



Mémoire présenté devant le jury de l'**EURIA** en vue de l'obtention du
Diplôme d'Actuaire **EURIA**
et de l'admission à l'Institut des Actuaire

le 6 Septembre 2023

Par : Donald NGONG ENGOULOU

Titre : **Détection de rupture de tendance sur les taux de mortalité par âge.**

Confidentialité : Non

Les signataires s'engagent à respecter la confidentialité indiquée ci-dessus

**Membre présent du jury de l'Institut
des Actuaire :**

Guillaume BIESSY

Signature :

Jean MODRY

Signature :

Baptiste YON

Signature

Entreprise :

FIXAGE

Signature :

Membres présents du jury de l'EURIA :

Brice FRANKE

Signature :

Directeur de mémoire en entreprise :

Marc DU CHOUCHE

Signature :

Invité :

Signature :

**Autorisation de publication et de mise en ligne sur un site de diffusion de
documents actuariels**

(après expiration de l'éventuel délai de confidentialité)

Signature du responsable entreprise :

Signature du candidat :

Remerciements

Tout d'abord, je tiens à remercier Michel PIERMAY, Président de FIXAGE pour m'avoir accueilli dans son cabinet.

Je témoigne ma reconnaissance à mon Directeur de mémoire Marc DU CHOUCHE qui m'a accompagné durant ces travaux, pour ses conseils pertinents.

Je remercie également Claire PELTIER co-directrice, Jean-Baptiste COULOUMB et Jacqueline BARBU, pour le temps qu'ils m'ont accordé et leurs conseils avisés.

Je tiens aussi à remercier ma tutrice à l'EURIA, Swan BROUTARD, pour son suivi, ses conseils avisés et son implication active à l'élaboration de ce mémoire.

J'adresse mes remerciements et ma profonde reconnaissance au corps professoral de l'EURIA tout particulièrement à Catherine RAINER, Brice FRANKE, Dominique ABGRALL, Guillaume BIESSY, sans oublier Patricia GRUET.

Ce mémoire traduit l'aboutissement de trois années d'étude à l'EURIA. Je ne saurais terminer sans remercier Franck VERMET pour son engagement professionnel de haut niveau, dès le début, à la réussite de mes années à l'EURIA.

Enfin, je souhaite remercier tous ceux qui, de près ou de loin, m'ont encouragé, je pense notamment à Christian ATONFACK et à son épouse, Onana NOAH, Joseph DONGHO, Borel WAFO, Bachir DIE, Fredy MBOVING et surtout à ma famille.

Résumé

La détection de rupture de tendance ou changement structurel est une technique utilisée dans l'analyse des données pour identifier quand une tendance dans un ensemble de données a changé ou s'est terminée. Elle consiste à analyser le modèle ou la direction des données au fil du temps et à détecter lorsqu'il y a un écart significatif par rapport au modèle précédent. Cette technique peut être utile pour prédire et réagir aux changements dans divers secteurs, tels que la finance, l'économie et le cas échéant dans les données de mortalité.

Les contraintes de détection de rupture sont des facteurs qui peuvent limiter la précision et la fiabilité de la détection de rupture de tendance. Ces contraintes peuvent être liées aux données, ou à la méthode de détection de rupture utilisée. Les données utilisées doivent être de bonne qualité et sans bruit.

Les statistiques de mortalité sont basées sur des estimations et peuvent donc contenir des erreurs. Dans ce mémoire, nous avons décrit le principe du test le plus abouti en univarié celui de (Bai, 1997; Bai, Perron, 1998a, 2003), que nous appliquons par la suite à l'indice de mortalité du modèle de Lee-Carter sur la période 2000-2020.

Ce test, ainsi, que les tests de fluctuations généralisés, montre qu'il existe des ruptures significatives dans l'indice de mortalité. Le critère d'information bayésien (BIC) retient les dates de 2003 (canicule) et 2017 comme les dates de ruptures les plus significatives pour l'indice de mortalité masculin. Celles retenues pour l'indice de mortalité chez les femmes sont 2003 et 2013 (arrivée plus importante aux âges de forte mortalité des générations du baby boom).

Les résultats de ces tests dépendent fortement de la longueur de la période d'observation.

Mots clefs: Modèle de Lee-Carter, modèle de Lee-Carter modifié, distribution normale, inverse gaussienne, indice de mortalité, non-stationnarité, séries temporelles, tests statistiques, modèle de régression linéaire, changement structurel, date de rupture.

Abstract

Trend break or structural change detection is a technique used in data analysis to identify when a trend in a data set has changed or ended. It involves analyzing the pattern or direction of the data over time and detecting when there is a significant deviation from the previous pattern. This technique can be useful for predicting and reacting to changes in various sectors, such as finance, economics and, where applicable, mortality data.

