

# CONSTRUCTION D'UNE TABLE DE MORTALITÉ PAR POSITIONNEMENT: MODE D'EMPLOI

Julien TOMAS <sup>α \*</sup> Frédéric PLANCHET <sup>α †</sup>

<sup>α</sup> ISFA - Laboratoire SAF <sup>‡</sup>

## Résumé

Cette note de travail présente un guide pratique du mode opératoire concernant la construction par un organisme, d'une table de mortalité reflétant l'expérience de son portefeuille par rapport aux références de place proposées dans la note [II1291-11 v1.4](#). En addition, elle illustre l'utilisation des méthodes et des critères de validation, exposés respectivement dans les notes [II1291-12 v1.5](#) et [II1291-14 v1.2](#). Ce *guide pratique* s'appuie sur le logiciel R, [R Development Core Team \(2013\)](#) ainsi que sur le package R ELT disponible ici : [www.ressources-actuarielles.net/gtmortalite](http://www.ressources-actuarielles.net/gtmortalite) ou sur le cite du CRAN.

\*Contact: [julien.tomas@univ-lyon1.fr](mailto:julien.tomas@univ-lyon1.fr)

†Contact: [frederic.planchet@univ-lyon1.fr](mailto:frederic.planchet@univ-lyon1.fr).

‡Institut de Science Financière et d'Assurances - Université Claude Bernard Lyon 1 - 50 Avenue Tony Garnier - 69366 Lyon - France

# Sommaire

<b>1</b>	<b>Introduction</b>	<b>1</b>
<b>2</b>	<b>Le package, format des données et installation</b>	<b>2</b>
2.1	Le package ELT . . . . .	2
2.2	Format des données . . . . .	4
2.3	Installation . . . . .	4
<b>3</b>	<b>Décompte du nombre de décès, d'individus et de l'exposition et import des tables de référence</b>	<b>5</b>
3.1	Décompte du nombre de décès, d'individus et de l'exposition . . . . .	5
3.2	Import des tables de référence . . . . .	5
<b>4</b>	<b>Exécution des méthodes</b>	<b>6</b>
4.1	Méthode 1 : Approche à un paramètre avec le SMR . . . . .	6
4.2	Méthode 2 : Approche à deux paramètres avec un modèle relationnel . . . . .	7
4.3	Méthode 3 : Modèle linéaire généralisé de Poisson incluant des interactions avec l'âge et l'année calendaire . . . . .	8
4.4	Méthode 4 : Lissage non-paramétrique de la table du moment et application de la dérive de mortalité de la référence . . . . .	9
<b>5</b>	<b>Le processus de validation des tables</b>	<b>12</b>
5.1	Validation par les critères du groupe 1 . . . . .	13
5.2	Validation par les critères du groupe 2 . . . . .	16
5.3	Validation par les critères du groupe 3 . . . . .	17
<b>6</b>	<b>Fermeture des tables</b>	<b>20</b>
6.1	Première étape . . . . .	20
6.2	Deuxième étape . . . . .	21
<b>7</b>	<b>Comparaison des méthodes</b>	<b>23</b>
<b>8</b>	<b>Risque systématique d'estimation des paramètres</b>	<b>26</b>
	<b>Références</b>	<b>27</b>
	<b>Annexes</b>	<b>28</b>
<b>A</b>	<b>Graphiques des statistiques observées</b>	<b>28</b>
<b>B</b>	<b>Graphiques suite à l'exécution des méthodes</b>	<b>28</b>
<b>C</b>	<b>Graphiques suite à la validation par les critères du groupe 1</b>	<b>29</b>
<b>D</b>	<b>Graphiques suite à la validation par les critères du groupe 3</b>	<b>30</b>
<b>E</b>	<b>Graphiques suite à la fermeture des tables</b>	<b>31</b>
<b>F</b>	<b>Graphiques suite à la comparaison des méthodes</b>	<b>32</b>
<b>G</b>	<b>Graphiques de l'analyse optionnelle du degré de précision de l'ajustement</b>	<b>34</b>

# 1 Introduction

Cette note de travail présente le mode opératoire concernant la construction par un organisme, d'une table de mortalité reflétant l'expérience de son portefeuille par rapport aux références de place proposées dans la note [II1291-11 v1.4](#). En addition, cette note illustre l'utilisation des méthodes et des critères de validation, présentés respectivement dans les notes [II1291-12 v1.5](#) et [II1291-14 v1.2](#).

Nous avons identifié et illustré, dans la note de travail [II1291-12 v1.5](#), quatre approches de positionnement, ordonnées selon leur complexité, permettant à un organisme donné d'ajuster la référence de mortalité pour se rapprocher d'une vision *best estimate* de son risque de mortalité / longévité.

Nous avons présenté dans la note de travail [II1291-14 v1.2](#), les critères quantitatifs et qualitatifs envisagés pour valider la table de mortalité construite. La cohérence des résultats a été appréhendée sur trois niveaux. Ceux-ci concernent l'ajustement de la mortalité passée, la tendance d'évolution de la mortalité ainsi que le degré de précision de l'ajustement et de l'extrapolation. Ici, ces critères sont regroupés en trois familles. Il s'agit des critères dits de **proximité** entre les observations et le modèle, des critères de **régularité de l'ajustement** et des critères évaluant la **cohérence des tendances d'évolution** de la mortalité.

Les méthodes s'articulent selon une procédure de sélection itérative permettant de les comparer et de sélectionner la plus satisfaisante avec parcimonie. Brièvement, le mode opératoire est le suivant :

- i.** Nous commençons par calculer le nombre de décès et d'individus ainsi que l'exposition à partir des données ligne à ligne du portefeuille.
- ii.** Nous importons la/les table(s) de référence par sexe.
- iii.** Nous exécutons la méthode de positionnement 1.
- iv.** Nous validons la table obtenues par les critères du groupe 1 concernant la **proximité** entre les observations et le modèle. Si ces critères ne sont pas satisfaits, nous nous tournons vers la méthode suivante et il est inutile de poursuivre le processus de validation avec la méthode 1.
- v.** Si les critères du groupe 1 sont satisfaits, nous poursuivons le processus de validation avec les critères du groupe 2 concernant la **régularité de l'ajustement**.
- vi.** Si les critères du groupe 2 sont satisfaits, nous complétons la table aux âges élevés par l'approche de [Denuit and Goderniaux \(2005\)](#).
- vii.** Nous poursuivons le processus de validation avec les critères évaluant la **cohérence des tendances d'évolution**.

Nous pouvons aussi nous tourner vers la méthode suivante pour en améliorer l'ajustement au prix d'une complexité un peu plus grande, sans dégrader le résultat des contrôles de proximité. Nous répétons les étapes **iii.** à **vii.** avec la méthode suivante.

Le figure 1 résume le processus de validation.

Le mode opératoire s'appuie sur le logiciel R, [R Development Core Team \(2013\)](#) ainsi que sur le package `ELT` (Experience Life Table) disponible sur le site du CRAN et ici : [www.ressources-actuarielles.net/gtmortalite](http://www.ressources-actuarielles.net/gtmortalite). Nous illustrons dans cette note le mode opératoire à partir d'un exemple dont les données sont issues d'un portefeuille réel. Nous nous référons à [Tomas and Planchet \(2013a\)](#) et [Tomas and Planchet \(2014\)](#) pour des illustrations additionnelles.

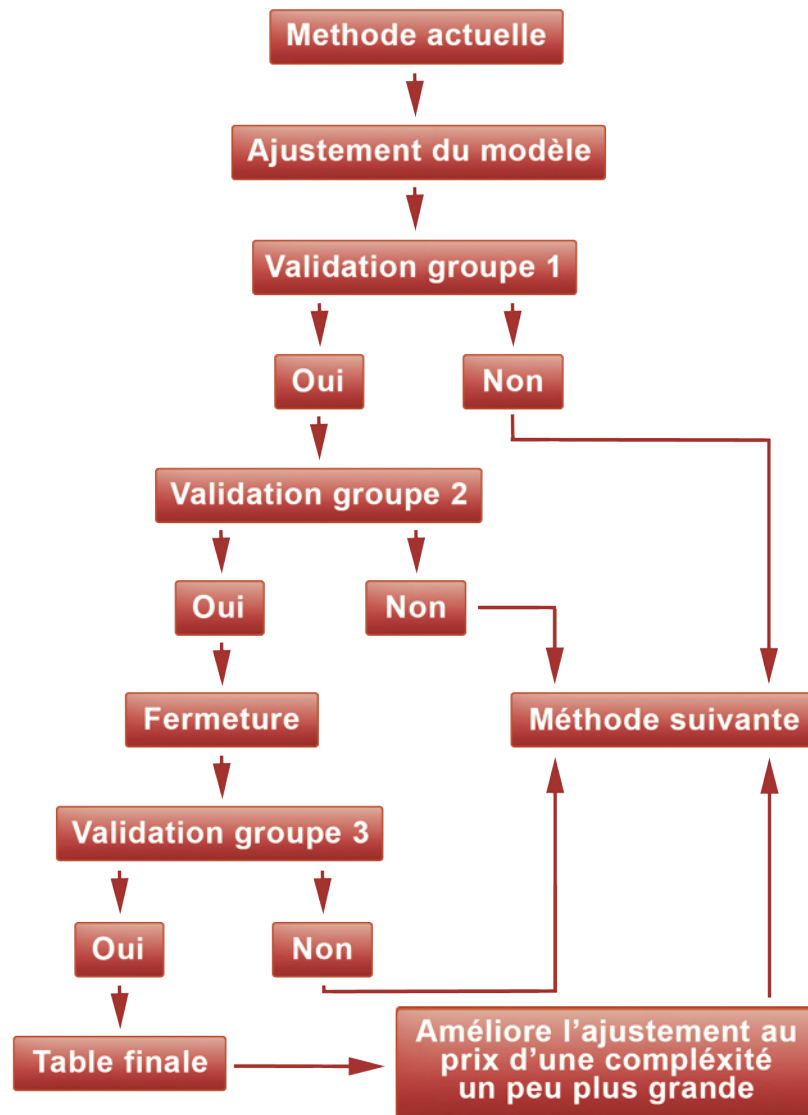


FIGURE 1: Le processus de validation.

Cette note de travail est organisée de la manière suivante. La section 2 décrit le fonctionnement du package ELT, le formatage des données nécessaire à l'exécution des fonctions R du package ainsi que l'installation. Les données fournies en entrée doivent être préalablement validées et sont supposées utilisables sans retraitement. Le décompte des décès et de l'exposition ainsi que l'importation de la référence sont abordés à la section 3. La section 4 présente la construction des tables de mortalité par les quatre méthodes. La section 5 illustre la validation des tables par les trois groupes de critères. La fermeture des tables est exposée à la section 6. La comparaison des méthodes est illustrée à la section 7. Enfin la section 8 présente une analyse *en option* du degré de précision de l'ajustement.

## 2 Le package, format des données et installation

### 2.1 Le package ELT

Le package ELT nous permet d'implémenter les méthodes et le processus de validation par les fonctions suivantes :

- `ReadHistory()` pour le décompte du nombre de décès, d'individus et de l'exposition,

- `AddReference()` pour l'importation des tables de mortalité de référence masculine et féminine,
- `Method1()` pour l'exécution de la méthode 1, i.e. application d'un simple coefficient de réduction / majoration de type SMR,
- `Method2()` pour l'exécution de la méthode 2, i.e. variante semi-paramétrique du modèle de Brass,
- `Method3()` pour l'exécution de la méthode 3, i.e. modèle linéaire généralisé de Poisson comportant la référence de mortalité de place comme variable explicative et contenant des interactions avec l'âge atteint et l'année calendaire,
- `Method4A()` pour l'exécution de la première partie de la méthode 4, choix optimal des paramètres de la vraisemblance locale,
- `Method4B()` pour l'exécution de la deuxième partie de la méthode 4, approche non-paramétrique et application des taux d'amélioration ajustés à partir de la référence,
- `CompletionA()` pour l'exécution de la première partie de la fermeture des tables par l'approche de **Denuit and Goderniaux (2005)**, choix des tranches d'âges,
- `CompletionB()` pour l'exécution de la deuxième partie de la fermeture des tables,
- `ValidationLevel1()` pour la validation des méthodes selon le premier groupe de critères, i.e. les critères dits de **proximité** entre les observations et le modèle.
- `ValidationLevel2()` pour la validation des méthodes selon le deuxième groupe de critères, i.e. les critères dits de **régularité de l'ajustement**.
- `ValidationLevel3()` pour la validation des méthodes selon le troisième groupe de critères, i.e. les critères évaluant la **cohérence des tendances d'évolution** de la mortalité.
- `Dispersion()` pour une analyse *en option* du degré de précision de l'ajustement impliquant des simulations de Monte-Carlo permettant de calculer les quantiles et la dispersion relative des espérances de vie périodiques simulées.

De plus, les fonctions créent le dossier **Results**, situé dans le répertoire de travail courant, qui est lui-même composé des sous-dossiers suivants :

- **Excel** où, suite à l'exécution des fonctions apparaîtront les fichiers **History.xlsx** contenant le nombre de décès, d'individus et l'exposition respectivement pour la/les population(s) masculine et/ou féminine, **Validation.xlsx** contenant les résultats issues des trois étapes de la validation ainsi que **FinalTables.xlsx** pour les tables de mortalité par sexe construites à partir de la/des méthode(s),
- **Graphics**, lui-même décomposé selon
  - les graphiques des données brutes dans le dossier **Data**,
  - les graphiques des tables par sexe construites à partir de la/des méthode(s) dans le dossier **FinalTables**,
  - les graphiques permettant de juger de la cohérence des tables construites à partir de la/des méthode(s) dans le dossier **Validation**,
  - les graphiques permettant de juger de la fermeture par l'approche de **Denuit and Goderniaux (2005)** dans le dossier **Completion**,

- les graphiques permettant de comparer une ou plusieurs méthodes dans le dossier `Comparison`.

Le package ELT utilise les packages suivants :

- `xlsx` pour exporter et manipuler les tables sous Excel©,
- `locfit` pour les techniques de vraisemblance locale et les fonctions associées,
- ainsi que les packages graphiques `lattice`, `grid` et `latticeExtra`.

## 2.2 Format des données

En entrée, nous devons disposer d'un fichier texte ligne à ligne au format `.csv`. Les champs :

- `Gender` avec les modalités `Male` et/ou `Female`,
- `DateOfBirth`, `DateIn` et `DateOut` avec le format `jj/mm/aaaa` ou `aaaa/mm/jj`,
- `Status` avec les modalités `other` et `deceased`

doivent impérativement apparaître de façon similaire à l'extrait ci-dessous.

```
Id      Gender DateOfBirth DateIn      DateOut      Status
100001 Female 1973/10/10 1995/12/01 2003/12/01 other
100002 Male   1901/05/12 1996/01/01 2001/04/21 deceased
100003 Female 1970/07/10 1995/11/01 2000/02/01 other
100004 Male   1916/07/07 1996/01/01 2002/01/28 deceased
100005 Female 1950/10/31 1995/11/01 2003/11/01 other
100006 Male   1918/04/06 1996/01/01 2002/06/01 deceased
```

Il est rappelé ici que les données fournies en entrée doivent être préalablement validées et sont supposées utilisables sans retraitement, notamment en ce qui concerne les doublons.

