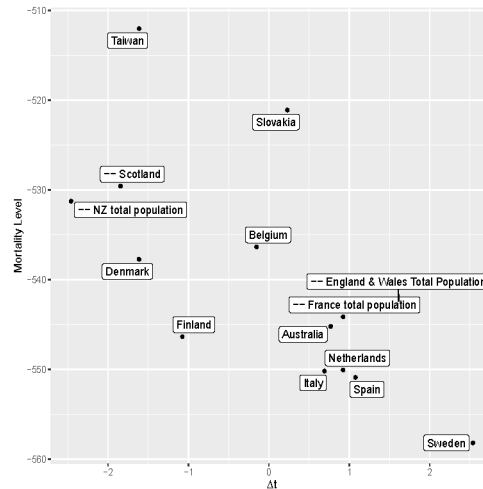
(a) $\gamma = \infty$, Corr = - 0.397



(b) $\gamma = 1$, Corr = - 0.506



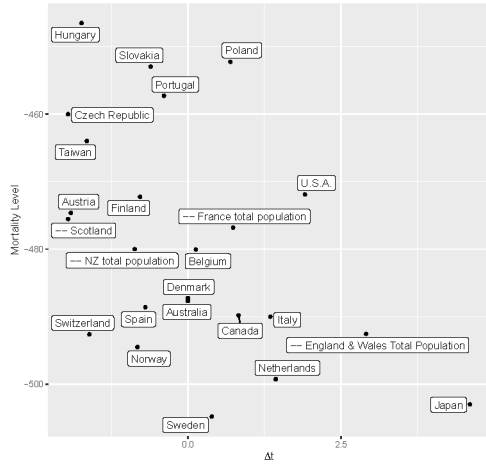
(c) $\gamma = 0.5$, Corr = - 0.560



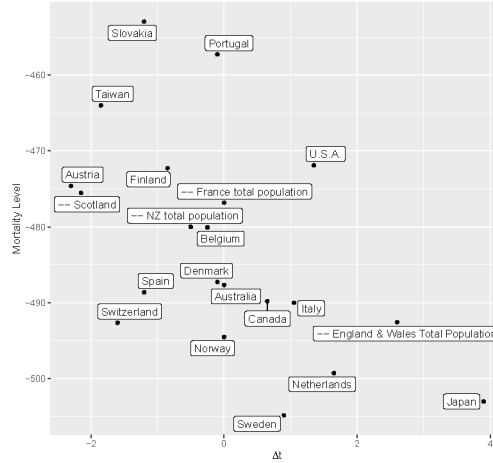
(d) $\gamma = 0.25$, Corr = - 0.671

*Cette figure est disponible en anglais seulement.

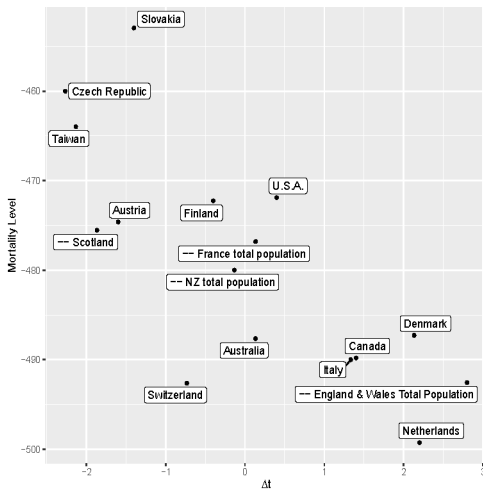
Figure 5 : Données pour les hommes : Corrélation entre la valeur moyenne des Δt et le niveau de mortalité relatif, d'après les modèles TCM-AFC, pour différentes valeurs de seuil γ



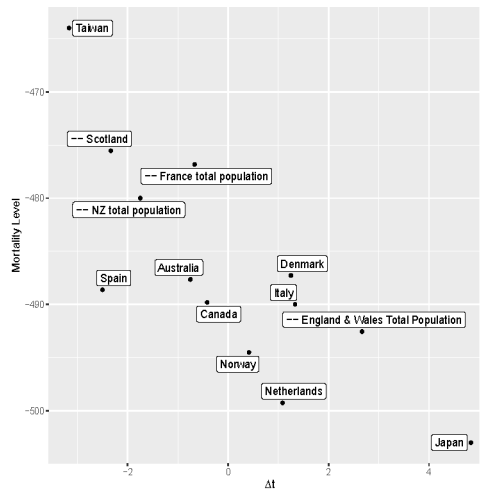
(a) $\gamma = co$, Corr = - 0.478



(b) $\gamma = 1$, Corr = - 0.555



(c) $\gamma = 0.5$, Corr = - 0.772



(d) $\gamma = 0.25$, Corr = - 0.793

*Cette figure est disponible en anglais seulement.