Break detection constraints are factors that can limit the accuracy and reliability of trend break detection. These constraints may be linked to the data, or to the break detection method used. The data used must be of good quality and noise-free.

Mortality statistics are based on estimates and may therefore contain errors. In this thesis, we have described the principle of the most successful univariate test, that of (Bai, 1997; Bai, Perron, 1998a, 2003), which we then apply to the mortality index of the Lee-Carter model over the period 2000-2020.

This test, along with the generalized fluctuation tests, shows that there are significant breaks in the mortality index. The Bayesian Information Criterion (BIC) selects 2003 (heat-wave) and 2017 as the most significant break dates for the male mortality index. The dates chosen for the female mortality index are 2003 and 2013 (more important arrival of the baby boom generations at high-mortality ages).

The results of these tests are highly dependent on the length of the observation period.

Keywords: Lee-Carter model, modified Lee-Carter model, normal distribution, inverse Gaussian, mortality index, non-stationarity, time series, statistical tests, linear regression model, structural change, break date.

Synthèse

Détection de rupture de tendance sur les taux de mortalité par âge.

Donald NGONG ENGOULOU (EURIA, FIXAGE)

6 Septembre 2023

Mots clefs: Modèle de Lee-Carter, modèle de Lee-Carter modifié, distribution normale inverse gaussienne, indice de mortalité, non-stationnarité, séries temporelles, tests statistiques, modèle de régression linéaire, changement structurel, date de rupture.

Problématique

En France, comme dans la plupart des pays développés, le taux de mortalité par âge a diminué de manière significative au cours du XXe siècle. En 1990, le taux de mortalité était de 10,5 pour 1000 habitants. En 2020, il était de 8,3 pour 1000 habitants. Cette diminution est due à une série de facteurs, notamment : les progrès de la médecine et les améliorations des conditions de vie.

Dans ce mémoire, l'objectif est d'analyser, si la baisse de l'amélioration de la mortalité observée, résulte d'un simple aléa ou s'il s'agit d'une rupture de tendance.

Quelques observations sur les taux de mortalité

Ralentissement de l'amélioration des taux de mortalité pour 1000 habitants en France.

La figure 1 représente les taux de mortalité à 4 ans pour les Français âgés de 5, 40 et 65 ans sur la période d'observation allant de 1900 à 2020. Nous observons un ralentissement de la diminution de ces taux de mortalité à partir de 2011 environ.

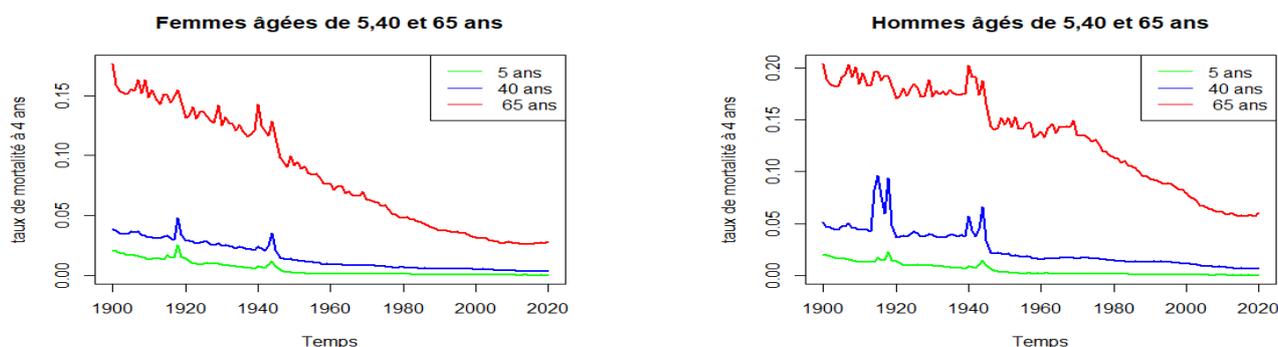


FIGURE 1 – Ralentissement de l'amélioration de la mortalité en France

Source : Données de la Human Mortality Database

Dans la figure ci-dessous, en observant l'évolution des taux bruts de mortalité pour 1000 habitants de la population française de 1990 à 2022, issus de l'étude " Perspective Monde ", on constate que les taux de mortalité par âge diminuent au fil du temps de 1990 à 2003. Un changement de la tendance de fond est observé à partir de 2003, où le taux augmente, puis diminue en 2004 (suite à l'effet moisson de la canicule de 2003) et reste ensuite stable jusqu'en 2014, où il augmente à nouveau jusqu'en 2022.