Les tables de référence doivent être au format `.csv` avec séparateur virgule et les décimales spécifiées avec un point. Enfin, elles doivent faire apparaître à la première ligne le champs `Age` ainsi que les années calendaires (`aaaa`). De plus la première colonne doit comporter les âges de façon similaire à l'extrait ci-dessous.

```
Age 2007      2008      2009
30 0.000311593474965233 0.000306042218246261 0.000300479595658376
31 0.000348346535147592 0.000342184155801339 0.000336041756619943
32 0.000389036758772998 0.000382227872388841 0.000375472419444467
33 0.000434035950731881 0.000426548706314089 0.000419149824415155
34 0.000483745126249158 0.000475552683282587 0.000467484159225484
```

## 2.3 Installation

Après avoir installer le package ELT disponible sur le site du CRAN et ici [www.ressources-actuarielles.net/gtmortalite](http://www.ressources-actuarielles.net/gtmortalite), nous le chargeons dans R. L'exécution de la fonction `require()` implique le chargement des dépendances, i.e. les packages utilisés par ELT.

```
> require(ELT)
```

### 3 Décompte du nombre de décès, d'individus et de l'exposition et import des tables de référence

#### 3.1 Décompte du nombre de décès, d'individus et de l'exposition

Nous lisons les données lignes à lignes du portefeuille à partir du fichier .csv :

```
> MyPortfolio = read.table("../MyPortfolio.csv", header = TRUE, sep = ",",  
colClasses = "character")
```

Puis nous exécutons la fonction `ReadHistory()` pour le décompte et la ventilation du nombre de décès, d'individus et de l'exposition par sexe.

Nous avons spécifié dans la fonction `ReadHistory()` les arguments correspondants à la date de début (`DateBegObs`) et fin (`DateEndObs`) de la période d'observation, ainsi que le format des dates (`FormatDate`), soit `%Y/%m/%d` ou `%d/%m/%Y`.

```
> History <- ReadHistory(MyPortfolio = MyPortfolio, DateBegObs = "2005/01/01",  
DateEndObs = "2009/12/31", FormatDate = "%Y/%m/%d", Excel = TRUE, Plot = TRUE)
```

En spécifiant `Excel = TRUE`, nous obtenons un fichier Excel© dénommé `History.xlsx` dans le dossier `Results/Excel/` situé dans le répertoire de travail courant, contenant le nombre de décès, d'individus et l'exposition respectivement par sexe.

En spécifiant, `Plot = TRUE`, nous obtenons les graphiques suivants, similaires à ceux présentés en Annexe A, dans le dossier `Results/Graphics/Data` :

- Nombre de décès  $D_{x,t}$  observés par sexe,
- Nombre d'individus  $L_{x,t}$  observés par sexe,
- Exposition  $E_{x,t}$  observée par sexe,
- Logarithme de la probabilité conditionnelle de décès  $\log q_x(t)$  observée par sexe,
- Probabilité conditionnelle de décès  $q_x(t)$  observée par sexe.

Il y est possible de calculer directement les statistiques observées avec la fonction `GetHistory()`,

```
> MyData <- GetHistory(MyPortfolio = MyPortfolio, DateBegObs = "2005/01/01",  
DateEndObs = "2009/12/31", FormatDate = "%Y/%m/%d")
```

de les exporter dans le fichier `History.xlsx` avec la fonction `ExportHistoryInExcel()`,

```
> ExportHistoryInExcel(MyData)
```

ou d'afficher les graphiques individuellement avec la fonction `SurfacePlot()`. Par exemple,

```
> SurfacePlot(as.matrix(MyData$Male$Expo), expression(E[xt]), "Exposition, Female  
pop.", c(0, 120, 2005, 2009), "#A4072E")
```

produit la figure 5a en annexe A

#### 3.2 Import des tables de référence

Nous lisons la/les table(s) de référence pour chaque sexe à partir du/des fichiers .csv.

```
> ReferenceMale = read.table("../QxtRefMale.csv", sep = ",", header = TRUE)
> ReferenceMale <- ReferenceMale[,2:ncol(ReferenceMale)]
> ReferenceFemale = read.table("../QxtRefFemale.csv", sep = ",", header = TRUE)
> ReferenceFemale <- ReferenceFemale[,2:ncol(ReferenceFemale)]
> colnames(ReferenceMale) <- colnames(ReferenceFemale) <- 2007 : 2060
> rownames(ReferenceMale) <- rownames(ReferenceFemale) <- 30 : 130
```

Puis nous exécutons la fonction `AddReference()`.

```
> MyData <- AddReference(History = History, ReferenceMale = ReferenceMale,
ReferenceFemale = ReferenceFemale)
```

Nous pouvons afficher individuellement le/les graphique(s) de la/des référence de mortalité avec la fonction `SurfacePlot()`.

```
> SurfacePlot(as.matrix(log(MyData$Male$Qxt)),expression(paste("log ",q[xt])),
paste("Reference - Probability of death, Male pop. (Log)"), c(0, 130, 2007,
2060), "#A4072E")
```

## 4 Exécution des méthodes

### 4.1 Méthode 1 : Approche à un paramètre avec le SMR

L'approche à un paramètre est la méthodologie la plus simple envisagée. Il s'agit de l'application d'un simple coefficient de réduction / majoration, appliqué de manière multiplicative aux probabilités conditionnelles de décès de la référence. Ce coefficient est le SMR pour la population considérée, cf. Section 3.1 de la note [II1291-12 v1.5](#).

Nous exécutons la fonction `Method1()` pour effectuer un positionnement avec la méthode 1, en spécifiant la tranche d'âges utilisée pour le calcul du SMR. Pour notre application nous sélectionnons la tranche d'âges [30 – 90] ans.

```
OutputMethod1 <- Method1(MyData = MyData, AgeRange = 30 : 90, Plot = TRUE)
```

L'exécution de la fonction `Method1()` affiche dans la console R les valeurs des coefficients de réduction / majoration pour la/les population(s) masculine et/ou féminine.

```
[1] "Execute method 1 ..."
[1] "Compute the SMR ..."
[1] "QxtFittedFemale = 1.13879643790146 * QxtRefFemale"
[1] "QxtFittedMale = 1.13343647964091 * QxtRefMale"
```

Nous remarquons que le SMR est supérieur à 1, en conséquence les tables de référence sous-estime le nombre de décès de notre portefeuille pour les deux populations.

En spécifiant l'argument `Plot = TRUE` dans la fonction `Method1()`, nous obtenons, dans le dossier `Results/Graphics/Completion`, les surfaces de mortalité ajustées et extrapolées par la méthode 1 avant la fermeture des tables :

- Logarithme de la probabilité conditionnelle de décès  $\log \hat{q}_x(t)$  ajustée et extrapolée par sexe,
- Logarithme de la probabilité conditionnelle de décès  $\log \hat{q}_x(t)$  ajustée et extrapolée.

A titre d'exemple, les surfaces de mortalité ajustées et extrapolées avant la fermeture par la méthode 1 se trouvent en Annexe B.



A partir de l'objet `OutputMethod1`, nous pouvons extraire le SMR,

```
> OutputMethod1$Male$SMR
[1] 1.133436
```

ainsi que les probabilités de décès ajustées et extrapolées,

```
> OutputMethod1$Male$QxtFitted
```

ou enregistrer les graphiques correspondant aux surfaces de mortalité ajustées et extrapolées dans le dossier `Results/Graphics/Completion` avec la fonction `PlotMethod()`.

```
PlotMethod(OutputMethod1, MyData, 30 : 90, "#A4072E")
```

Nous pouvons aussi afficher ces graphiques individuellement avec la fonction `SurfacePlot()`. Par exemple,

```
> SurfacePlot(as.matrix(log(OutputMethod1$Male$QxtFitted)),expression(paste(
"log ",widetilde(q)[xt])), "Method1 - Fitted prob. of death before completion,
Female pop. (log)", c(30, 130, 2007, 2060), "#A4072E")
```

produit la figure 7b en annexe B.

Nous pouvons aussi directement obtenir les probabilités de décès ajustées et extrapolées avec la méthode 1 par la fonction `FctMethod1()`.

```
> OutputMethod1$Male <- FctMethod1(MyData$Male$Dxt, MyData$Male$Lxt,
MyData$Male$QxtRef, AgeRange = 30 : 90, MyData$Male$AgeRef, MyData$Male$YearCom,
MyData$Male$YearRef)
```

## 4.2 Méthode 2 : Approche à deux paramètres avec un modèle relationnel

La deuxième méthode est une variante semi-paramétrique du modèle de Brass, cf. Section 3.2 de la note [II1291-12 v1.5](#).

Nous exécutons la fonction `Method2()` pour effectuer un positionnement avec la méthode 2, en spécifiant la tranche d'âges utilisée pour le calcul des paramètres du modèle. Pour notre application nous sélectionnons la tranche d'âges  $[30 - 90]$  ans.

```
> OutputMethod2 <- Method2(MyData = MyData, AgeRange = 30 : 90, Plot = TRUE)
```

L'exécution de la fonction `Method2()` affiche dans la console R les valeurs des paramètres du modèle pour la/les population(s) masculine et/ou féminine.

```
[1] "Execute method 2 ..."
[1] "Compute the parameters of the semi-parametric relational model ..."
[1] "logit (QxtFittedFemale) = -0.549021008691311 + 0.891974251443022 *
logit (QxtRefFemale)"
[1] "logit (QxtFittedMale) = -0.718272400877697 + 0.833259287109757 *
logit (QxtRefMale)"
```

En spécifiant l'argument `Plot = TRUE` dans la fonction `Method2()`, nous obtenons, dans le dossier `Results/Graphics/Completion`, les surfaces de mortalité ajustées et extrapolées par la méthode 2 avant la fermeture des tables :

- Logarithme de la probabilité conditionnelle de décès  $\log \hat{q}_x(t)$  ajustée et extrapolée par sexe,
- Logarithme de la probabilité conditionnelle de décès  $\log \hat{q}_x(t)$  ajustée et extrapolée.

A partir de l'objet `OutputMethod2`, nous pouvons extraire les paramètres  $\alpha$  et  $\beta$  du modèle,

```
> OutputMethod2$Male$ModPar
[1] -0.7182724  0.8332593
```

ainsi que les probabilités de décès ajustées et extrapolées,

```
> OutputMethod2$Male$QxtFitted
```

ou enregistrer les graphiques avec la fonction `PlotMethod()` et les afficher individuellement avec la fonction `SurfacePlot()`, voir la section 4.1.

Nous pouvons aussi directement obtenir les probabilités de décès ajustées et extrapolées avec la méthode 2 par la fonction `FctMethod2()`.

```
> OutputMethod2$Male <- FctMethod2(MyData$Male$Dxt, MyData$Male$Lxt,
MyData$Male$QxtRef, AgeRange = 30 : 90, MyData$Male$AgeRef, MyData$Male$YearCom,
MyData$Male$YearRef)
```

### 4.3 Méthode 3 : Modèle linéaire généralisé de Poisson incluant des interactions avec l'âge et l'année calendaire

La troisième méthode est un modèle linéaire généralisé de Poisson comportant la référence de mortalité de place comme variable explicative et contenant des interactions avec l'âge atteint et l'année calendaire, cf. Section 3.3 de la note [III1291-12 v1.5](#).

Nous exécutons la fonction `Method3()` pour effectuer un positionnement avec la méthode 3, en spécifiant la tranche d'âges utilisée pour le calcul des paramètres du modèle de Poisson. Pour notre application nous sélectionnons la tranche d'âges `[30 - 90]` ans..

```
> OutputMethod3 <- Method3(MyData = MyData, AgeRange = 30 : 90, Plot = TRUE)
```

L'exécution de la fonction `Method3()` affiche dans la console R les valeurs des paramètres du modèle de Poisson pour la/les population(s) masculine et/ou féminine.

```
[1] "Execute method 3 ..."
[1] "Compute the parameters of the Poisson model ..."
[1] "Summary of the Poisson model, Female population"
Call:
glm(formula = D_i ~ as.numeric(log(mu_i)) + as.numeric(Age),
    family = poisson, data = data.frame(DB), offset = log(E_i))
Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.4989  -0.8739  -0.1807   0.5459   2.9094
Coefficients:
                                Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
```

```
(Intercept)      3.77451    1.67997    2.247    0.0247 *
as.numeric(log(mu_i)) 1.24191    0.13626    9.115    <2e-16 ***
as.numeric(Age)   -0.03622    0.01453   -2.493    0.0127 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)
Null deviance: 3125.1 on 182 degrees of freedom
Residual deviance: 186.4 on 180 degrees of freedom
AIC: 921.99
Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

En spécifiant l'argument `Plot = TRUE` dans la fonction `Method3()`, nous obtenons, dans le dossier `Results/Graphics/Completion`, les surfaces de mortalité ajustées et extrapolées par la méthode 3 avant la fermeture des tables :

- Logarithme de la probabilité conditionnelle de décès  $\log \hat{q}_x(t)$  ajustée et extrapolée par sexe,
- Logarithme de la probabilité conditionnelle de décès  $\log \hat{q}_x(t)$  ajustée et extrapolée.

A partir de l'objet `OutputMethod3`, nous pouvons extraire les paramètres du modèle de Poisson,

```
> OutputMethod3$Male$PoisMod
Call: glm(formula = D_i ~ as.numeric(log(mu_i)) + as.numeric(Age),
  family = poisson, data = data.frame(DB), offset = log(E_i))
Coefficients:
      (Intercept)  as.numeric(log(mu_i))      as.numeric(Age)
      -2.50724         0.68411         0.01719
Degrees of Freedom: 182 Total (i.e. Null); 180 Residual
Null Deviance:      4761
Residual Deviance: 185.6      AIC: 1042
```

ainsi que les probabilités de décès ajustées et extrapolées,

```
OutputMethod3$Male$QxtFitted
```

ou enregistrer les graphiques avec la fonction `PlotMethod()` et les afficher individuellement avec la fonction `SurfacePlot()`, voir la section 4.1.

Nous pouvons aussi directement obtenir les probabilités de décès ajustées et extrapolées avec la méthode 3 par la fonction `FctMethod3()`.