Remarque 2. Nous avons observé, en ce qui concerne l'application des quatre stratégies fondées sur des moyennes ci-dessus aux modèles TCM-AFC dans l'étude empirique de la section précédente, que les méthodes KmeansAvg et GeoAvg sont moins efficaces que les méthodes SimAvg et RankAvg et en avons expliqué la raison à la remarque 1. Nous nous attendons encore à ce que la méthode RankAvg fonctionne bien pour les modèles TCM-CBD dans la présente analyse empirique, car cette stratégie de calcul de la moyenne, en particulier, repose entièrement sur les données et est complètement adaptative. Cependant, la raison avancée à la remarque 1 pour expliquer l'efficacité supérieure de la stratégie Si mAvg pour les modèles TCM-AFC n'est plus aussi valable pour la présente étude empirique au moyen des modèles TCM-CBD. Comme nous l'indiquions dans cette remarque, la supériorité de la méthode SimAvg par rapport aux autres stratégies dans l'analyse empirique menée au moyen des modèles TCM-AFC s'expliquait principalement par l'analyse préliminaire que nous avons effectuée à la section 4.1 et qui nous avait conduits à exclure plusieurs populations de l'ancienne Union soviétique, en raison de leurs schémas disparates de développement de la mortalité. La dissimilarité dans l'analyse préliminaire correspondait à tous les âges de 0 à 100 ans. En revanche, dans la présente étude empirique, nous nous concentrons exclusivement sur les personnes âgées de 55 à 90 ans. De ce fait, le regroupement en moyennes-k de l'analyse préliminaire risque de ne plus être le même si nous nous limitons aux personnes âgées de 55 à 90 ans. En résumé, il n'y a aucune raison évidente pour qu'un modèle CBD conjoint pour une population cible par rapport aux 23 autres populations produise plus d'informations que de bruit et améliore la prédiction de la mortalité pour la population cible, ce qui engendre un risque d'utiliser le calcul de la moyenne simple sur l'ensemble des populations considérées.

À titre comparatif, nous étudions un modèle CBD traditionnel.

- **CBD :** Le modèle CBD à population unique est ajusté individuellement aux données sur la mortalité d'apprentissage de chaque population.

4.3.2 Efficacité de la prédiction

Évaluation fondée sur des SSE d'essai

Comme dans l'étude empirique effectuée pour le modèle TCM-AFC, nous nous servons aussi des SSE d'essai pour mesurer la précision de la prédiction. Pour comparer l'efficacité de la prédiction des modèles de prévision énumérés au paragraphe précédent, nous calculons la SSE d'essai comme étant égale à la somme des carrés de la différence entre la fonction logit de la probabilité $q(x, t)$ et celle de la probabilité prédite pour la plage d'âges de 55 à 90 ans et la période d'essai de 2003 à 2010, soit :

$$e(t) = \sum_{x=55}^{90} [\text{logit } q_1(x, t) - \text{logit } \hat{q}_1(x, t)]^2, \quad t = 2003, \dots, 2010, \quad (13)$$

où $q_1(x, t)$ représente la probabilité qu'un individu âgé de x de la population cible décède entre l'année t et l'année $t + 1$, sachant qu'il est en vie au début de l'année t , et où $\hat{q}_1(x, t)$ représente la prédiction de cette probabilité.

Le tableau 5 résume l'efficacité de la prédiction des différents modèles décrits à la section

4.3.1. Le tableau 5 montre que l'amélioration des modèles TCM-CBD par rapport au modèle CBD traditionnel n'est pas aussi flagrante que pour les modèles TCM-AFC par rapport aux modèles AFC de référence (voir tableau 2). Le modèle TCM-CBD-RankAvg se révèle malgré tout plus efficace que le modèle CBD. Le rendement des autres modèles de calcul de la moyenne s'avère moins satisfaisant. Cette observation est cohérente avec nos commentaires de la remarque 2.