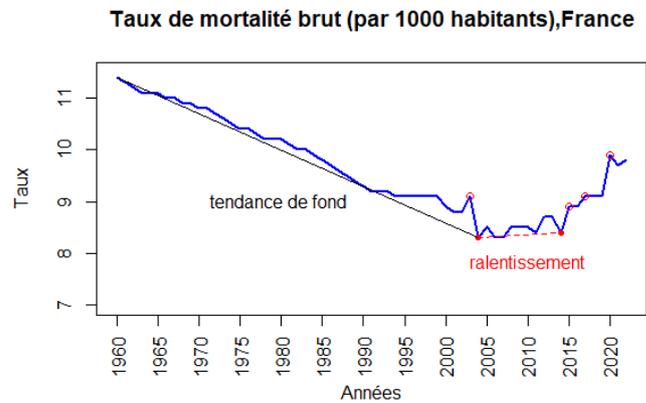


FIGURE 2 – Mise en évidence du ralentissement de l'amélioration des taux bruts de mortalité pour 1000 habitants en France

Source : Perspective Monde, Université de Sherbrooke, Québec, Canada

Évolution de la mortalité sur la période 2020-2022

Dans la figure 4 ci-dessous, le graphe de gauche, représente le nombre de décès annuels en France, pour les années d'observation allant de 1982 à 2022.

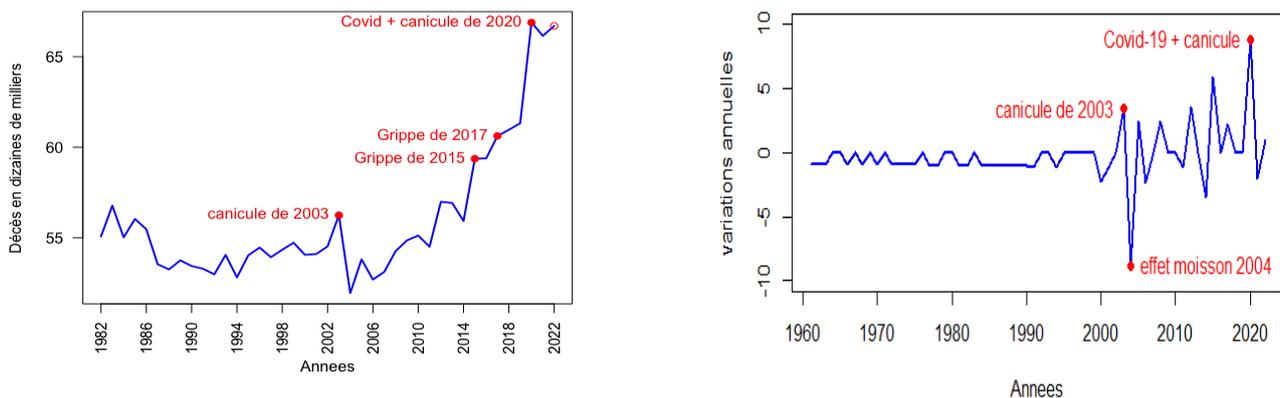


FIGURE 3 – Mortalité entre 1960 et 2020.

Source : Insee, estimations de la population et statistiques de l'état civil.

Depuis 1982, une tendance à la baisse dans les taux de mortalité a été observée, mais à partir de 2004 (graphe de gauche, figure 3) cette tendance s'est inversée. Cette augmentation des décès est attribuée à l'arrivée aux âges de forte mortalité des générations nombreuses du baby-boom. Entre 2004 et 2019, les taux de mortalité ont augmenté à un rythme moyen annuel de 0,7 %, puis de 1,9 % entre 2014 et 2019. L'année 2020 a cependant enregistré une augmentation exceptionnelle en raison

de la pandémie de Covid-19, dépassant les tendances précédentes. La population française n'étant pas constante, nous intégrons à cette première lecture celle du graphe de droite de la figure 3.

Le graphique de droite illustre les variations du taux de mortalité brut pour 1000 habitants, montrant des fluctuations significatives d'une année à l'autre. Ces variations sont dues à des événements spécifiques tels que des épidémies de grippe ou des vagues de chaleur, avec des périodes de surmortalité suivies parfois de périodes de sous-mortalité, appelées l'effet « moisson », en raison d'un effet de compensation.

Méthodologie suivie et résultats

Données utilisées

Dans le cadre de notre étude, nous avons utilisé les bases d'exposition et de décès fournies par la Human Mortality Database. Pour la période s'étalant de 1950 à 2020. Ces données couvrent la tranche d'âge allant de 0 à 100 ans.

Nous avons calibré le modèle de Lee-Carter sur la période de 2000-2020, en mettant l'accent sur la composante temporelle k_t que nous appelons l'**indice de mortalité**, extraite de ce calibrage. Cette démarche vise à examiner les ruptures de tendance au XXIe siècle.