```
> OutputMethod3$Male <- FctMethod3(MyData$Male$Dxt, MyData$Male$Ext,
  MyData$Male$QxtRef, AgeRange, MyData$Male$AgeRef, MyData$Male$YearCom,
  MyData$Male$YearRef)
```

#### 4.4 Méthode 4 : Lissage non-paramétrique de la table du moment et application de la dérive de mortalité de la référence

L'exécution de la méthode 4 s'effectue en deux parties. La première partie concerne la construction d'une table du moment sur la base des données agrégées de l'organisme ainsi que la création des diagnostics graphiques permettant de choisir les paramètres optimaux du lissage non-paramétrique. Ces paramètres sont, par la suite, utilisés dans une deuxième partie pour l'ajustement non-paramétrique par vraisemblance locale et on applique à cette table des dérivées calculées sur la référence de mortalité, cf. Section 3.4 de la note [II1291-12 v1.5](#).

Nous exécutons la fonction `Method4A()` pour effectuer un lissage non-paramétrique par vraisemblance locale de la table du moment, en spécifiant la tranche d'âges utilisée pour la construction de la table du moment et de son ajustement. Pour notre application nous sélectionnons la tranche d'âges  $[30 - 90]$  ans. Dans un soucis de comparaisons des méthodes, la tranche d'âges utilisée pour ajuster la méthode 4 doit couvrir la tranche d'âges utilisée dans le processus de validation, ce qui nécessite de spécifier l'argument correspondant à `AgeCrit` dans la fonction `Method4A()`.

```
> OutputMethod4PartOne <- Method4A(MyData = MyData, AgeRange = 30 : 90,
AgeCrit = 30 : 90, ShowPlot = TRUE)
```

En spécifiant l'argument `ShowPlot = TRUE`, l'exécution de la fonction `Method4A()` génère les diagnostics graphiques permettant de choisir les paramètres de lissage optimaux pour la/les population(s) masculine et/ou féminine, voir la Figure 2. Le point correspondant au minimum ou à un plateau après une forte descente du critère AIC détermine les paramètres optimaux.

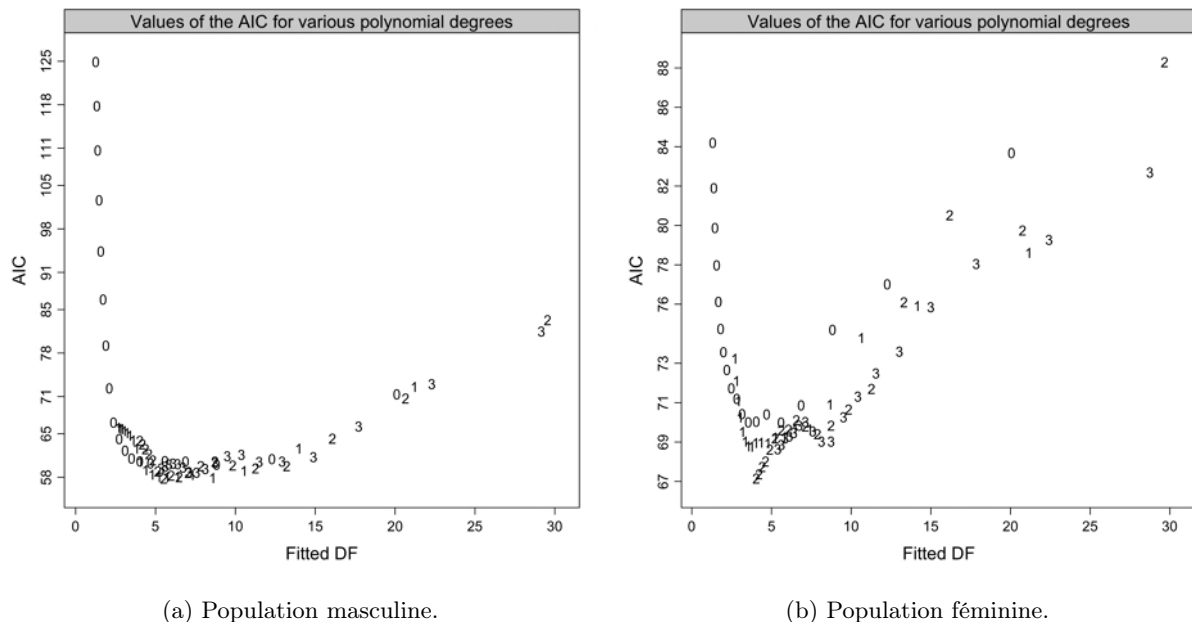


FIGURE 2: Représentation graphique du critère AIC.

Nous pouvons aussi obtenir les valeurs du critère AIC et du nombre de degrés de liberté ajustés par la fonction `FctMethod4_1stPart()`,

```
> OutputMethod4PartOne$Male <- FctMethod4_1stPart(MyData$Male$Dxt,
MyData$Male$Ext, MyData$Male$QxtRef, AgeRange, MyData$Male$AgeRef,
MyData$Male$YearCom)
```

extraire les valeurs du critère AIC,

```
> OutputMethod4PartOne$Male$AICMAT
```

extraire le nombre de degrés de liberté ajustés correspondants,

```
> OutputMethod4PartOne$Male$V2
```

et produire les graphiques 2a et 2b avec la fonction `PlotCrit()`.

```
> Xlim <- c(min(OutputMethod4PartOne$Male$AICMAT[3:20,]),
max(OutputMethod4PartOne$Male$AICMAT))
> Ylim <-c(min(OutputMethod4PartOne$Male$V2MAT[3:20,]),
max(OutputMethod4PartOne$Male$V2MAT))
> PlotCrit(OutputMethod4PartOne$Male$AICMAT, OutputMethod4PartOne$Male$V2MAT,
Xlim, Ylim)
```

Nous sélectionnons un lissage quadratique (polynôme de degré 2) et une fenêtre de 29 et 41 observations correspondant à 5.53 et 4.05 degrés de liberté ajustés, pour la population masculine et féminine respectivement <sup>1</sup>.

Nous exécutons la fonction `Method4B()` pour effectuer la deuxième partie de la méthode et appliquer à la table du moment ajustée les dérivés de mortalité calculées à partir de la référence, en spécifiant les arguments `OptMale` et `OptFemale`.

```
> OutputMethod4 <-Method4B(PartOne = OutputMethod4PartOne, MyData = MyData,
OptMale = c(2, 14), OptFemale = c(2, 20), Plot = TRUE, ShowPlot = TRUE)
```

En spécifiant l'argument `ShowPlot = TRUE`, l'exécution de la fonction `Method4B()` reproduit les diagnostics graphiques en indiquant le point sélectionné, voir la Figure 3.

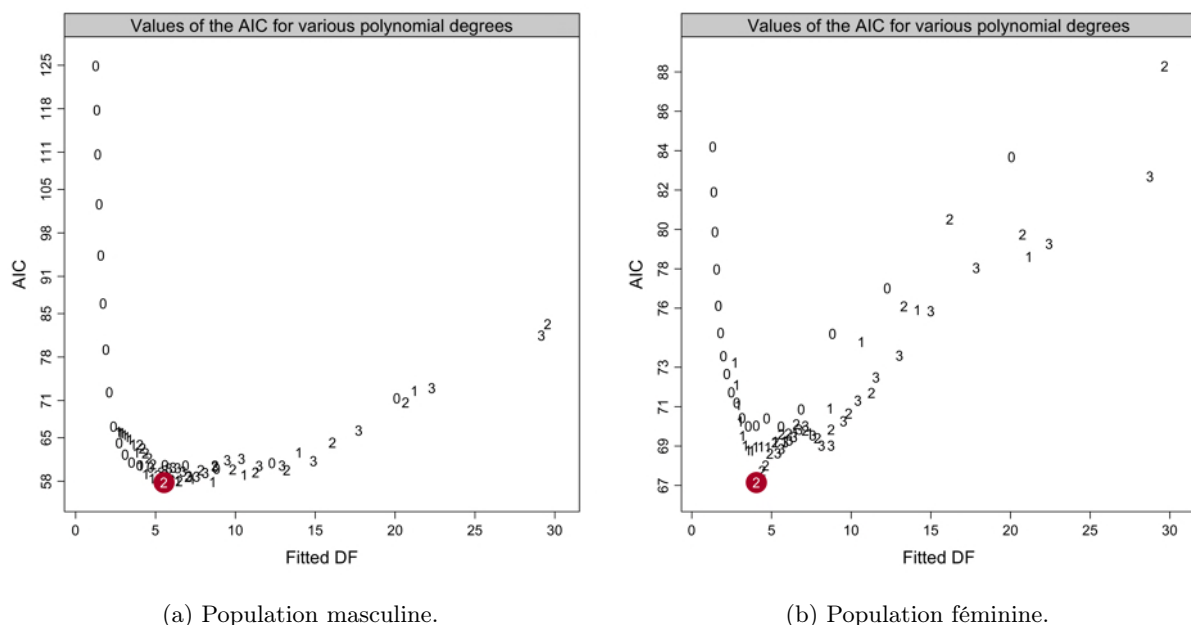


FIGURE 3: Représentation graphique du critère AIC et point sélectionné.

Ces graphiques peuvent être aussi produits par la fonction `PlotCritChoice()`

```
> Xlim <- c(min(OutputMethod4PartOne$Male$AICMAT[3:20,]),
max(OutputMethod4PartOne$Male$AICMAT))
> Ylim <-c(min(OutputMethod4PartOne$Male$V2MAT[3:20,]),
max(OutputMethod4PartOne$Male$V2MAT))
> PlotCritChoice(OutputMethod4PartOne$Male$AICMAT,
OutputMethod4PartOne$Male$V2MAT, Xlim, Ylim, OptMale[1], OptMale[2])
```

1. Le critère AIC aide à choisir les paramètres de lissage. Néanmoins, pour des portefeuilles de petite tailles, sélectionner le minimum peut engendrer un nombre de degrés de liberté élevés induisant un modèle flexible et une surface ajustée trop irrégulière. Nous ne sélectionneront pas forcément le minimum dans ce cas.

En spécifiant l'argument `Plot = TRUE` dans la fonction `Method4B()`, nous obtenons, dans le dossier `Results/Graphics/Completion`, les surfaces de mortalité ajustées et extrapolées par la méthode 4 avant la fermeture des tables :

- Logarithme de la probabilité conditionnelle de décès  $\log \hat{q}_x(t)$  ajustée et extrapolée par sexe,
- Logarithme de la probabilité conditionnelle de décès  $\log \hat{q}_x(t)$  ajustée et extrapolée.

L'exécution de la fonction `Method4B()` affiche, dans la console R, les valeurs des paramètres optimaux de lissage pour la/les population(s) masculine et/ou féminine.

```
[1] "Execute method 4 Second Part - Female ..."  
[1] "Non-parametric smoothing of the periodic table ..."  
[1] "Optimal smoothing parameters:"  
[1] "Female population:"  
[1] "Bandwidth: 41 observations"  
[1] "Polynomial degree: 2"  
[1] "Values of the AIC: 67.1491"  
[1] "Fitted DF: 4.0516"  
[1] "Execute method 4 Second Part - Male ..."  
[1] "Non-parametric smoothing of the periodic table ..."  
[1] "Optimal smoothing parameters:"  
[1] "Male population:"  
[1] "Bandwidth: 29 observations"  
[1] "Polynomial degree: 2"  
[1] "Values of the AIC: 57.7966"  
[1] "Fitted DF: 5.5343"
```

A partir de l'objet `OutputMethod4`, nous pouvons extraire les probabilités de décès ajustées et extrapolées,

```
> OutputMethod4$Male$QxtFitted
```

ou enregistrer les graphiques avec la fonction `PlotMethod()` et les afficher individuellement avec la fonction `SurfacePlot()`, voir la section 4.1.

Nous pouvons aussi directement obtenir les probabilités de décès ajustées et extrapolées avec la méthode 4 par la fonction `FctMethod4B()`.

```
> OutputMethod4$Male <-FctMethod4_2ndPart(MyData$Female$Dxt, MyData$Female$Ext,  
MyData$Female$QxtRef, AgeRange, MyData$Female$AgeRef, MyData$Female$YearCom,  
MyData$Female$YearRef, OptMale[1], OptMale[2])
```

## 5 Le processus de validation des tables

Le processus de validation, illustré figure 1, s'appuie sur les critères présentés dans la note de travail [II1291-14 v1.2](#). Nous avons regroupé ces critères en trois familles. Il s'agit :

**Groupe 1.** Des critères de **proximité** entre les observations et le modèle, comprenant :

- les graphiques des ajustements avec la mortalité observée par année calendaire,
- les graphiques des résidus de la réponse, des résidus Pearson et des résidus de la déviance par année calendaire,

- les graphiques des des décès ajustés et observés avec les intervalles de confiance par année calendaire,
- le test du rapport de vraisemblance, le test du SMR ainsi que le test de Wilcoxon,
- les quantités telles que la déviance, le  $\chi^2$ , le  $R^2$ , le MAPE ainsi que le nombre de résidus standardisés supérieurs à 2 et 3.

**Groupe 2.** Des critères de **régularité de l'ajustement** comprenant :

- le test des *runs* et le test des signes.

**Groupe 3.** Des critères évaluant la **cohérence des tendances d'évolution** de la mortalité comprenant :

- les Indices résumant les durées de vie tels que l'âge médian au décès, l'entropie et l'espérance de vie générationnelle partielle pour plusieurs cohortes,
- le rapport entre les probabilités de décès ajustées féminines et masculines (si nous disposons des deux populations),
- le rapport entre les espérances de vie générationnelles partielles féminines et masculines (si nous disposons des deux populations),
- le rapport entre les espérances de vie périodiques résiduelles observées et ajustées,
- les graphiques permettant de juger de la cohérence de la tendance de la mortalité ajustée par rapport l'évolution observée,

## 5.1 Validation par les critères du groupe 1

Nous exécutons la fonction `ValidationLevel1()` pour effectuer la première étape du processus de validation concernant la **proximité** entre les observations et le modèle, voir la section 3 de la note de travail **II1291-14 v1.2**. Nous spécifions la tranche d'âge utilisée pour la validation de la table par les critères du groupe 1 ainsi que la valeur critique des tests. Dans cet exemple, nous considérons la validation des tables obtenues par la méthode 1. Nous sélectionnons la tranche d'âge [30 – 90] et nous fixons la valeur critique  $\alpha$  à 5%.

```
> ValidationLevel1Method1 <- ValidationLevel1(OutputMethod = OutputMethod1,
MyData = MyData, AgeCrit = AgeCrit, ValCrit = 0.05, Excel = TRUE, Plot = TRUE)
```

L'exécution de la fonction `ValidationLevel1()` affiche, dans la console R, l'ensemble des différents tests et quantités numériques correspondants aux des critères de **proximité**. Nous présentons, dans l'extrait suivant, ceux relatifs à la population masculine.