Tableau 5: Résumé statistique comparant l'efficacité prédictive des modèles TCM-CBD par rapport au modèle CBD d'après les SSE d'essai pour les 24 populations de femmes et les 24 populations d'hommes

	1 ^{er} quartile	Médian	Moyen	3 ^e quartile
Femmes				
CBD	3,61	5,87	7,37	11,67
CMT-CBD·SimAvg	5,13	7,96	10,28	13,32
CMT-CBD·GeoAvg	4,60	6,50	8,76	11,95
CMT-CBD·KmeansAvg	3,97	5,76	7,61	11,70
CMT-CBD·RankAvg	3,18	5,76	6,94	10,32
Hommes				
CBD	2,32	2,88	3,08	3,63
CMT-CBD·SimAvg	2,08	3,04	5,95	4,38
CMT-CBD·GeoAvg	2,12	2,60	2,84	3,69
CMT-CBD·KmeansAvg	2,22	2,54	2,84	3,56
CMT-CBD·RankAvg	2,04	2,67	2,85	3,38

Évaluation fondée sur les tests unilatéraux de Diebold-Mariano (DM)

Pour procéder à une comparaison en bonne et due forme de l'efficacité prédictive des modèles TCM-CBD et du modèle CBD, nous avons également effectué les tests de DM de la même façon que nous l'avons fait pour l'étude empirique sur les modèles TCM augmentés de facteurs communs à la section 4.2.2. Les résultats affichés dans le tableau 6 suggèrent que le modèle TCM-CBD-RankAvg est nettement plus efficace que le modèle CBD de référence pour les populations de chaque sexe. Le modèle TCM-CBD·GeoAvg s'avère largement supérieur au modèle CBD pour les populations d'hommes, tandis que le modèle TCM-CBD·KmeansAvg surpasse nettement le modèle CBD pour les populations de femmes. Parmi les modèles TCM-CBD, la stratégie de calcul de la moyenne simple est légèrement plus performante que le modèle CBD pour les populations d'hommes comme de femmes. La méthode bien conçue « Classement et moyenne (RankAvg) » produit toutefois de meilleurs résultats.

Table 6 : Nombre de victoires respectives à l'issue d'une paire de tests unilatéraux de DM menés à des fins de comparaison entre le modèle TCM-CBD et le modèle CBD : dans chaque cellule, le premier entier représente le nombre de victoires, sur 24 comparaisons, du modèle indiqué dans la ligne correspondante, tandis que le second entier représente le nombre de victoires du modèle indiqué dans la colonne correspondante.

	CBD	
	Femmes	Hommes
CMT-CBD-SimAvg	(10, 7)	(12, 9)
CMT-CBD-GeoAvg	(7, 8)	(12, 6)
CMT-CBD-KmeansAvg	(11, 5)	(6, 5)
CMT-CBD-RankAvg	(11, 3)	(10, 5)

4.3.3 Interprétation des valeurs Δt dans les modèles TCM-CBD

Pour chaque population cible, nous avons obtenu 23 valeurs Δt à partir de 23 modèles TCM-CBD à deux variables, que nous avons calibrées entre la population cible et une population de référence parmi les 23 autres populations. Nous avons calculé la moyenne des 23 valeurs Δt pour chacune des populations cibles et avons reporté ces moyennes dans le tableau 7.

Nous avons aussi effectué une analyse de la relation entre les valeurs Δt calibrées dans les modèles TCM-CBD à deux variables et le niveau de développement de la mortalité, comme nous l'avons fait pour les modèles TCM-AFC à la section 4.2.3. Rappelons que la mesure dans laquelle la valeur Δt reflète le niveau de mortalité relatif des populations considérées dans un modèle TCM dépend de la proportion dans laquelle le processus de tendance commune contribue au développement de la mortalité par rapport aux effets propres à la population. Dans l'équation 12, nous avons défini la mesure RS, qui traduit le degré de prédominance du processus de tendance commune par rapport aux effets propres à la population. Nous appliquons la même mesure RS aux modèles TCM-CBD dans la présente étude empirique. La figure 6 montre les valeurs RS obtenues pour toutes les paires de populations considérées. On peut y observer que toutes les valeurs RS sont plutôt basses. Cela montre que, dans tous les modèles CNT-CBD à population à deux variables considérés, le processus de tendance commune est prédominant dans le développement de la mortalité. On doit donc s'attendre à ce que la corrélation entre la valeur Δt et le niveau de mortalité d'une population soit élevée.