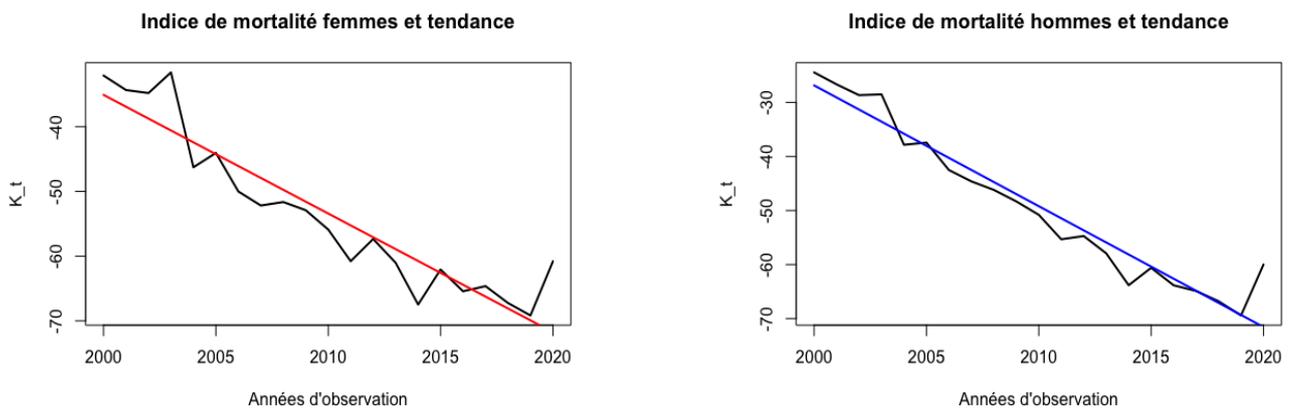


FIGURE 4 – Tendances de mortalité femme et hommes, fournies par le modèle de Lee-Carter sur la période 2000-2020.

Source : Données de la Human Mortality Database.

À l'aide des tests : KPSS et Box-Pierce, nous avons conclu que l'indice de mortalité français est une série temporelle non stationnaire de type TS (*trend stationary*) soit :

$$k_t = \mu + \beta t + v_t \quad (1)$$

et nous avons eu :

$$\text{Femmes : } k_t = -1.83t + 3633.34 + v_t$$

$$\text{Hommes : } k_t = -2.23t + 4442.9 + v_t$$

• Détermination des ruptures structurelles

Notre attention est portée vers la détection de changements soudains dans le taux de décroissance à long terme, représenté par le paramètre β dans le modèle (1). L'approche basée sur les ruptures de tendance implique une extension de ce modèle, en permettant, de manière générale, l'existence de m ruptures au niveau des paramètres, entraînant ainsi l'émergence de $m + 1$ régimes de décroissance distincts.

Le schéma général correspond à celui d'une tendance segmentée :

$$\begin{aligned}
 k_t &= \mu_1 + \beta_1 t + v_t \quad \text{pour } t = 1, \dots, T_1 \\
 k_t &= \mu_2 + \beta_2 t + v_t \quad \text{pour } t = T_1 + 1, \dots, T_2 \\
 &\vdots \\
 k_t &= \mu_{m+1} + \beta_{m+1} t + v_t \quad \text{pour } t = T_m + 1, \dots, T_{m+1} \quad (\text{avec } T = T_{m+1})
 \end{aligned}
 \tag{2}$$

Le test de fluctuation généralisé de type RE (Recursive Estimates Test) et le SupF test montrent bien que les paramètres du modèle ne sont pas stables au cours de la période d'observation. Preuve de l'existence d'un changement structurel dans les paramètres du modèle(1.1).