```
[1] "Validation: Level 1 - Criteria assessing the proximity between the
observations and the model ..."
[1] "Tests & quantities for Male population ..."
$'Likelihood ratio test'
      Method1
Xi      "258.92"
Threshold "215.56"
Hyp      "H1"
p.val    "2e-04"
$'SMR test'
      Method1
SMR     "0.969"
```

```

Xi          "2.2712"
Threshold   "1.6449"
Hyp         "H1"
p.val       "0.0116"
$'Wilcoxon Matched-Pairs Signed-Ranks test'
          Method1
W          "10600"
Xi          "3.0401"
Threshold   "1.96"
Hyp         "H1"
p.val       "0.0024"
$'Standardized residuals'
          Method1
Std. Res.   > 2      20
Std. Res.   > 3      4
$Quantities
          Method1
Chi2        434.2900
R2           0.8145
MAPE        40.6600
Deviance    517.8500

```

Nous nous apercevons qu'aucune des hypothèses  $\mathcal{H}_0$  des tests des critères du groupe 1 ne sont validés. Le nombre de résidus standardisés supérieurs à 2 ou 3 ainsi que les quantités sont donnés à titre indicatif et fournissent un complément dans la comparaison des ajustement entre les différentes méthodes, voir la section ??.

En spécifiant `Excel = TRUE`, les résultats de la validation par la critère du groupe 1 sont enregistrés dans le fichier `Excel Validation.xlsx` situé dans le dossier `Results/Excel/`.

En complément des résultats des tests du groupe 1, la validation fait aussi intervenir des diagnostics graphiques. En spécifiant, `Plot = TRUE`, nous obtenons les graphiques suivants, similaires à ceux présentés en Annexe C, dans le dossier `Results/Graphics/Validation` :

- Comparaison de la probabilité conditionnelle de décès ajustée  $\hat{q}_x(t)$  avec la mortalité observée pour chaque année calendaire commune entre le portefeuille et la référence, par sexe, sur la plage d'âges `AgeCrit`, voir figures 8a et 8b en annexe C.
- Comparaison du logarithme de la probabilité conditionnelle de décès ajustée  $\log \hat{q}_x(t)$  avec la mortalité observée pour chaque année calendaire commune entre le portefeuille et la référence, par sexe, sur la plage d'âges `AgeCrit`, voir figures 8c et 8d en annexe C.
- Les résidus de la réponse, les résidus de Pearson et les résidus de la déviance pour chaque année calendaire commune entre le portefeuille et la référence, par sexe, sur la plage d'âges `AgeCrit`, voir figures 9b et 10b en annexe C.
- Les décès ajustés  $\hat{D}_{x,t}$  et observés ainsi que les intervalles de confiances ponctuels à  $(1 - \alpha)\%$  (`ValCrit`) pour chaque année calendaire commune entre le portefeuille et la référence, par sexe, sur la plage d'âges `AgeCrit`, voir figures 9a et 10a en annexe C.

La validation par les critères de proximité s'effectue uniquement sur les années calendaires communes au portefeuille et à la table de référence. Nous nous apercevons, par exemple, que l'ajustement n'est pas satisfaisant que ce soit pour la population masculine ou féminine, figure 8. Les graphiques de résidus montrent une tendance forte, dans les résidus de la réponse et de Pearson, apparaissant sur les plages d'âges  $[30 - 70]$  et  $[70 - 90]$ , de plus les résidus de la déviance exhibent plusieurs résidus successifs ayant un même signe sur les plages d'âges  $[30 - 70]$  et  $[70 - 90]$ , impliquant que les données ont été sur-lissées localement pour les deux populations, figures 9 et 10.



Nous pouvons extraire de l'objet `ValidationLevel1Method1` les tests et quantités du groupe 1,

```
> ValidationLevel1Method1$CritLevel1$Male
```

les résidus de la réponse, de Pearson et de la déviance,

```
> ValidationLevel1Method1$Residuals$Male
```

ainsi que les décès ajustés et les intervalles de confiance ponctuels.

```
> ValidationLevel1Method1$DeathsIntConf$Male$DxtFitted
> ValidationLevel1Method1$DeathsIntConf$Male$DIntUp
> ValidationLevel1Method1$DeathsIntConf$Male$DIntLow
```

Nous pouvons aussi obtenir les tests et quantités du groupe 1 avec la fonction `GetCritLevel1()`,

```
> GetCritLevel1(OutputMethod1$Male, MyData$Male, ValCrit = 0.05,
AgeCrit = 30 : 90)
```

et les enregistrer dans le fichier Excel `Validation.xlsx` situé dans le dossier `Results/Excel/` avec la fonction `ExportValidationL1inExcel()`.

```
> ExportValidationL1inExcel(ValidationLevel1Method1$CritLevel1)
```

Nous pouvons afficher le graphique des ajustements avec les probabilités des décès observées par la fonction `PlotFittedYear()`, similaire à la figure 8a en annexe C,

```
> PlotFittedYear(OutputMethod1$Male, MyData$Male, AgeCrit = 30 : 90,
MyData$Param$Color, "2007", "Male")
```

ainsi que le graphique du logarithme des ajustements avec les probabilités des décès observées par la fonction `PlotFittedYearLog()`, similaire à la figure 8c en annexe C.

```
> PlotFittedYearLog(OutputMethod1$Male, MyData$Male, AgeCrit,
MyData$Param$Color, "2007", "Male")
```

Nous pouvons calculer la déviance par la fonction `DevFct()`,

```
> DevMale <- DevFct(OutputMethod1$Male$QxtFitted, MyData$Male$Dxt,
MyData$Male$Lxt, AgeCrit = 30 : 90, as.character(MyData$Male$YearCom))
```

obtenir les résidus de la réponse, de Pearson et de la déviance par la fonction `ResFct()`,

```
> ValidationLevel1Method1$Residuals$Male <- ResFct(OutputMethod1$Male$QxtFitted,
MyData$Male$Dxt, MyData$Male$Lxt, AgeCrit = 30 : 90,
as.character(MyData$Male$YearCom), DevMale, OutputMethod1$Male$NameMethod)
```

et afficher le graphique des résidus par la fonction `PlotRes()`, similaire à la figure 9b en annexe C.

```
> PlotRes(ValidationLevel1Method1$Residuals$Male, AgeCrit = 30 : 90,
MyData$Param$Color, "2007", "Male")
```

Enfin, nous pouvons obtenir les décès ajustés et les intervalles de confiance ponctuels par la fonction `FittedDxtAndConfInt()`,

```
> ValidationLevel1Method1$DeathsIntConf$Male <- FittedDxtAndConfInt(
  OutputMethod1$Male$QxtFitted, MyData$Male$Lxt, AgeCrit = 30 : 90,
  MyData$Male$YearCom, ValCrit = 0.05, OutputMethod1$Male$NameMethod)
```

et afficher le graphiques des décès ajustés et observés avec les intervalles de confiance ponctuels par la fonction `PlotDIntConf()`, similaire à la figure 9a en annexe C.

```
> PlotDIntConf(ValidationLevel1Method1$DeathsIntConf$Male, MyData$Male,
  AgeCrit = 30 : 90, "2007" , MyData$Param$Color,"Male")
```

Si les critères du groupe 1 ne sont pas satisfaits, nous pouvons modifier la tranche d'âges utilisée pour les calcul du/des paramètre(s) du modèles et ré-exécuter la méthode et la validation `ValidationLevel1`. Si les critères de **proximité** ne sont toujours pas satisfaits, nous passons à la méthode suivante et il est inutile de poursuivre la validation et la fermeture. Si ces critères sont satisfaits, nous poursuivons la validation avec les critères de **régularité**.

## 5.2 Validation par les critères du groupe 2

Nous exécutons la fonction `ValidationLevel2()` pour effectuer la deuxième étape du processus de validation concernant la **régularité** de l'ajustement, voir la section 3 de la note de travail III291-14 v1.2. Nous spécifions la tranche d'âge utilisée pour la validation de la table par les critères du groupe 2 ainsi que la valeur critique utilisée par les tests. Nous considérons la validation des tables obtenues par la méthode 1. Nous sélectionnons la tranche d'âge  $[30 - 90]$  et nous fixons la valeur critique  $\alpha$  à 5%.

```
> ValidationLevel2Method1 <- ValidationLevel2(OutputMethod = OutputMethod1,
  MyData = MyData, AgeCrit = 30 : 90, ValCrit = 0.05, Excel = TRUE)
```

L'exécution de la fonction `ValidationLevel2()` affiche, dans la console R, le résultats du test des runs et des signes. Nous présentons, dans l'extrait suivant, ceux relatifs à la population masculine.

```
[1] "Validation: Level 2 - Criteria assessing the regularity of the fit ..."
[1] "Tests & quantities for Male population ..."
$`Runs test`
      Method1
Nber of runs "56"
Signs (-)    "97"
Signs (+)    "86"
Xi (abs)     "5.3817"
Threshold    "1.96"
Hyp          "H1"
p.val        "0"
$`Signs test`
      Method1
Signs (+)    "86"
Signs (-)    "97"
Xi           "0.7392"
Threshold    "1.96"
Hyp          "H0"
p.val        "0.4598"
```

L'hypothèse  $\mathcal{H}_0$  des tests des runs n'est pas vérifiée, par contre l'hypothèse que la médiane entre les signes positifs et négatifs des résidus de la réponse est validée.

En spécifiant `Excel = TRUE`, les résultats de la validation par la critère du groupe 2 sont enregistrés dans le fichier Excel `Validation.xlsx` situé dans le dossier `Results/Excel/`.

Nous pouvons extraire de l'objet `ValidationLevel2Method1` les tests et quantités du groupe 2,

```
> ValidationLevel2Method1$Male
```

Nous pouvons aussi obtenir les tests et quantités du groupe 2 avec la fonction `GetCritLevel2()`,

```
> GetCritLevel2(OutputMethod1$Male, MyData$Male, ValCrit = 0.05,
AgeCrit = 30 : 90)
```

et les enregistrer dans le fichier Excel `Validation.xlsx` situé dans le dossier `Results/Excel/` avec la fonction `ExportValidationL2inExcel()`.

```
> ExportValidationL2inExcel(ValidationLevel2Method1)
```

Si les critères ne sont pas satisfaits, nous passons à la méthode suivante et il est inutile de poursuivre la fermeture des tables et la troisième étape de la validation. Si les critères sont satisfaits, nous poursuivons avec la fermeture de la table.

### 5.3 Validation par les critères du groupe 3

Ayant fermé les tables, voir la section 6, on dispose des tables complétées jusqu'à 130 ans. Nous exécutons la fonction `ValidationLevel3()` pour effectuer la troisième étape du processus de validation concernant la **cohérence des tendances d'évolution** de la mortalité extrapolée, voir la section 4 de la note de travail [III1291-14 v1.2](#).

```
> ValidationLevel3Method1 <- ValidationLevel3(FinalMethod = FinalMethod1,
MyData = MyData, Excel = TRUE, Plot = TRUE)
```

L'exécution de la fonction `ValidationLevel3()` affiche, dans la console R, les indices résumant la distribution de la durée de vie pour des différentes cohortes. Nous présentons, dans l'extrait suivant, ceux relatifs à la population masculine.

```
[1] "Singles indices summarizing the lifetime probability distribution , Male
population ..."
[1] "Median age at death ..."
      Method1
Med[50_T_30]      NA
Med[50_T_40]      NA
Med[50_T_50]     40.43
Med[50_T_60]     29.29
Med[50_T_70]     19.11
Med[50_T_80]     10.56
[1] "Entropy ..."
      Method1
H[50_T_30]  0.0009
H[50_T_40]  0.0027
H[50_T_50]  0.0104
H[50_T_60]  0.0463
H[50_T_70]  0.2068
H[50_T_80]  0.9763
[1] "Cohort life expectancy for cohort in 2007 over 50 years ..."
      Method1
50_e_30 47.798369
50_e_40 44.321184
50_e_50 36.477484
```

50\_e\_60 26.324980  
50\_e\_70 17.101955  
50\_e\_80 9.491536

En spécifiant `Excel = TRUE`, les indices résumant la distribution de la durée de vie sont enregistrés dans le fichier Excel `Validation.xlsx` situé dans le dossier `Results/Excel/`. De plus, nous obtenons,

- les espérances de vie generationnelles partielles sur 5 ans,
- et les esperances de vie periodiques residuelles.

En complément des ces indices, la validation fait aussi intervenir des diagnostics graphiques. En spécifiant, `Plot = TRUE`, nous obtenons les graphiques permettant de juger de la cohérence des tables complétées, similaires à ceux présentés en annexe D, dans le dossier `Results/Graphics/Validation`. Il s'agit :

- des surfaces des espérances de vie generationnelles partielles sur 5 ans par sexe, voir figures 12a et 13a en annexe D,
- du rapport des espérances de vie generationnelles partielles sur 5 ans Femme / Homme (si nous disposons des deux populations), voir figure 11b en annexe D.
- du rapport des espérances de vie périodiques résiduelles observées et ajustées par sexe, voir figures 11c et 11d en annexe D.
- du rapport des probabilités de décès ajustées Femme / Homme (si nous disposons des deux populations), voir figure 11a en annexe D.
- des graphiques illustrant la cohérence des espérances de vie périodiques résiduelles ajustées pour les âges 55, 70 et 85 par sexe, voir figures 12b à 12d et 13b à 13d en annexe D.

A titre d'exemple, les graphiques permettant de juger de la cohérence des tendances de mortalité obtenues avec la méthode 1 après fermeture se trouvent en annexe D. La figure 11a présente le rapport entre les probabilités de décès ajustées féminines et masculines. La méthode 1 n'induit pas une mortalité féminine supérieure à celle masculine. De plus la ratio tend à se rapprocher de 1 avec l'année calendaire. La figure 11b compare le rapport des espérances de vie générationnelles partielles sur 5 ans entre les populations féminine et masculine. A 90 ans, le rapport tend aussi à se rapprocher de 1 avec l'année calendaire, signe que la mortalité masculine s'améliore plus rapidement que la mortalité féminine, ce qui nous semble cohérent. L'amélioration est plus rapide aux âges jeunes qu'aux âges élevés. Nous remarquons, figures 11c et 11d que les espérances de vie périodiques résiduelles issues des données brutes sont de manière générale supérieures à celles calculées à partir de la méthode 1 quelle que soit la population. Les espérances de vie périodiques résiduelles masculines sont d'avantage sur-estimées que celles féminines. L'écart entre les espérances de vie résiduelles observées et ajustées augmente avec l'âge. Les Figures 12 et 13 comparent les tendances d'évolution des espérances de vie périodiques résiduelles pour les âges 55, 70 et 85 pour les populations masculine et féminine respectivement. Nous nous apercevons que pour les âges 55 et 70, les espérances de vie périodiques résiduelles de la population masculine et féminine s'écartent des tendances d'évolutions de la mortalité calculées à partir des données brutes.

Nous pouvons extraire de l'objet `ValidationLevel3Method1` les indices résumant la distribution de la durée de vie,

```
> ValidationLevel3Method1$SingleIndices
```

les espérances de vie generationnelles partielles sur 5 ans,

```
> ValidationLevel3Method1$CohortLifeExp5
```

ainsi que espérances de vie périodiques résiduelles ajustées et observées.