La figure 7 présente les diagrammes de dispersion de la moyenne des taux de mortalité logarithmique par groupes d'âge par rapport à la moyenne des valeurs Δt pour les 24 populations. On peut y observer une corrélation négative évidente entre la valeur moyenne de Δt et le niveau de mortalité. La valeur moyenne de Δt tend à être positive pour les populations affichant les niveaux de mortalité les plus bas et à être négative pour celles qui ont un niveau de mortalité supérieur.

Table 7: Moyenne des 23 valeurs Δt pour chaque population cible, d'après le modèle TCM-CBD

Cible	Femmes	Hommes	Cible	Femmes	Hommes
Australie	4,48	4,43	Nouvelle-Zélande	-0,13	2,22
Autriche	1,17	-0,83	Norvège	1,65	2,61
Belgique	1,65	-1,13	Pologne	-7,17	-7,78
Canada	3,91	5,17	Portugal	-0,04	-1,87
République tchèque	-7,30	-8,39	Slovaquie	-6,26	-8,57
Danemark	-6,04	-2,74	Espagne	8,26	5,43
Finlande	1,48	-2,70	Suède	0,91	6,43
France	7,65	4,13	Suisse	7,04	6,57
Hongrie	-7,91	-9,48	Taiïwan	-4,96	-0,91
Italie	6,00	3,87	Angleterre et pays de Galles	-2,39	-0,39
Japon	9,48	8,65	Écosse	-6,04	-5,65
Pays-Bas	-3,17	-0,30	États-Unis	-2,26	1,22

Les coefficients de corrélation de Pearson entre les deux variables pour les populations de femmes et les populations d'hommes atteignent respectivement -0,8958 et -0,9706, ce qui semble indiquer une forte corrélation linéaire négative. Ces observations confirment

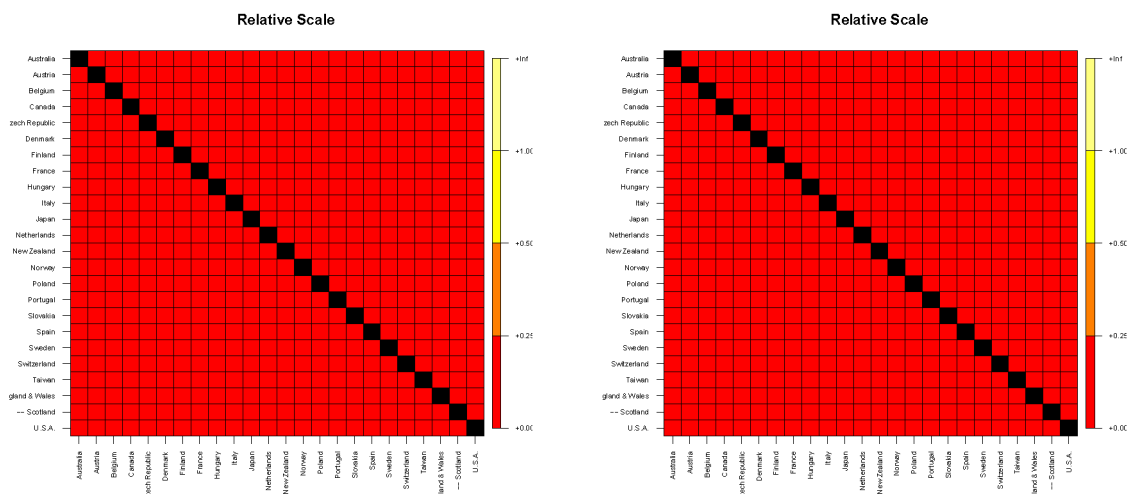
l'interprétation voulue du paramètre Δt dans nos modèles TCM-CBD à deux variables, à savoir qu'une valeur positive élevée implique que la population cible est à un stade de développement de la mortalité plus avancé que la population de référence, tandis qu'une valeur négative indique qu'elle est en retard par rapport à la population de référence de ce point de vue.