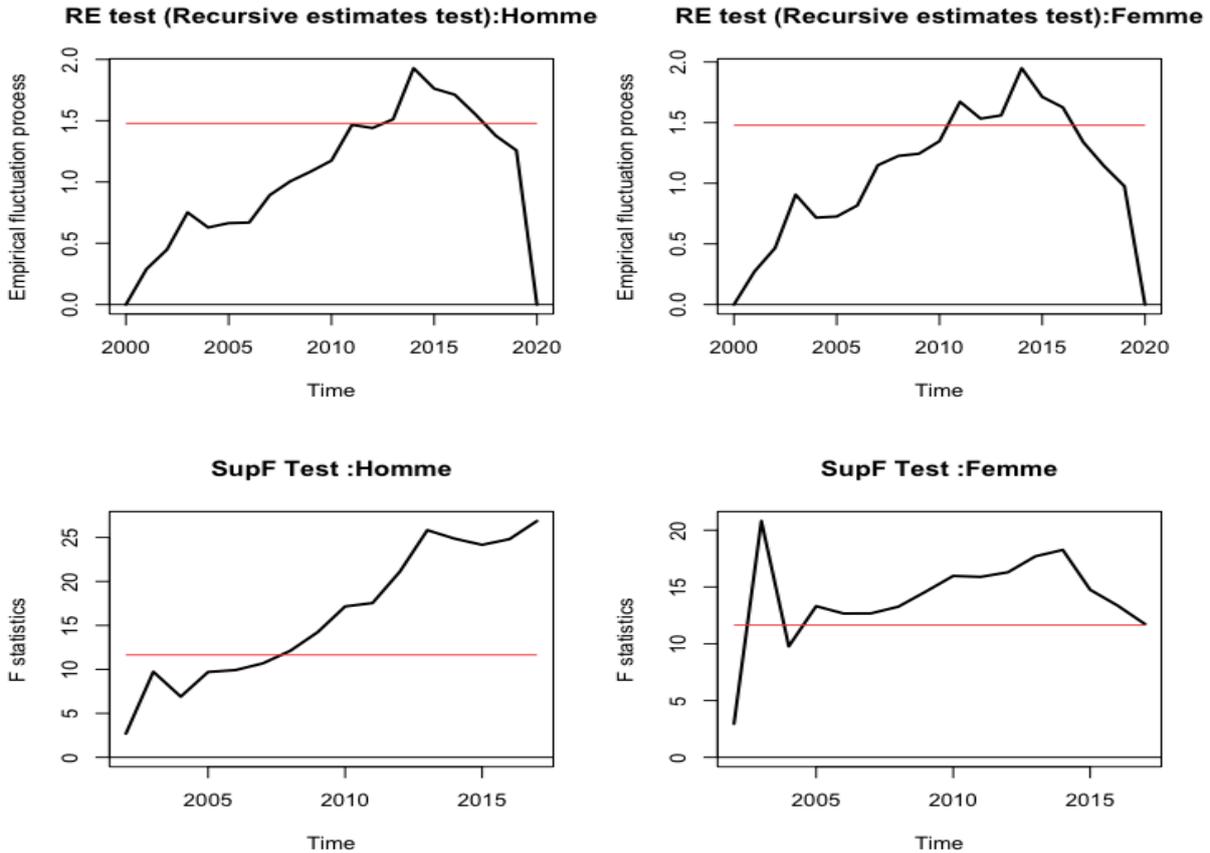


FIGURE 5 – Tests de changements structurels

Nous observons pour les deux processus (RE et SupF) des écarts significatifs par rapport à la valeur critique (droite en rouge).

Pour déterminer le nombre et les dates de ruptures, nous utilisons l'approche de détection simultanée décrite par (Bai, Perron, 1998a) et implémentée dans le package "strucchange". Nous obtenons :

```

Optimal (m+1)-segment partition:

Call:
breakpoints.formula(formula = data_f ~ x_f, h = 0.15)

Breakpoints at observation number:

m = 1  4
m = 2  4    14
m = 3  4    14 18
m = 4  4    12 15 18
m = 5  4  9 12 15 18

Corresponding to breakdates:

m = 1  2003
m = 2  2003          2013
m = 3  2003          2013 2017
m = 4  2003          2011 2014 2017
m = 5  2003 2008 2011 2014 2017

Fit:

m  0    1    2    3    4    5
RSS 377.19 169.58  91.56  68.89  52.05  44.25
BIC 129.38 121.73 117.92 121.08 124.32 130.05

```

```

Optimal (m+1)-segment partition:

Call:
breakpoints.formula(formula = data_h ~ x_h, h = 0.15)

Breakpoints at observation number:

m = 1          18
m = 2  4          18
m = 3  4          14 18
m = 4  4          12 15 18
m = 5  4  9 12 15 18

Corresponding to breakdates:

m = 1          2017
m = 2  2003          2017
m = 3  2003          2013 2017
m = 4  2003          2011 2014 2017
m = 5  2003 2008 2011 2014 2017

Fit:

m  0    1    2    3    4    5
RSS 252.46 97.82 58.05 44.43 36.04 33.83
BIC 120.95 110.17 108.35 111.87 116.61 124.41

```

FIGURE 6 – Résultat de l’approche par détection simultanée des dates de ruptures sur l’indice de mortalité français entre 2000 et 2020

Les dates de ruptures trouvées par l’approche simultanée sur la période d’étude sont : 2003 (la canicule), 2008, 2011, 2014 et 2017.