```
> ValidationLevel3Method1$PerLifeExpFitted
> ValidationLevel3Method1$PerLifeExpObserved
```

La fonction `FctSingleIndices()` nous permet de calculer les indices résumant la distribution de la durée de vie,

```
> SingleIndicesMale <- FctSingleIndices(FinalMethod1$Male$QxtFinal,
as.numeric(rownames(FinalMethod1$Male$QxtFinal)), MyData$Male$AgeRef,
MyData$Male$YearCom, MyData$Male$YearRef, FinalMethod1$Male$NameMethod)
```

et les enregistrer dans le fichier Excel `Validation.xlsx` situé dans le dossier `Results/Excel/` avec la fonction `ExportSingleIndiciesinExcel()`.

```
> ExportSingleIndiciesinExcel(ValidationLevel3Method1$SingleIndices, MyData)
```

Nous pouvons calculer les espérances de vie generationnelles partielles sur 5 ans avec la fonction `FctCohortLifeExp5()`,

```
> CohortLifeExp5Male <- FctCohortLifeExp5(FinalMethod1$Male$QxtFinal,
as.numeric(rownames(FinalMethod1$Male$QxtFinal)), MyData$Male$YearCom,
MyData$Male$YearRef, FinalMethod1$Male$NameMethod)
```

et les enregistrer dans le fichier Excel `Validation.xlsx` situé dans le dossier `Results/Excel/` avec la fonction `ExportCohortLifeExp5inExcel()`.

```
> ExportCohortLifeExp5inExcel(ValidationLevel3Method1$CohortLifeExp5)
```

Nous pouvons aussi calculer les espérances de vie périodiques résiduelles ajustées et observées avec la fonction `FctPerLifeExp()`. Nous définissons la tranche d'âges sur laquelle les espérances de vie périodiques résiduelles sont calculées. Ici, jusqu'à 95 ans.

```
> AgeComp <- min(as.numeric(rownames(FinalMethod1$Male$QxtFinal))) :
pmin(max(MyData$Male$AgeRef), 95)
> YearObs <- range(colnames(MyData$Male$Deaths))
> PerLifeExpFittedMale <- FctPerLifeExp(FinalMethod1$Male$QxtFinal,
as.numeric(rownames(FinalMethod1$Male$QxtFinal)), max(AgeComp),
MyData$Male$YearCom, MyData$Male$YearRef, FinalMethod1$Male$NameMethod)
> QObservedMale <- as.matrix((MyData$Male$Deaths / MyData$Male$Indi)[AgeComp+1, ])
> PerLifeExpObservedMale <- FctPerLifeExp(QObservedMale,
as.numeric(rownames(FinalMethod1$Male$QxtFinal)), max(AgeComp), YearObs[1],
YearObs[2], FinalMethod1$Male$NameMethod)$PerLifeExp
```

Nous pouvons enregistrer, avec la fonction `ExportPeriodicLifeExpinExcel()`, les espérances de vie périodiques résiduelles ajustées dans le fichier Excel `Validation.xlsx` situé dans le dossier `Results/Excel/`.

```
> ExportPeriodicLifeExpInExcel(ValidationLevel3Method1$PerLifeExpFitted, AgeComp)
```

Nous pouvons afficher le graphique représentant le rapport des espérances de vie generationnelles partielles sur 5 ans Femme / Homme (si nous disposons des deux populations) avec la fonction `SurfacePlot()`, similaire à la figure 11b, annexe D.

```
> SurfacePlot(as.matrix(
  ValidationLevel3Method1$CohortLifeExp5$Female$CohortLifeExp5/
  ValidationLevel3Method1$CohortLifeExp5$Male$CohortLifeExp5),
  "Ratio of cohorts life exp. Female / Male", "Method1 - Ratio of cohorts life
  exp. over 5 years Female / Male", c(30, 130, min(MyData$Male$YearCom),
  max(MyData$Male$YearRef)), MyData$Param$Color)
```

ainsi que le graphique représentant le rapport des probabilités de décès ajustées Femme / Homme, similaire à la figure 11a, annexe D.

```
> SurfacePlot(as.matrix(FinalMethod1$Female$QxtFinal/FinalMethod1$Male$QxtFinal),
  "Ratio fitted prob. of death Female / Male", "Method1 Ratio fitted prob. of
  death Female / Male", c(30, 130, min(MyData$Male$YearCom) ,
  max(MyData$Male$YearRef)), MyData$Param$Color)
```

Enfin, nous pouvons afficher le graphique illustrant la cohérence des espérances de vie périodiques résiduelles ajustées avec celles observées pour un âge, ici 55, similaire à la figure 13a, annexe D.

```
> LimitY <- c(min(ValidationLevel3Method1$PerLifeExpComb$Male[55 - min(AgeComp)
+ 1, ]) - .5, max(ValidationLevel3Method1$PerLifeExpComb$Male[55 - min(AgeComp)
+ 1, ]) + .5)
> PlotPerExp(ValidationLevel3Method1$PerLifeExpComb$Male, 55,
  AgeComp ,MyData$Param$Color, min(YearObs) : max(MyData$Male$YearRef),
  LimitY, "Male", FinalMethod1$Male$NameMethod)
```

## 6 Fermeture des tables

La fermeture se fait en deux étapes. Il s'agit dans un premier temps de définir la tranche d'âge dans laquelle l'âge optimal de départ est déterminé pour le calcul des utiliser pour des coefficients  $c_t$ , cf. note de travail III291-11 v1.4 p.9, et dans un deuxième temps de valider la régularité de la fermeture visuellement. Il est rappelé que la partie complétée aux âges élevés est assez formelle et n'est pas validée.

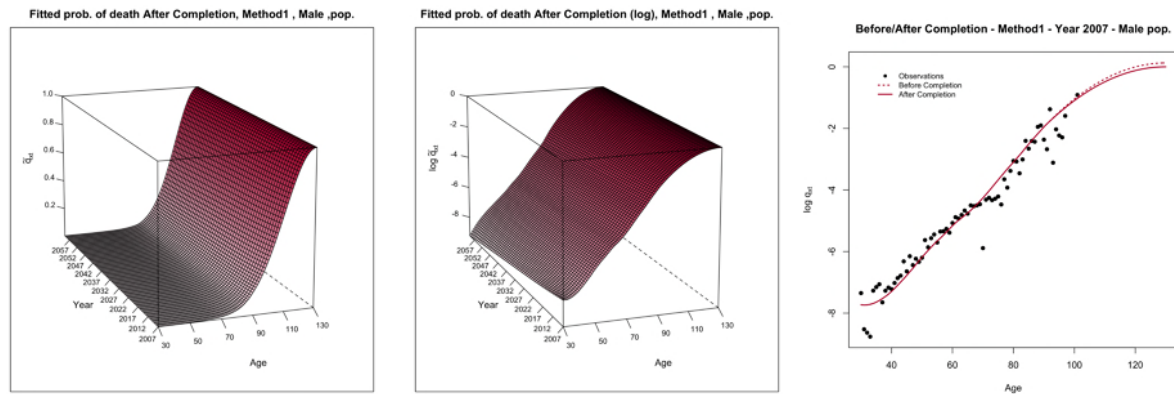
### 6.1 Première étape

En pratique l'âge optimal de départ est déterminé en maximisant le  $R^2$ . Cependant, dès lors que l'on calcul un coefficient  $c_t$  pour chaque année calendaire, le fait de choisir un âge optimal de départ différent pour chaque année résulte en une surface complétée aux âges élevés qui peut être extrêmement irrégulière. Afin de remédier à ce problème, nous spécifions un âge de départ commun à toutes les années calendaires dans l'/les argument(s) `AgeRangeOptMale` et/ou `AgeRangeOptFemale` de la fonction `CompletionA()`. En addition, il est nécessaire d'initialiser l'âge à partir duquel les probabilités de décès ajustées sont remplacées par les valeurs obtenues à partir du modèle de fermeture par l'/les argument(s) `BegAgeCompMale` et/ou `BegAgeCompFemale`.

```
CompletionMethod1 <- CompletionA(OutputMethod = OutputMethod1, MyData = MyData,
  AgeRangeOptMale = c(85, 85), AgeRangeOptFemale = c(85, 85), BegAgeCompMale = 90,
  BegAgeCompFemale = 90, ShowPlot = TRUE)
```

## 6.2 Deuxième étape

En spécifiant l'argument `ShowPlot = TRUE`, l'exécution de la fonction `CompletionA()` génère les surfaces complétées pour les populations masculine et féminine, ainsi que les graphiques comparant l'avant-après fermeture par année calendaire. A titre d'exemple, les graphiques produits suite à l'exécution `CompletionA()` pour la méthode 1 et pour la population masculine sont présentés figure 4. On vérifie si la surface extrapolée aux âges élevés ne présente pas de cassures avec l'ajustement initial.



(a) Surface des probabilités de décès complétées. (b) Surface des probabilités de décès complétées (log). (c) Avant-après fermeture pour l'année 2007

FIGURE 4: Probabilités de décès complétées aux âges élevés, population masculine.

Nous remarquons que la jonction entre les probabilités de décès ajustées et les valeurs obtenues par le modèle de fermeture est relativement lisse. il n'y a pas de cassures visibles dans la tendance de mortalité aux âges élevés. Si la fermeture n'est pas satisfaisante, on modifie les valeurs `AgeRangeOptMale`, `AgeRangeOptFemale`, `BegAgeCompMale` et `BegAgeCompFemale`, voir la section précédente 6.1. Si la fermeture est satisfaisante on exécute la fonction `CompletionB()`.

```
FinalMethod1 <- CompletionB(ModCompletion = CompletionMethod1,
OutputMethod = OutputMethod1, MyData = MyData, Excel = TRUE, Plot = TRUE)
```

En spécifiant `Excel = TRUE`, les tables finales, extrapolées et complétées, sont enregistrés dans le fichier Excel `FinalTables.xlsx` situé dans le dossier `Results/Excel/`.

En spécifiant `Plot = TRUE`, nous obtenons, dans le dossier `Results/Graphics/Completion`, les graphiques suivant,

- les graphiques comparant le logarithme des probabilités de décès avant-après fermeture pour chaque année calendaire commune avec la référence par sexe,
- les graphiques comparant le logarithme des probabilités de décès avant-après fermeture des populations masculine et féminine pour chaque année calendaire commune avec la référence (si nous disposons des deux populations),
- le graphique des valeurs du  $R^2$  correspondant aux modèles de régression ajustés ainsi que les paramètres de régression  $c_t$  estimés.

De plus, nous obtenons les surfaces de mortalité finales dans le dossier `Results/Graphics/FinalTables`,

- les surfaces des probabilités de décès extrapolées et complétées par sexe,
- le logarithme des surfaces des probabilités de décès extrapolées et complétées par sexe.

Les graphiques du  $R^2$  correspondant aux modèles de régression ajustés et des paramètres de régression  $c_t$  estimés ainsi que les graphiques comparant le logarithme des probabilités de décès avant-après fermeture des populations masculine et féminine pour l'année 2007 sont présentés en annexe figure ?? pour la population masculine et féminine. Le modèle capture plus de 99.9 % de la variance des probabilités de décès aux âges élevés, cf. figure 14a annexe E panel haut, pour les deux populations. Le paramètre de régression  $\hat{c}_t$  décroît de façon relativement linéaire avec l'année calendaire, cf. figure 14b annexe E panel bas. Nous constatons que la mortalité aux grands âges décroît et la vitesse d'amélioration est relativement identique pour les deux populations.

Nous conservons les  $\tilde{q}_x(t)$  originaux pour les âges inférieurs à 90 ans pour la population masculine et féminine, et nous remplaçons les probabilités annuelles de décès au-delà de 90 ans par les valeurs ajustées provenant du modèle de fermeture. Les résultats pour l'année calendaire 2007, sont exposés figure 14 annexe E pour la population masculine et féminine.

Nous pouvons extraire de l'objet `CompletionMethod1` les paramètres de régression du modèle de fermeture,

```
> CompletionMethod1$Male$CompletionValues
```

ainsi que les probabilités de décès complétées de l'objet `FinalMethod1`.

```
> FinalMethod1$Male$QxtFinal
```

Nous pouvons aussi appliquer le modèle de fermeture avec la fonction `CompletionDG2005()`.

```
> ModCompletionMale <- CompletionDG2005(OutputMethod1$Male$QxtFitted,
as.numeric(rownames(OutputMethod1$Male$QxtFitted)), min(MyData$Male$YearCom) :
max(MyData$Male$YearRef), c(85, 85), c(90,130), OutputMethod1$Male$NameMethod)
```

Nous pouvons afficher, avec la fonction `PlotParamCompletion()`, le graphique du  $R^2$  des modèles de régression ajustés et des paramètres de régression  $c_t$  estimés, similaire à la figure 14a, annexe E,

```
> PlotParamCompletion(CompletionMethod1, MyData$Param$Color)
```

le graphique comparant le logarithme des probabilités de décès avant-après fermeture par année calendaire commune avec la référence et par sexe, similaire à la figure 4c, avec la fonction `BeforeAfterCompletion()`,

```
> BeforeAfterCompletion(ModCompletionMale, OutputMethod1$Male, MyData$Male,
as.numeric(rownames(OutputMethod1$Male$QxtFitted)), "Male", MyData$Param$Color,
"2007")
```

ainsi que le graphique comparant le logarithme des probabilités de décès avant-après fermeture des populations masculine et féminine pour chaque année calendaire commune avec la référence, similaire à la figure 14b, annexe E, avec la fonction `FitPopsAfterCompletionLog()`.

```
> FitPopsAfterCompletionLog(CompletionMethod1, MyData,
as.numeric(rownames(CompletionMethod1$Male$QxtFitted)), MyData$Param$Color, "2007")
```

Enfin, nous pouvons afficher les surfaces des probabilités de décès extrapolées et complétées par sexe avec la fonction `SurfacePlot()`.

```
> SurfacePlot(as.matrix(log(FinalMethod1$Male$QxtFinal)),expression(paste("log ",
widetilde{q}[xt])), "Fitted prob. of death After Completion (log), Method1,
Male pop.", c(30, 130, min(MyData$Male$YearCom),
max(MyData$Male$YearRef)), MyData$Param$Color)
```



## 7 Comparaison des méthodes

Il nous faut enregistrer préalablement entre les objets résultants de l'exécution des méthodes et des trois groupes dans une liste. A titre d'illustration, Ici, nous comparons les quatre méthodes.

```
> ListOutputs <- list(OutputMethod1, OutputMethod2, OutputMethod3, OutputMethod4)
> ListValidationLevel1 <- list(ValidationLevel1Method1, ValidationLevel1Method2,
ValidationLevel1Method3, ValidationLevel1Method4)
> ListValidationLevel2 <- list(ValidationLevel2Method1, ValidationLevel2Method2,
ValidationLevel2Method3, ValidationLevel2Method4)
> ListValidationLevel3 <- list(ValidationLevel3Method1, ValidationLevel3Method2,
ValidationLevel3Method3, ValidationLevel3Method4)
```

Nous pouvons comparer deux ou plusieurs méthodes selon les trois groupes de critères du processus de validation, avec la fonction `ComparisonMethods()`.