De plus, comme la TCM est le déterminant principal du développement de la mortalité pour les deux populations dans tous les systèmes à population à deux variables considérés dans la présente étude empirique, comme le confirment les valeurs RS basses observées, la valeur de Δt quantifie aussi le nombre d'années de décalage dans le développement de la mortalité entre la population cible et la population de référence. Par exemple, la valeur Δt calibrée entre les populations d'hommes aux États-Unis (cible) et au Canada (référence) est égale à -6, ce qui signifie que le stade de développement de la mortalité chez les hommes est en avance de 6 ans au Canada par rapport aux États-Unis. La figure 8 montre les séquences de mortalité logarithmique par groupes d'âge pour les deux populations à des fins d'illustration graphique de la relation entre les deux populations.

5 Conclusion

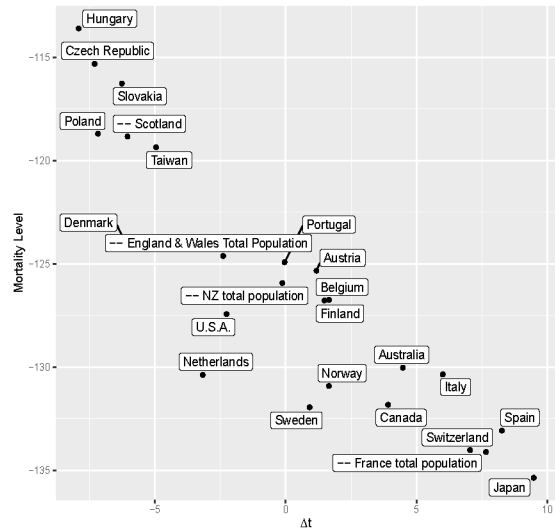
Nous proposons un cadre général et souple de prévision de la mortalité reposant sur l'élaboration de modèles TCM à deux variables fondés sur des modèles existants de prévision de la mortalité à population à deux variables et calculant, suivant différentes stratégies, la moyenne de ces modèles à deux variables. Un avantage important du cadre que nous proposons réside dans le fait qu'en autorisant une structure chronologique plus souple, il permet d'emprunter de l'information non seulement sur différentes populations, mais aussi sur différentes périodes.

Figure 6 : Valeurs d'échelle relative basées sur les modèles CMT-CBD. Panneau de gauche : données pour les femmes. Panneau de droite : données pour les hommes.

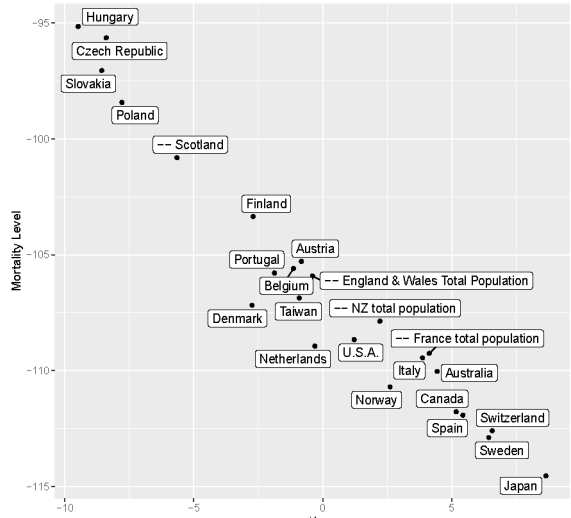


*Cette figure est disponible en anglais seulement.

Figure 7 : Relation entre la valeur moyenne Δt et le niveau de mortalité relative sur la base des modèles CMT-CBD