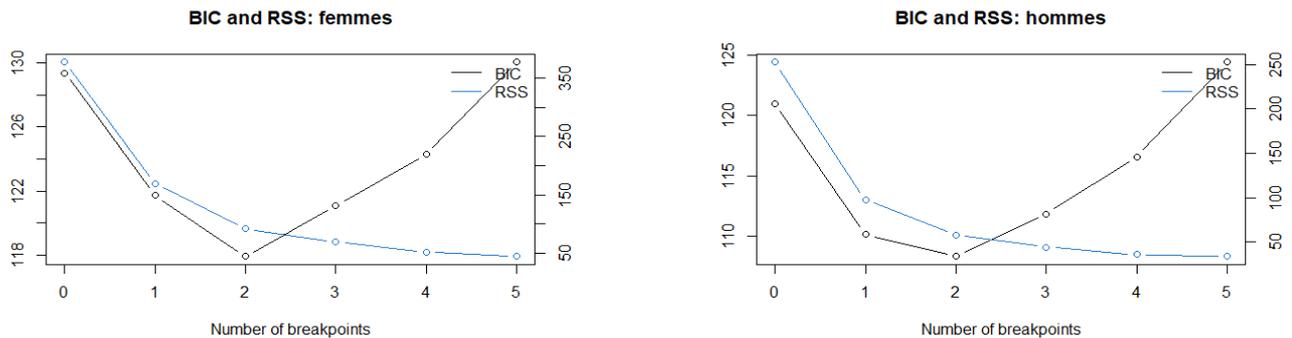


FIGURE 7 – Nombre de points de ruptures sélectionnés par le Critère d’Information Bayésien.

Les dates retenues par le critère d’information : BIC sont :

- Indice de mortalité des femmes : 2003 (canicule) et 2017
- Indice de mortalité des hommes : 2003 (canicule) et 2013 (structure de la population).

Rupture de tendance sur l’indice de mortalité de 1950-2000 et impact sur la projection

Nous avons montré que la prise en compte des dates de ruptures identifiées sur l’indice de mortalité du modèle de Lee-Carter, produit des prévisions plus précises.

Pour cela, nous avons d’abord détecté les ruptures de tendance sur la période 1950-2000 et à l’aide d’une régression segmentée nous avons projeté l’indice de mortalité de 2000 à 2020 pour obtenir les taux de mortalité estimés pour cette période.

Ensuite, nous avons comparé les taux de mortalité estimés pour la période de 2000-2020 avec ruptures, mais également sans ruptures (calculés dans la partie II, chapitre 2) aux taux observés afin d’évaluer les erreurs d’estimation.

Le tableau ci-dessous reprend les mesures des erreurs du modèle de Lee-Carter, avec et sans prise en compte des ruptures structurelles dans les données.

	Lee-Carter(avec ruptures)	Lee-Carter (sans rupture)
E_1	0.91	2.60
E_2	3.44	3.65
E_3	1.34	1.08

Les écarts entre les prévisions des taux de mortalité issus du modèle Lee-Carter avec ruptures et les taux observés sont légèrement supérieurs aux écarts entre les prévisions des taux de mortalité issus du modèle Lee-Carter sans ruptures et les taux observés.

Comparaison entre les projections des taux de mortalité prévus par les modèles de Lee-Carter et celui de Lee-Carter Modifié

Enfin, suite au calibrage des modèles de Lee-Carter Modifié (LCM) et Lee-Carter (LC) sur la période de 1950 à 2000, les prévisions de taux de mortalité à l'âge de 65 ans pour la période 2000-2020 avec le modèle LCM, donnent un intervalle de confiance à 95% plus serré que celui du modèle LC, mais les taux observés sur cette période franchissent les deux intervalles de confiance.

Nous en déduisons que, compte-tenu d'un intervalle de confiance à 95%, le modèle de Lee-Carter modifié semble être plus précis que le modèle de Lee-Carter.

Synthesis

Detection of life trend break.

Donald NGONG ENGOULOU (EURIA, FIXAGE)

September 6, 2023

Mots clefs: Lee-Carter model, modified Lee-Carter model, normal distribution inverse Gaussian, mortality index, non-stationarity, time series, statistical tests, linear regression model, structural change, break date.

Problem

In France, as in most developed countries, the age-specific mortality rate fell significantly over the course of the 20th century. In 1990, the mortality rate was 10.5 per 1000 inhabitants. In 2020, it was 8.3 per 1000 inhabitants. This reduction is due to a number of factors, including medical advances and improvements in living conditions.

In this brief, the question was whether the observed drop in mortality improvement was the result of a simple hazard, or whether it represented a break in the trend.

Some observations on mortality rates

- Increasing mortality rates per 1,000 inhabitants in France.

Figure 1 shows 4-year mortality rates for French people aged 45, 40 and 65 over the observation period from 1900 to 2020.