```
> ComparisonsMethodsLevels123 <- ComparisonMethods(ListOutputs,
ListValidationLevel1, ListValidationLevel2, ListValidationLevel3,
MyData = MyData, Plot = TRUE)
```

L'exécution de la fonction affiche, dans la console R, les résultats des trois groupes de critères du processus de validation pour les méthodes enregistrer dans la liste. Nous présentons dans l'extrait suivant les résultats relatif à la population masculine.

```
[1] "Comparisons of the output produced by the 3 levels of validation"
[1] "Comparison 1st Level of validation"
$Male
$Male$`Likelihood ratio test`
      Method1 Method2 Method3 Method4
Xi      "258.92" "186.38" "196.85" "178.48"
Threshold "215.56" "215.56" "215.56" "215.56"
Hyp      "H1"    "H0"    "H0"    "H0"
p.val    "2e-04"  "0.4167" "0.2293" "0.5805"
$Male$`SMR test`
      Method1 Method2 Method3 Method4
SMR    "0.969"  "0.9738" "0.9332" "0.9325"
Xi      "2.2712" "1.9104" "5.0296" "5.0821"
Threshold "1.6449" "1.6449" "1.6449" "1.6449"
Hyp      "H1"    "H1"    "H1"    "H1"
p.val    "0.0116" "0.028"  "0"      "0"
$Male$`Wilcoxon Matched-Pairs Signed-Ranks test`
      Method1 Method2 Method3 Method4
W      "10600"  "9089"   "10659" "10060"
Xi      "3.0401" "0.9344" "3.1224" "2.2876"
Threshold "1.96"    "1.96"   "1.96"   "1.96"
Hyp      "H1"    "H0"    "H1"    "H1"
p.val    "0.0024" "0.3501" "0.0018" "0.0222"
$Male$`Standardized residuals`
      Method1 Method2 Method3 Method4
Std. Res. > 2      20      10      12      11
Std. Res. > 3       4       4       3       3
$Male$Quantities
      Method1 Method2 Method3 Method4
Chi2    434.2900 300.0400 307.3200 280.8800
R2       0.8145  0.8318  0.8467  0.8882
MAPE     40.6600 36.0900 37.1200 33.0900
Deviance 517.8500 372.7600 393.7000 356.9700
[1] "Comparison 2nd Level of validation"
```

```

$Male
$Male$`Runs test`
      Method1 Method2 Method3 Method4
Nber of runs "56"    "78"    "75"    "83"
Signs (-)    "97"    "102"   "113"   "105"
Signs (+)    "86"    "81"    "70"    "78"
Xi (abs)     "5.3817" "1.9975" "1.9539" "1.138"
Threshold    "1.96"   "1.96"   "1.96"   "1.96"
Hyp          "H1"    "H1"    "H0"    "H0"
p.val        "0"     "0.0458" "0.0507" "0.2551"
$Male$`Signs test`
      Method1 Method2 Method3 Method4
Signs (+)    "86"    "81"    "70"    "78"
Signs (-)    "97"    "102"   "113"   "105"
Xi           "0.7392" "1.4784" "3.1047" "1.922"
Threshold    "1.96"   "1.96"   "1.96"   "1.96"
Hyp          "H0"    "H0"    "H1"    "H0"
p.val        "0.4598" "0.1393" "0.0019" "0.0546"
[1] "Comparison 3rd Level of validation"
$Male
$Male$MedianAge
      Method1 Method2 Method3 Method4
Med[50_T_30] NA      NA      NA      NA
Med[50_T_40] NA      NA      NA      NA
Med[50_T_50] 40.43 42.79 41.37 42.46
Med[50_T_60] 29.29 31.88 30.71 31.48
Med[50_T_70] 19.11 21.92 21.01 21.40
Med[50_T_80] 10.56 13.33 12.77 12.34
$Male$Entropy
      Method1 Method2 Method3 Method4
H[50_T_30] 0.0009 0.0011 0.0012 0.0010
H[50_T_40] 0.0027 0.0026 0.0030 0.0025
H[50_T_50] 0.0104 0.0081 0.0094 0.0084
H[50_T_60] 0.0463 0.0323 0.0367 0.0362
H[50_T_70] 0.2068 0.1419 0.1572 0.1607
H[50_T_80] 0.9763 0.6625 0.7155 0.7674
$Male$CohortLifeExp
      Method1 Method2 Method3 Method4
50_e_30 47.798369 47.43280 47.18415 47.61127
50_e_40 44.321184 44.39764 43.79194 44.63507
50_e_50 36.477484 37.86867 36.89875 37.69653
50_e_60 26.324980 28.44712 27.53516 27.98961
50_e_70 17.101955 19.49741 18.79486 19.02450
50_e_80 9.491536 11.86438 11.40511 11.06107

```

En spécifiant `Plot = TRUE`, nous obtenons, dans le dossier `Results/Graphics/Comparison`, les graphiques suivant,

- Comparaison de la probabilité conditionnelle de décès ajustée  $\hat{q}_x(t)$  avec la mortalité observée pour chaque année calendaire commune entre le portefeuille et la référence, par sexe, sur la plage d'âges `AgeCrit` pour les méthodes enregistrées dans la liste, voir figures 16a et 16b en annexe F.
- Comparaison du logarithme de la probabilité conditionnelle de décès ajustée  $\log \hat{q}_x(t)$  avec la mortalité observée pour chaque année calendaire commune entre le portefeuille et la référence, par sexe, sur la plage d'âges `AgeCrit` pour les méthodes enregistrées dans la liste, voir figures 16c et 16d en annexe F.
- Les résidus de la réponse, les résidus de Pearson et les résidus de la déviance pour chaque année calendaire commune entre le portefeuille et la référence, par sexe, sur la plage d'âges `AgeCrit` pour

les méthodes enregistrées dans la liste, voir figures 19a et 19b en annexe F.

- Les décès ajustés  $\widehat{D}_{x,t}$  et observés ainsi que les intervalles de confiances ponctuels à  $(1 - \alpha)\%$  (ValCrit) pour chaque année calendaire commune entre le portefeuille et la référence, par sexe, sur la plage d'âges AgeCrit pour les méthodes enregistrées dans la liste, voir figures 17a et 17b en annexe F.
- des graphiques illustrant la cohérence des espérances de vie périodiques résiduelles ajustées pour les âges 55, 70 et 85 par sexe pour les méthodes enregistrées dans la liste, voir figure 18 en annexe F.

Nous pouvons extraire les résultats des tests et quantités des trois groupes de critères de l'objet `ComparisonsMethodsLevels123`,

```
> ComparisonsMethodsLevels123$"Level 1"$Male  
> ComparisonsMethodsLevels123$"Level 2"$Male  
> ComparisonsMethodsLevels123$"Level 3"$Male
```

où exécuter séparément les fonctions `CompLevel1()`, `CompLevel2()` et `CompLevel3()` qui extrait les résultats des trois groupes respectivement.

```
> CompLevel1(ListValidationLevel1)  
> CompLevel2(ListValidationLevel2)  
> CompLevel3(ListValidationLevel3)
```

La fonction `ComparisonFitsMethods()` permet d'afficher le graphique comparant la probabilité conditionnelle de décès ajustée avec la mortalité observée pour une année calendaire commune entre le portefeuille et la référence, similaire à la figure 16a, annexe F.

```
> ColorComp <- c("#FF6590", "#309BFF", "#AD79FC", "#3CAB5F"); LtyComp <- rep(1,4)  
> ComparisonFitsMethods(ListOutputs, 2007, MyData$Male, AgeCrit = 30 : 90,  
"Male", ColorComp, LtyComp)
```

La fonction `ComparisonFitsMethodsLog()` permet d'afficher le graphique comparant le logarithme de la probabilité conditionnelle de décès ajustée avec la mortalité observée pour une année calendaire commune entre le portefeuille et la référence, similaire à la figure 16c, annexe F.

```
> ComparisonFitsMethodsLog(ListOutputs, 2007, MyData$Male, AgeCrit = 30 : 90,  
"Male", ColorComp, LtyComp)
```

La fonction `ComparisonResidualsMethods()` permet d'afficher le graphique comparant les résidus de la réponse, les résidus de Pearson et les résidus de la déviance pour une année calendaire commune entre le portefeuille et la référence, similaire à la figure 17a, annexe F.

```
> ComparisonResidualsMethods(ListOutputs, 2007, AgeCrit = 30 : 90, "Male",  
ColorComp)
```

La fonction `ComparisonResidualsMethods()` permet de comparer les décès ajustés  $\widehat{D}_{x,t}$  et observés ainsi que les intervalles de confiances ponctuels pour une année calendaire commune entre le portefeuille et la référence, similaire à la figure 19a, annexe F.

```
> ComparisonFittedDeathsMethods(ListValidationLevel1, 2007, MyData$Male,  
AgeCrit = 30 : 90, "Male", ColorComp, LtyComp)
```

Enfin, la fonction `ComparisonResidualsMethods()` permet de comparer les tendances d'évolution des espérances de vie périodiques résiduelles ajustées pour un âge, ici à 55 ans, similaire à la figure 18a, annexe F.

```
> ComparisonTrendsMethods(ListValidationLevel3, 55, "Male", ColorComp, LtyComp)
```

## 8 Risque systématique d'estimation des paramètres

Le package ELT permet de réaliser une analyse du risque systématique d'estimation des paramètres de chaque méthode, cf. section 5.2 de la note III1291-14 v1.2.

Nous exécutons la fonction `Dispersion()` pour obtenir les intervalles de confiances ponctuels afin d'encadrer les espérances de vie périodiques résiduelles et mesurer la dispersion relative associée à chaque méthode et spécifions l'argument correspondant au nombre de simulations,

```
> DispersionMethod1 <- Dispersion(FinalMethod = FinalMethod1, MyData = MyData,  
Plot = TRUE, NbSim = 10)
```

En spécifiant `Plot = TRUE`, nous obtenons, dans le dossier `Results/Graphics/Dispersion`, les graphiques suivant,

- Les ajustements issus des décès simulés pour chaque année calendaire commune entre le portefeuille et la référence, par sexe, voir figure 20a en annexe G.
- Les coefficients de variation des taux de décès simulés par sexe, voir figures 20b et 20c en annexe G.
- La dispersion relative des espérances de vie périodiques simulées par sexe, voir figures 21 et 22 en annexe G.
- Les quantiles des espérances de vie périodiques simulées par sexe, voir figures 23 et 24 en annexe G.

La fonction `SimDxt()` permet de simulés les décès,

```
> DxtSimMale <- SimDxt(FinalMethod1$Male$QxtFinal, MyData$Male$Lxt,  
AgeRange = 30 : 90, MyData$Male$AgeRef, MyData$Male$YearCom, NbSim = 10)
```

les probabilités de décès simulées sont ajustées avec la fonction `GetFitSim()`,

```
> QxtFinalSimMale <- GetFitSim(DxtSimMale, MyData$Male, AgeRange = 30 : 90,  
"Male", "Method1", NbSim = 10, AgeRangeOpt=c(85, 85), BegAgeComp=c(90,130))
```

et nous pouvons afficher le graphique des probabilités de décès simulées ajustées avec la fonction `SimPlot()`, similaire à la figure 20a en annexe G.

```
> QxtFinalSim <- list(QxtFinalSimFemale, QxtFinalSimMale)  
> SimPlot(FinalMethod1, QxtFinalSim, MyData,  
min(as.numeric(rownames(OutputMethod1$Male$QxtFitted))):90,  
2007, "Fit of the simulated data", NbSim = 10, MyData$Param$Color)
```

Nous pouvons calculer le coefficient de variation des probabilités de décès simulées ajustées par la fonction `GetCV()`

```
> CvMale <- GetCV(QxtFinalSimMale,  
as.numeric(rownames(OutputMethod1$Male$QxtFitted))),  
MyData$Male$YearCom, MyData$Male$YearRef, NbSim = 10)
```

et afficher le graphique des coefficients de variation avec la fonction `SurfacePlot()`, similaire à la figure 20b, annexe G.

```
> SurfacePlot(as.matrix(CvMale), expression(cv[xt]), "Coefficient of variation  
Method1, Male pop.", c(min(as.numeric(rownames(FinalMethod1$Male$QxtFitted))),  
130, min(MyData$Male$YearCom), max(MyData$Male$YearRef)), MyData$Param$Color)
```

Nous obtenons les espérances de vie simulées avec la fonction `GetSimExp()`.

```
> LifeExpSimMale <- GetSimExp(QxtFinalSimMale,  
as.numeric(rownames(FinalMethod1$Male$QxtFitted)),  
MyData$Male$YearCom, MyData$Male$YearRef, NbSim = 10)
```

Nous pouvons calculer les quantiles des espérances de vie simulées avec la fonction `GetQtiles()`,

```
> QtileMale <- GetQtiles(LifeExpSimMale,  
min(as.numeric(rownames(FinalMethod1$Male$QxtFitted))):130,  
MyData$Male$YearCom, MyData$Male$YearRef, c(2.5, 50, 97.5))
```

et de les afficher avec la fonction `PlotExpQtile`, similaire à la figure 23, annexe G.

```
> PlotExpQtile(QtileMale, min(MyData$Male$YearCom):max(MyData$Male$YearRef),  
(ceiling(min(as.numeric(rownames(FinalMethod1$Male$QxtFitted)))/10)*10):100,  
"Quantiles of the simulated periodic life expectancies Method1, Male pop.",  
MyData$Param$Color)
```

Enfin, nous pouvons calculer la dispersion relative des espérances de vie simulées avec la fonction `GetRelDisp()`,

```
> RelDispMale <- GetRelDisp(LifeExpSimMale,  
min(as.numeric(rownames(FinalMethod1$Male$QxtFitted))):130,  
MyData$Male$YearCom, MyData$Male$YearRef, c(5, 50, 95))
```

et de les afficher avec la fonction `PlotRelDisp`, similaire à la figure 21, annexe G.