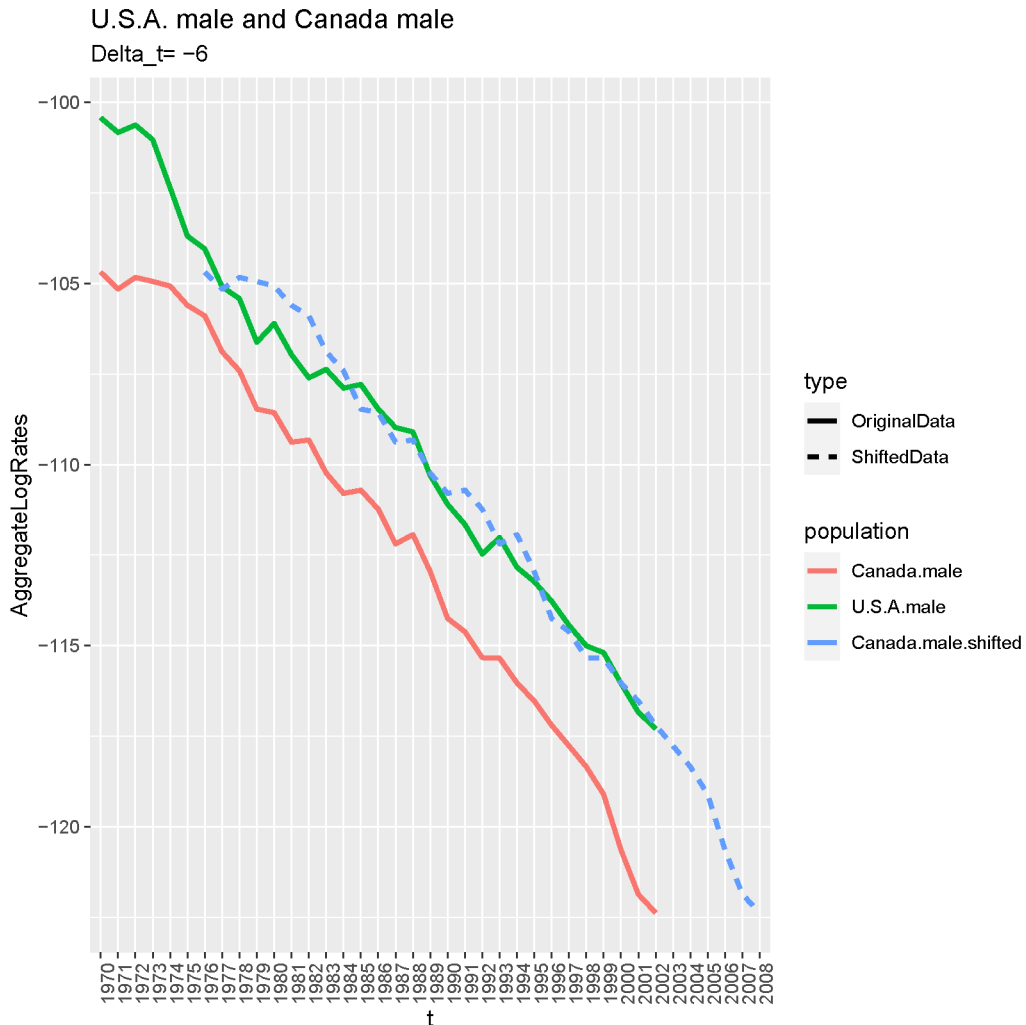
(a) Femmes : Corr = - 0.896



(b) Hommes : Corr = - 0.971

*Cette figure est disponible en anglais seulement.

Figure 8: Séquences de mortalité logarithmique agrégées selon l'âge pour les populations masculines américaine et canadienne



*Cette figure est disponible en anglais seulement.

Il offre un moyen pratique d'améliorer à la fois la précision et l'efficacité des prévisions de mortalité. L'introduction du concept de calcul de la moyenne des modèles renforce encore cet avantage, en aidant à réduire efficacement les erreurs de prédiction et en permettant d'obtenir des prédictions précises et robustes d'une manière demandant relativement peu de puissance de calcul. Nos études empiriques nous amènent à conclure que les modèles TCM que nous proposons et qui utilisent la stratégie de calcul de la moyenne des modèles dite « Classement et moyenne (Rank and Average) » permettent d'obtenir une efficacité prédictive supérieure, sans égard à la question de savoir si l'analyse prédictive vise principalement l'ensemble des groupes d'âge ou uniquement un sous-groupe constitué de personnes âgées, ou encore l'ensemble de la population ou des celles choisies selon le sexe.