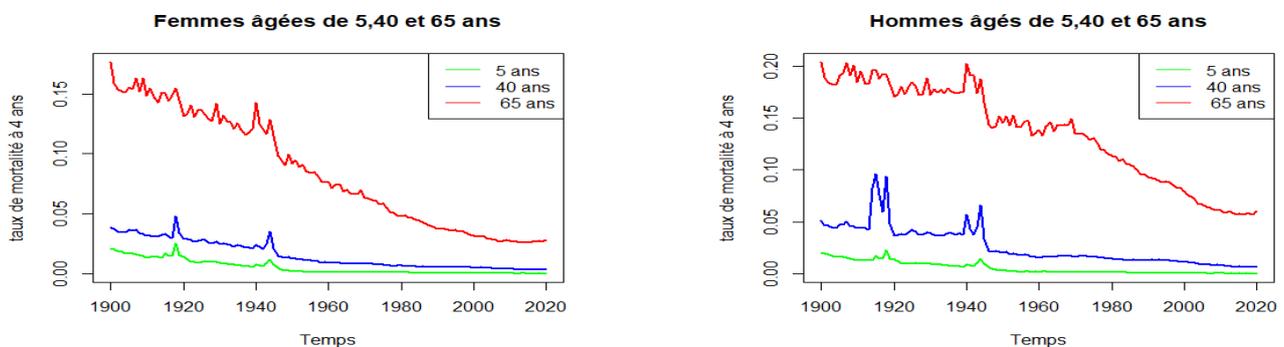


FIGURE 8 – Slower improvement in mortality in France.

Source : Data from the Human Mortality Database

In the figure below, by observing the evolution of crude mortality rates per 1000 inhabitants for the French population from 1990 to 2022, taken from the "Perspective Monde" study, we have seen

that mortality rates by age decrease over time from 1990 to 2003. A change in the underlying trend is observed from 2003 onwards, when the rate rises, then falls in 2004 (following the harvest effect of the 2003 heatwave) and then remains stable until 2014, when it rises again until 2022.

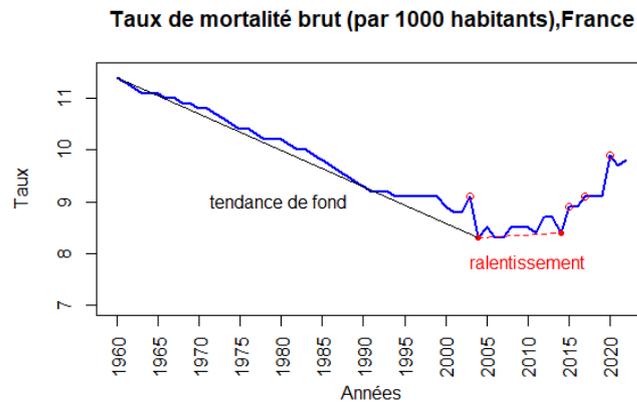


FIGURE 9 – Slower improvement in crude mortality rates per 1,000 inhabitants in France highlighted
Source : Perspective Monde, Université de Sherbrooke, Québec, Canada

Figure 2 above shows the number of deaths per 1,000 people in a given year. We can see : A downward trend that is broken from 2004 onwards, then a slowdown in the improvement in rates between 2004 and 2014, and finally an upturn in crude mortality rates, after 2014 relative to the high numbers of deaths in the years 2015, 2017, 2019 and 2020.}

• **Evolution of mortality over the period 2020-2022**

- In figure 4 below, the graph on the left represents the number of annual deaths in France, for the observation years from 1982 to 2022.

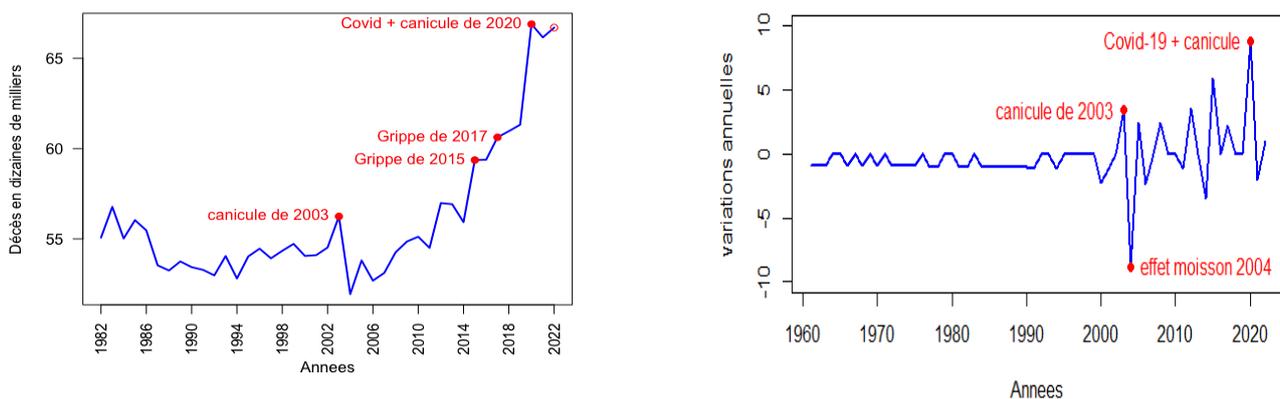


FIGURE 10 – Mortality between 1990 and 2020
Source : Insee, population estimates and vital statistics.