```
> PlotRelDisp(RelDispMale, min(MyData$Male$YearCom):max(MyData$Male$YearRef),  
(ceiling(min(as.numeric(rownames(FinalMethod1$Male$QxtFitted)))/10)*10):100,  
"Relative dispersion, Method1, Male pop.", MyData$Param$Color)
```

## Références

- Denuit, M. and Goderniaux, A. C. (2005). Closing and projecting life tables using log-linear models. *Bulletin of the Swiss Association of Actuaries*, (1), 29–48.
- R Development Core Team (2013). *R : A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <http://www.R-project.org>.
- Tomas, J. and Planchet, F. (2013a). Constructing entity specific projected mortality table : adjustment to a reference. *Cahiers de recherche de l'ISFA*, **2013**(13), 1–32.
- Tomas, J. and Planchet, F. (2013b). Construction et validation des références de mortalité de place. Note de travail II1291-11 v1.4, Institut des Actuaire.
- Tomas, J. and Planchet, F. (2013c). Critères de validation : aspects méthodologiques. Note de travail II1291-14 v1.2, Institut des Actuaire.
- Tomas, J. and Planchet, F. (2013d). Méthodes de positionnement : aspects méthodologiques. Note de travail II1291-12v1.5, Institut des Actuaire.
- Tomas, J. and Planchet, F. (2014). Prospective mortality table and portfolio experience. In A. Charpentier, editor, *Computational Actuarial Science, with R*, The R Series, chapter 9. Chapman and Hall.

## A Graphiques des statistiques observées

Ces graphiques sont disponibles dans le dossier Results/Graphics/Data.

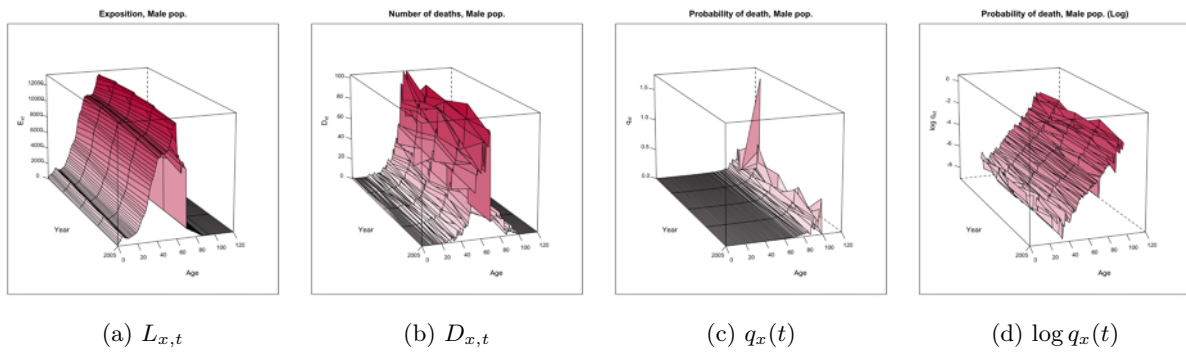


FIGURE 5: Statistiques observées pour la population masculine.

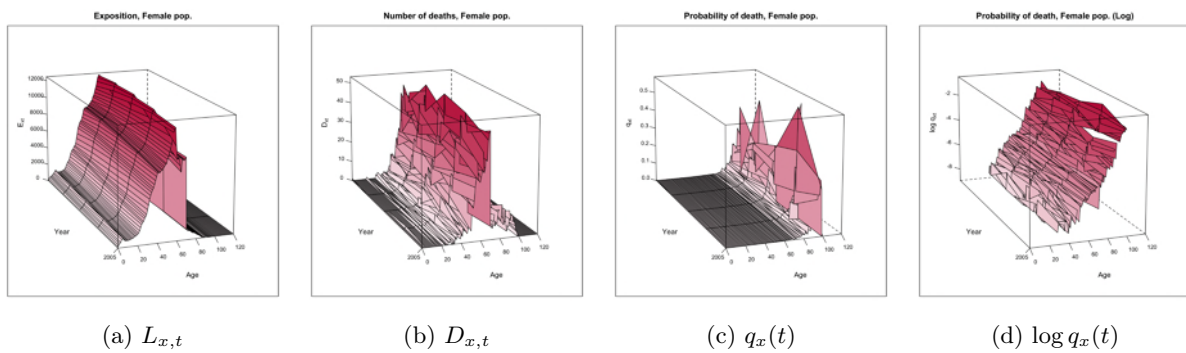


FIGURE 6: Statistiques observées pour la population féminine.

## B Graphiques suite à l'exécution des méthodes

Ces graphiques sont dans le dossier Results/Graphics/Completion.

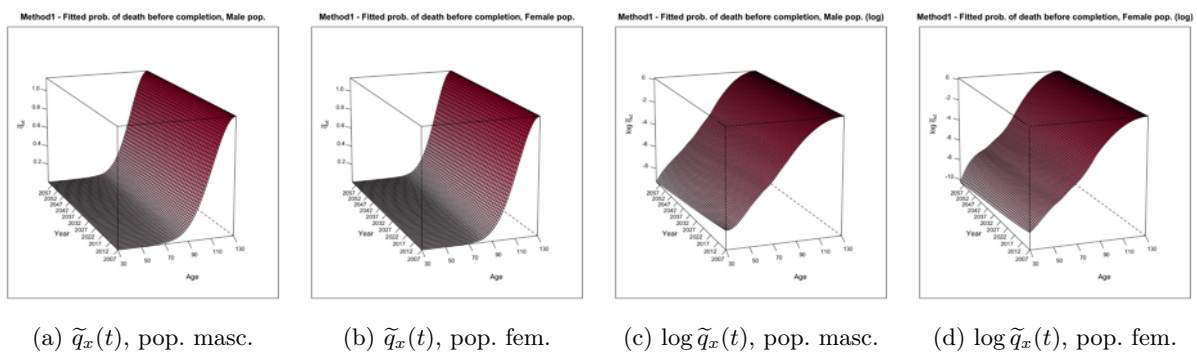
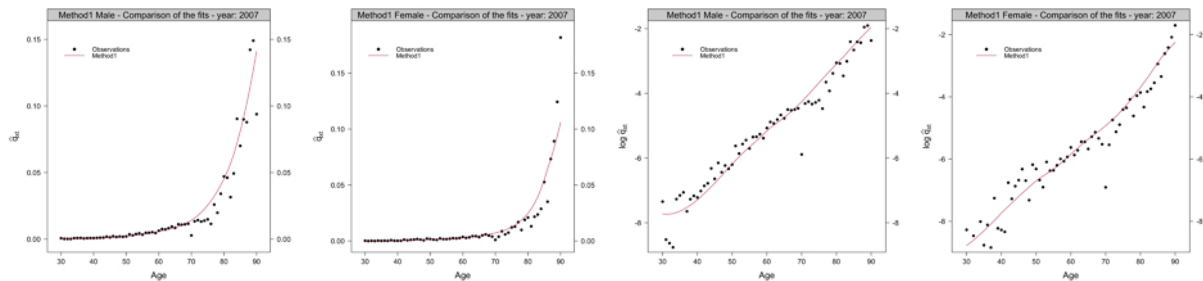


FIGURE 7: Graphiques suite à l'exécution de la méthode 1.

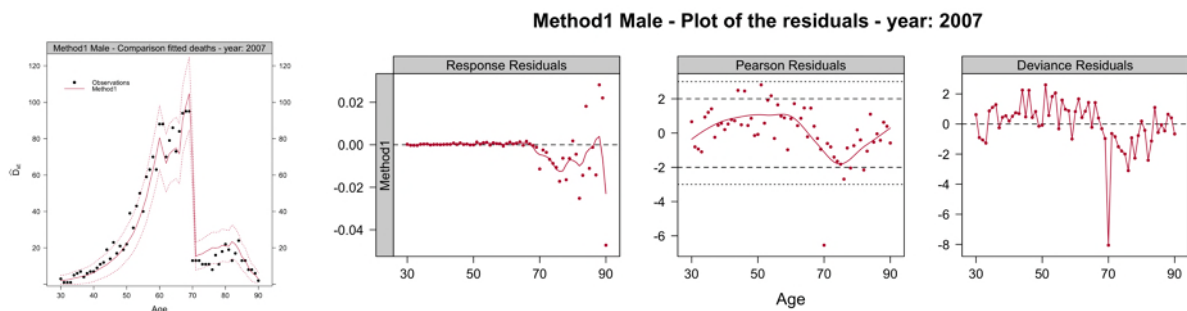
## C Graphiques suite à la validation par les critères du groupe 1

Ces graphiques sont disponibles dans le dossier Results/Graphics/Validation.



(a)  $\hat{q}_x(t)$ , pop. masc.      (b)  $\hat{q}_x(t)$ , pop. fem.      (c)  $\log \hat{q}_x(t)$ , pop. masc.      (d)  $\log \hat{q}_x(t)$ , pop. fem.

FIGURE 8: Comparaison de la mortalité observée et ajustée par la méthode 1 pour l'année 2007.



(a) Int. conf. décès      (b) Résidus

FIGURE 9: Intervalles de confiance sur les décès et résidus pour la méthode 1 pour l'année 2007, population masculine.

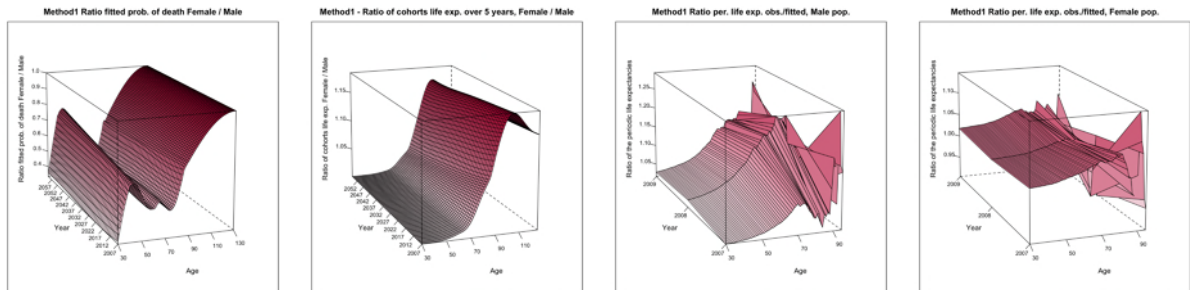


(a) Int. conf. décès      (b) Résidus

FIGURE 10: Intervalles de confiance sur les décès et résidus pour la méthode 1 pour l'année 2007, population féminine.

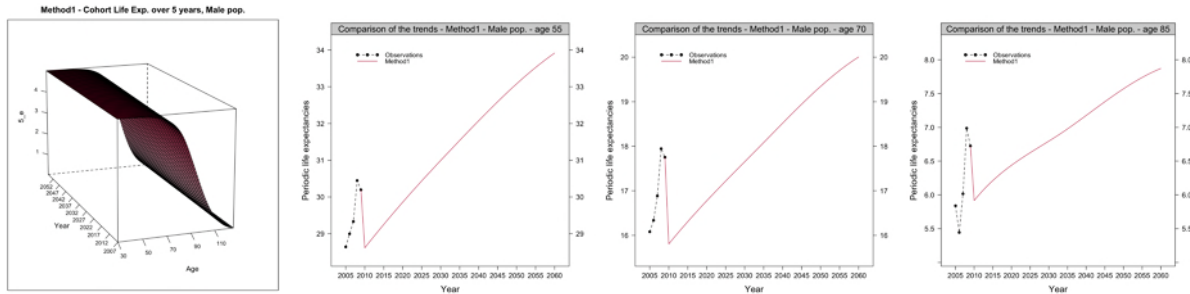
## D Graphiques suite à la validation par les critères du groupe 3

Ces graphiques sont disponibles dans le dossier Results/Graphics/Validation.



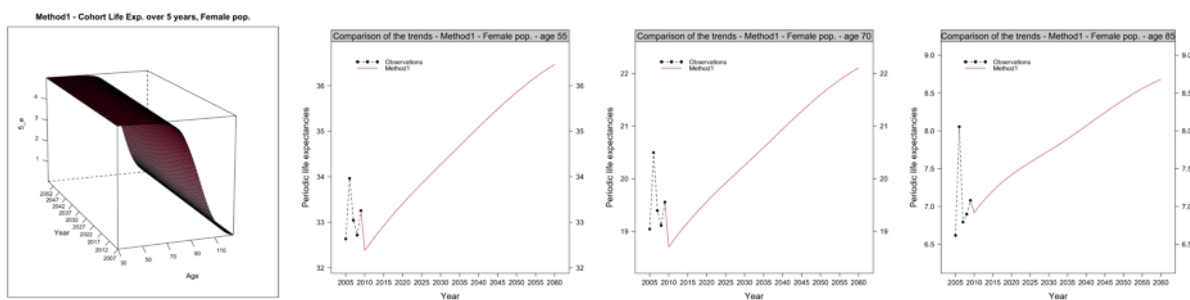