Un autre avantage de notre cadre fondé sur le modèle TCM tient au fait qu'il n'est plus nécessaire de se demander si la situation socio-économique des populations prises en compte dans le modèle est comparable lorsque l'on essaie d'emprunter de l'information sur d'autres populations à des fins de prévision de la mortalité. Le cadre est capable de reconnaître les informations utiles et d'exclure le bruit sans intérêt, et donc de permettre plus de souplesse dans la modélisation de la mortalité chez plusieurs populations qu'avec les modèles existants. De plus, le paramètre Δt , qui vise à traduire le « stade d'évolution » relatif de chaque population dans le modèle TCM est sensible aux conditions économiques, car il caractérise efficacement la disparité entre les niveaux de mortalité qui découlent d'événements historiques et du développement socioéconomique parmi les populations, dans la plupart des cas, que nous avons examinées dans cette étude. Cette observation est cohérente avec l'intuition selon laquelle une valeur Δt positive élevée indique un stade de développement de la mortalité dans la population cible relativement plus avancé que dans la population de référence, avec un niveau de mortalité inférieur, tandis qu'une valeur Δt négative montre qu'elle est en retard sur le plan du développement de la mortalité. De plus, quand la TCM est le déterminant principal du développement de la mortalité pour des systèmes à population à deux variables, la valeur de Δt peut aussi quantifier le nombre d'années de décalage entre la population cible et la population de référence sur le plan du niveau de mortalité.

Ce cadre engendre un certain nombre de questions pertinentes qui méritent d'être approfondies. Comme le concept de calcul de la moyenne des modèles apporte un gain de précision et de robustesse moyennant une augmentation acceptable des calculs exigés, nous aimerions étendre ce concept à des scénarios plus complexes, où la prédiction des taux de mortalité pour un groupe d'âge particulier (p. ex., les nourrissons, les adolescents ou les personnes âgées) deviendrait le but de l'étude, avec une plus grande richesse de populations candidates dans le groupe de référence (autrement dit, la possibilité d'emprunter de l'information sur une combinaison particulière de région, de sexe et d'âge). Pour exploiter tout le potentiel du concept de calcul de la moyenne des modèles, nous comptons étudier des stratégies plus souples et plus puissantes pour établir une prédiction finale : nous envisagerons ainsi de substituer à la stratégie élémentaire de moyenne simple une méthode fondée sur une moyenne pondérée. Les méthodes TCM·GeoAvg, TCM·KmeansAvg et TCM·RankAvg sélectionnent un sous-ensemble de modèles TCM à deux variables développées, alors qu'il est aussi possible de considérer d'autres méthodes de sélection entièrement fondées sur des données. Par exemple, Diao (2020) ont utilisé un algorithme de « suppression/substitution/ajout » pour sélectionner automatiquement un groupe dans le cadre du modèle AFC. L'élaboration d'une procédure de sélection des modèles TCM dans le même esprit est une voie qui mériterait aussi des études supplémentaires.

Remerciements

Les auteurs remercient l'Institut canadien des actuaires pour son soutien financier (No : CS000215)

Références

- Elizabeth Brainerd et David M. Cutler. « Autopsy on an empire: understanding mortality in Russia and the former Soviet Union », *Journal of Economic Perspectives*, vol. 19, n° 1, 2005, pp. 107-130.
- Andrew JG Cairns, David Blake, et Kevin Dowd. « A two-factor model for stochastic mortality with parameter uncertainty: theory and calibration », *Journal of Risk and Insurance*, vol. 73, n° 4, 2006, pp. 687-718.
- Andrew JG Cairns, David Blake, Kevin Dowd, Guy D Coughlan, David Epstein, Alen Ong, et Igor Balevich. « A quantitative comparison of stochastic mortality models using data from England and Wales and the United States », *North American Actuarial Journal*, vol. 13, n° 1, 2009, pp. 1-35.
- Andrew JG Cairns, David Blake, Kevin Dowd, Guy D Coughlan, David Epstein, et Marwa Khalaf-Allah. « Mortality density forecasts: An analysis of six stochastic mortality models », *Insurance: Mathematics and Economics*, vol. 48, n° 3, 2011, pp. 355-367.
- Michael AA Cox et Trevor F Cox. « Multidimensional scaling », In *Handbook of Data Visualization*, Springer, 2008, pages 315-347.
- Liqun Diao, Yechao Meng, et Chengguo Weng. *A DSA algorithm for mortality forecasting*. Disponible à SSRN 3537368, 2020.
- Francis X Diebold et Roberto S Mariano. « Comparing predictive accuracy », *Journal of Business and Economic Statistics*, vol. 13, n° 3, 1995.
- Kevin Dowd, Andrew JG Cairns, David Blake, Guy D Coughlan, et Marwa Khalaf-Allah. « A gravity model of mortality rates for two related populations », *North American Actuarial Journal*, vol. 15, n° 2, 2011, pp. 334-356.
- David Harvey, Stephen Leybourne, et Paul Newbold. « Testing the equality of prediction mean squared errors », *International Journal of Forecasting*, 13, n° 2, 1997, pp. 281-291.
- Petros Hatzopoulos et Steven Haberman. « Common mortality modeling and coherent forecasts. An empirical analysis of worldwide mortality data », *Insurance: Mathematics and Economics*, vol. 52, n° 2, 2013, pp. 320-337.
- Rob J Hyndman, Heather Booth, et Farah Yasmeen. « Coherent mortality forecasting: the product-ratio method with functional time series models », *Demography*, vol. 50, n° 1, 2013, pp. 261-283.
- Fanny Janssen, Leo JG van Wissen, et Anton E Kunst. « Including the smoking epidemic in internationally coherent mortality projections », *Demography*, vol. 50, n° 4, 2013, pp. 1341-1362.
- Torsten Kleinow. « A common age effect model for the mortality of multiple populations », *Insurance: Mathematics and Economics*, vol. 63, 2015, pp. 147-152.
- Ronald D Lee et Lawrence R Carter. « Modeling and forecasting US mortality », *Journal of the American Statistical Association*, vol. 87, n° 419, 1992, pp. 659-671.