(a) Rapport prob. décès Femme / Homme. (b) Rapport esp. gen. part. Femme / Homme. (c) Rap. esp. obs/aj, pop. masculine. (d) Rap. esp. obs/aj, pop. féminine.

FIGURE 11: Cohérence des tendances de mortalité suite à la méthode 1.



(a) Esp. gen. sur 5 ans. (b) Esp. per. 55 ans. (c) Esp. per. 70 ans. (d) Esp. per. 85 ans.

FIGURE 12: Cohérence des tendances de mortalité suite à la méthode 1, pop. masculine.



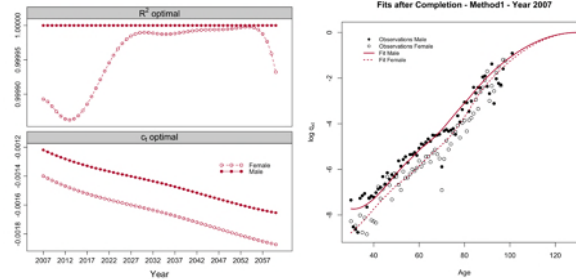
(a) Esp. gen. sur 5 ans. (b) Esp. per. 55 ans. (c) Esp. per. 70 ans. (d) Esp. per. 85 ans.

FIGURE 13: Cohérence des tendances de mortalité suite à la méthode 1, pop. féminine.



## E Graphiques suite à la fermeture des tables

Ces graphiques sont disponibles dans le dossier Results/Graphics/Completion.

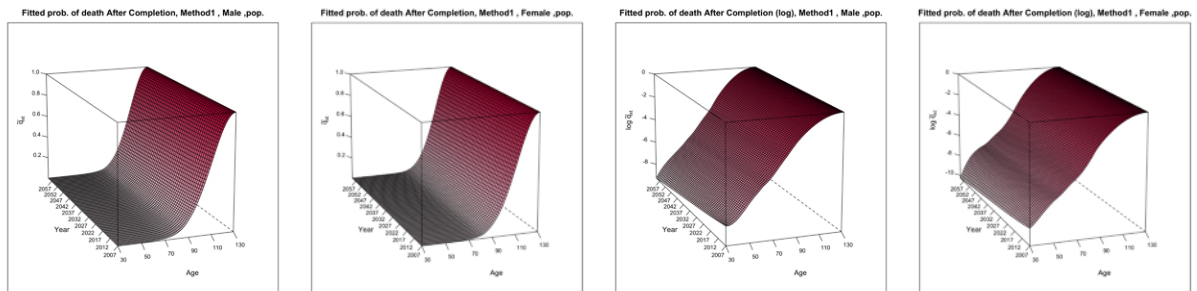


(a) Paramètres de régression **Denuit and Goderniaux (2005)**.

(b) Comparaison des ajustements avant / après fermeture.

FIGURE 14: Paramètres de régression **Denuit and Goderniaux (2005)** et ajustement obtenu pour l'année 2007 pour la méthode 1.

Ces graphiques sont disponibles dans le dossier Results/Graphics/FinalTables.



(a)  $\tilde{q}_x(t)$ , pop. masc.

(b)  $\tilde{q}_x(t)$ , pop. fem.

(c)  $\log \tilde{q}_x(t)$ , pop. masc.

(d)  $\log \tilde{q}_x(t)$ , pop. fem.

FIGURE 15: Tables de mortalité finales suite à la méthode 1.

## F Graphiques suite à la comparaison des méthodes

Ces graphiques sont disponibles dans le dossier Results/Graphics/Comparison.

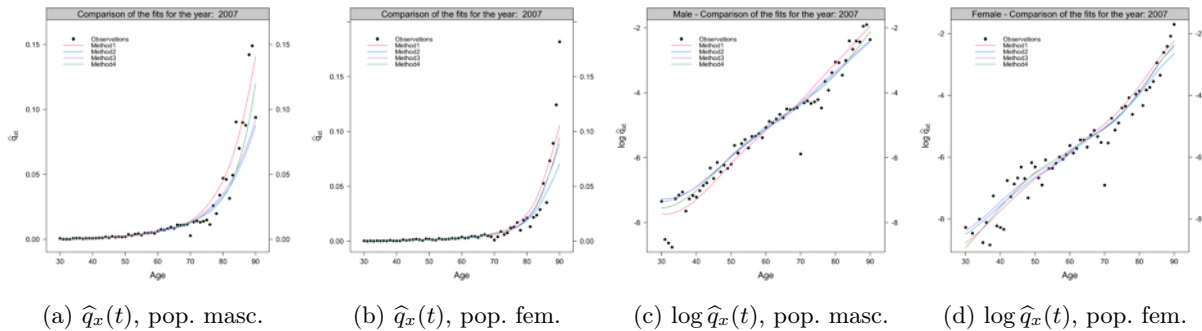


FIGURE 16: Comparaison de la mortalité observée et ajustée par les quatre méthodes pour l'année 2007.

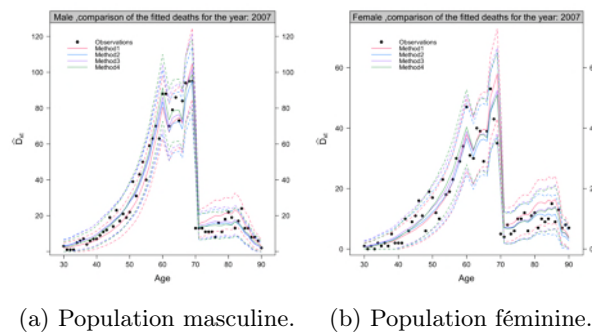


FIGURE 17: Intervalles de confiance sur les décès des quatre méthodes pour l'année 2007.

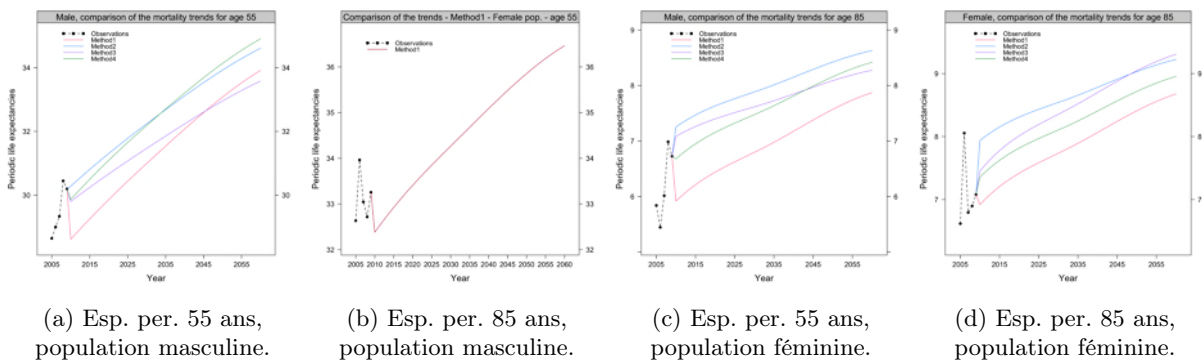
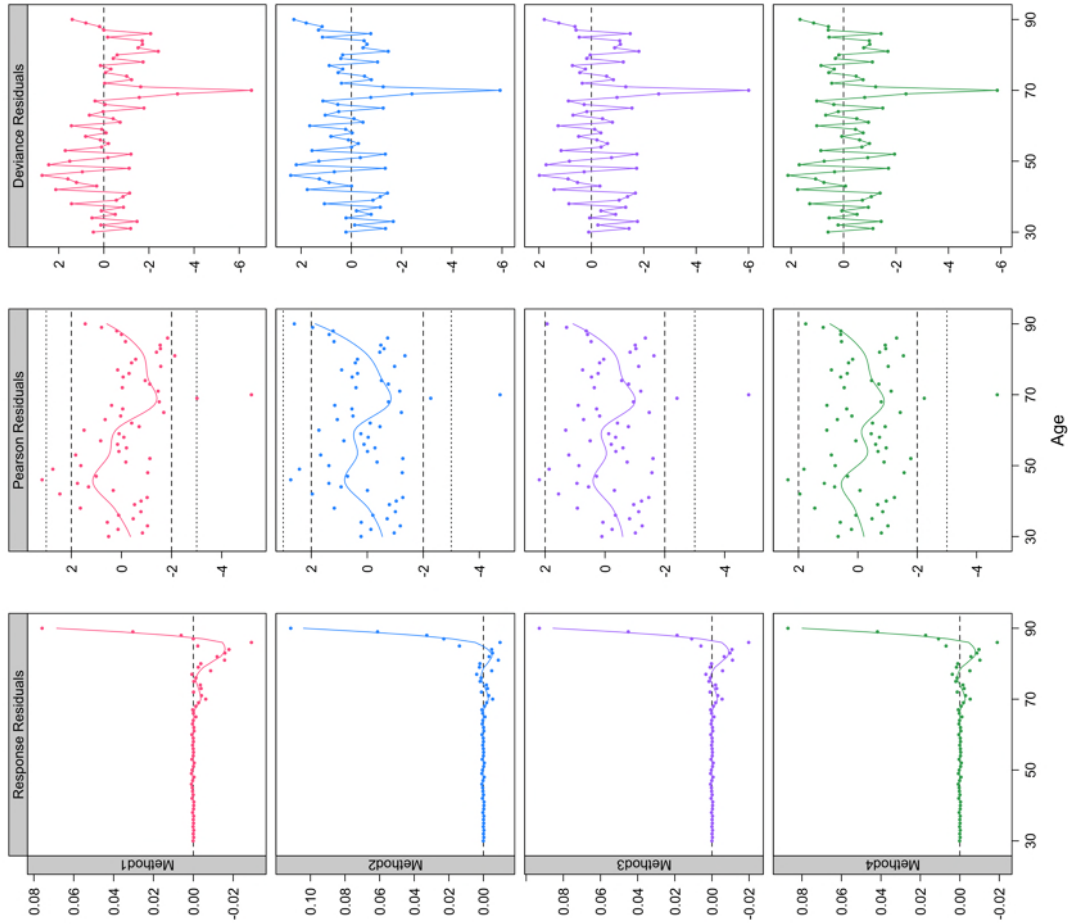


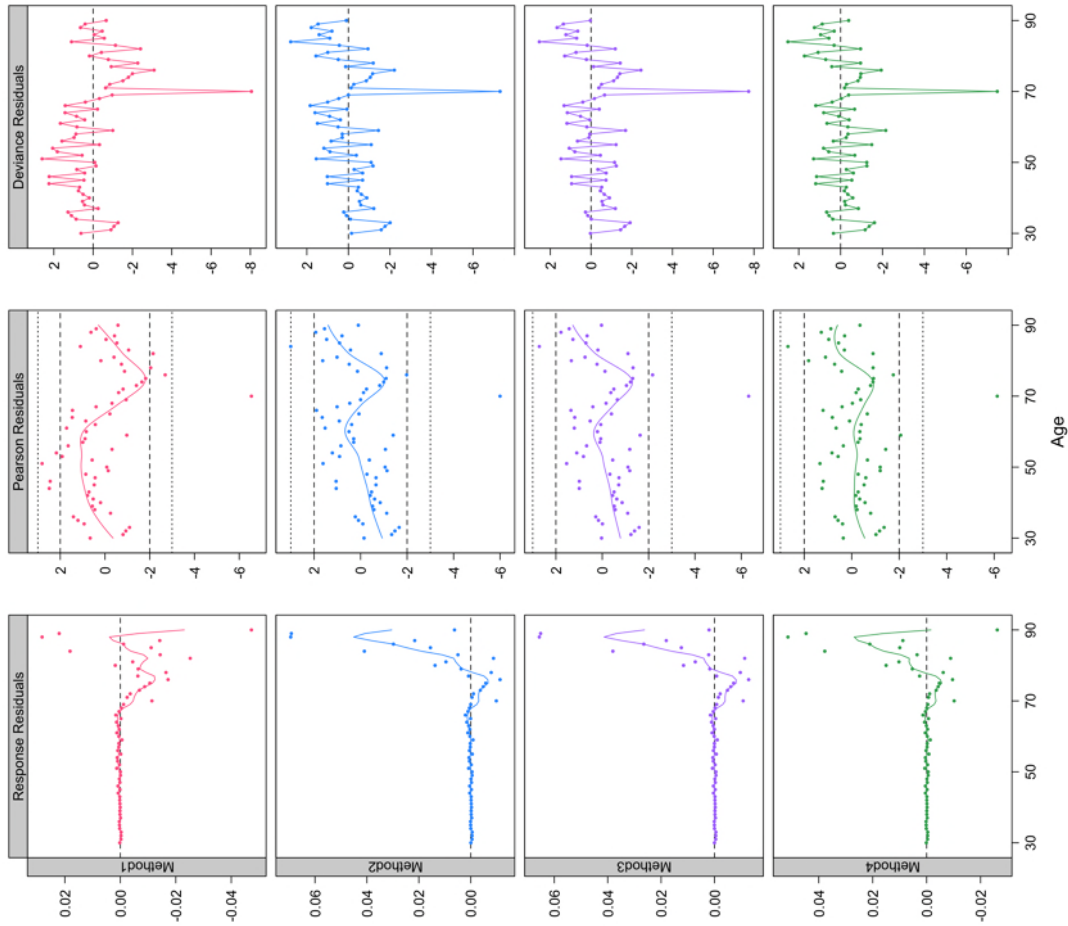
FIGURE 18: Cohérence des tendances de mortalité des quatre méthodes.

Female - Plot of the residuals - year: 2007



(b) Population féminine.

Male - Plot of the residuals - year: 2007

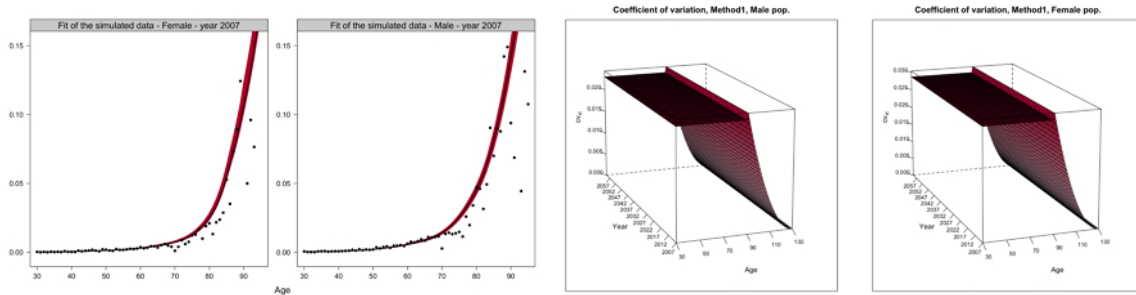


(a) Population masculine.

FIGURE 19: Résidus des quatre méthodes pour l'année 2007.

## G Graphiques de l'analyse optionnelle du degré de précision de l'ajustement

Ces graphiques sont disponibles dans le dossier Results/Graphics/Dispersion.



(a) Ajustements issus des décès simulés pour l'année 2007 .

(b) Coef. var., population masculine.

(c) Coef var, population féminine.

FIGURE 20: Simulations et coefficient de variation pour à la méthode 1.

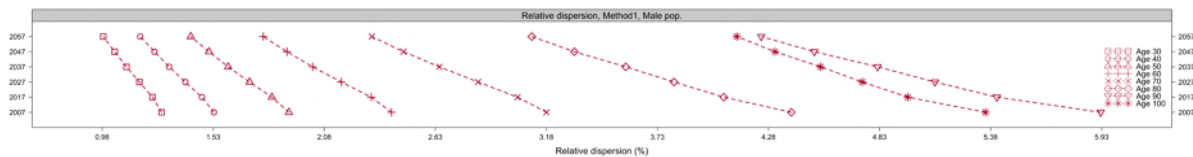


FIGURE 21: Dispersion relative, pop. masculine.

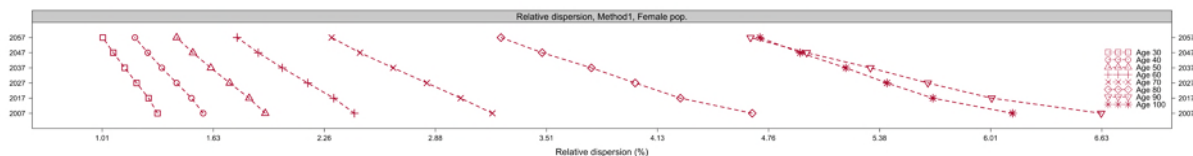


FIGURE 22: Dispersion relative, pop. féminine.

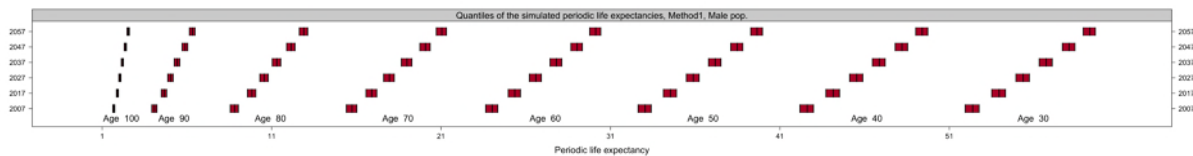


FIGURE 23: Quantiles des espérances de vie périodiques, pop. masculine.

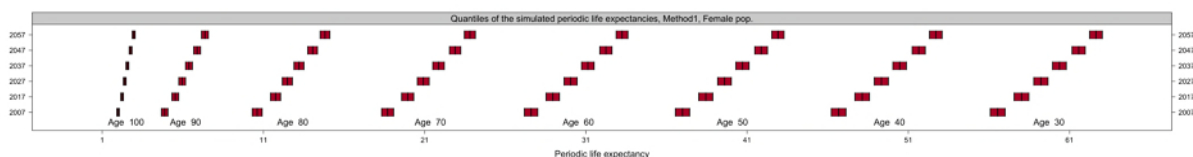


FIGURE 24: Quantiles des espérances de vie périodiques, pop. féminine.