Jackie Li. « A Poisson common factor model for projecting mortality and life expectancy jointly for females and males ». *Population Studies*, 67, n° (1):111-126, 2013.

Johnny Siu-Hang Li et Mary R Hardy. « Measuring basis risk in longevity hedges », *North American Actuarial Journal*, vol. 15, n° 2, 2011, pp. 177-200.

Johnny Siu-Hang Li, Rui Zhou, et Mary Hardy. « A step-by-step guide to building two- population stochastic mortality models », *Insurance: Mathematics and Economics*, vol. 63, 2015, pp. 121-134.

Johnny Siu-Hang Li, Wai-Sum Chan, et Rui Zhou. « Semicoherent multipopulation mortality modeling: the impact on longevity risk securitization », *Journal of Risk and Insurance*, vol. 84, n° 3, 2017, pp. 1025-1065.

Nan Li et Ronald Lee. « Coherent mortality forecasts for a group of populations: An extension of the Lee-Carter method », *Demography*, vol. 42, n° 3, 2005, pp. 575-594.

Maria Russolillo, Giuseppe Giordano, et Steven Haberman. « Extending the Lee-Carter model: a three-way decomposition », *Scandinavian Actuarial Journal*, vol. 2011, n° 2, 2011, pp. 96-117.

Han Lin Shang et Rob J Hyndman. « Grouped functional time series forecasting: An application to age-specific mortality rates », *Journal of Computational and Graphical Statistics*, vol. 26, n° 2, 2017, pp. 330-343.

Chou-Wen Wang et Sharon S Yang. « Pricing survivor derivatives with cohort mortality dependence under the Lee-Carter framework », *Journal of Risk and Insurance*, vol. 80, n° 4, 2013, pp. 1027-1056.

Rui Zhou, Yujiao Wang, Kai Kaufhold, Johnny Siu-Hang Li, et Ken Seng Tan. « Modeling period effects in multi-population mortality models: Applications to Solvency II », *North American Actuarial Journal*, vol. 18, n° 1, 2014, pp. 150-167.

© 2021 Institut canadien des actuaires

Institut canadien des actuaires
360, rue Albert, bureau 1740
Ottawa, ON K1R 7X7
613-236-8196
siege.social@cia-ica.ca

cia-ica.ca
voiraudeladurisque.ca



L'Institut canadien des actuaires (ICA) est l'organisme de qualification et de gouvernance de la profession actuarielle au Canada. Nous élaborons et maintenons des normes rigoureuses, partageons notre expertise en gestion du risque et faisons progresser la science actuarielle pour le bien-être financier de la société. Nos plus de 6 000 membres utilisent leurs connaissances en mathématiques, en statistiques, en analyses de données et en affaires dans le but de prodiguer des services et des conseils de la plus haute qualité pour aider à assurer la sécurité financière de toute la population canadienne.