Since 1982, a downward trend in mortality rates has been observed, but from 2004 onwards, this trend has been reversed. This increase in deaths is attributed to the arrival of the large baby-boom generations at high mortality ages. Between 2004 and 2019, mortality rates rose at an average annual

rate of 0.7 %, then 1.9% between 2014 and 2019. However, 2020 saw an exceptional increase due to the Covid-19 pandemic, exceeding previous trends.

- The graph on the right illustrates variations in the crude mortality rate per 1,000 inhabitants, showing significant fluctuations from one year to the next. These variations are due to specific events such as flu epidemics or heat waves, with periods of excess mortality sometimes followed by periods of under-mortality, known as the "harvest" effect, due to a compensatory effect.

Methodology followed and results

Data used

For our study, we used the exposure and death databases provided by the Human Mortality Database. For the period from 1950 to 2020. These data cover the age range from 0 to 100 years.

We have calibrated the Lee-Carter model over the period 2000-2020, focusing on the time component k_t , which we call the **mortality index**, extracted from this calibration. The aim of this approach is to examine trend breaks in the 21st century.

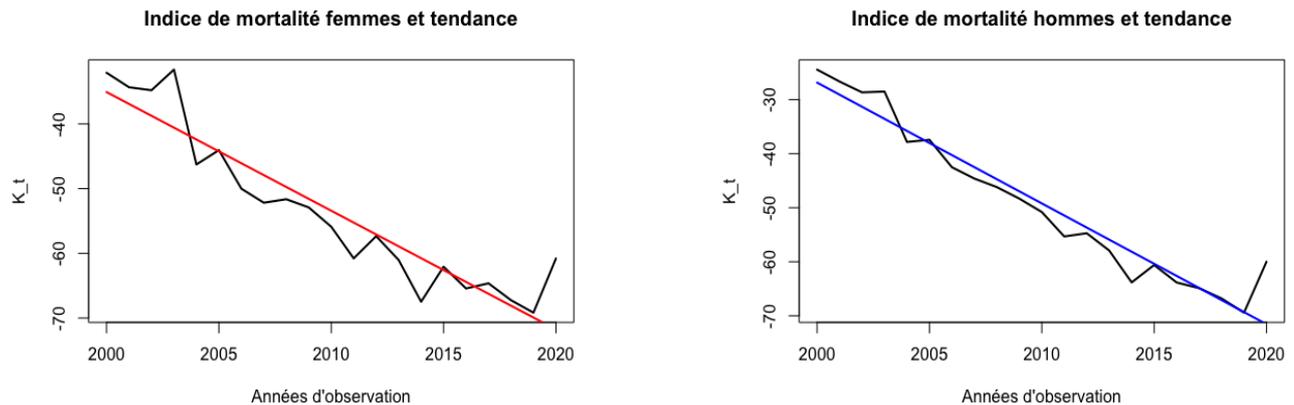


FIGURE 11 – Tendence of female and male mortality, provided by the Lee-Carter model over the period 2000-2020.

Source : Data from the Human Mortality Database.

Using the KPSS and Box-Pierce tests, we concluded that the French mortality index is a non-stationary time series of the TS type (*trend stationary*), i.e. :

$$k_t = \mu + \beta t + v_t \quad (3)$$

and we had :

$$\text{Women : } k_t = -1.83t + 3633.34 + v_t$$

$$\text{Men : } k_t = -2.23t + 4442.9 + v_t$$

Determination of structural fractures

Our focus is on detecting sudden changes in the long-term decay rate, represented by the parameter β in model (1). The trend-break approach implies an extension of this model, allowing, in general, the

existence of m parameter breaks, leading to the emergence of $m + 1$ distinct decay regimes.

The general pattern corresponds to that of a segmented trend :

$$k_t = \mu_1 + \beta_1 t + v_t \quad \text{for } t = 1, \dots, T_1$$

$$k_t = \mu_2 + \beta_2 t + v_t \quad \text{for } t = T_1 + 1, \dots, T_2 \tag{4}$$

$$k_t = \mu_{m+1} + \beta_{m+1} t + v_t \quad \text{for } t = T_m + 1, \dots, T_{m+1} \quad (\text{avec } T = T_{m+1})$$

The RE (Recursive Estimates Test) generalized fluctuation test and the SupF test clearly show that the model parameters are not stable over the observation period. Evidence of structural change in model parameters(1.1).

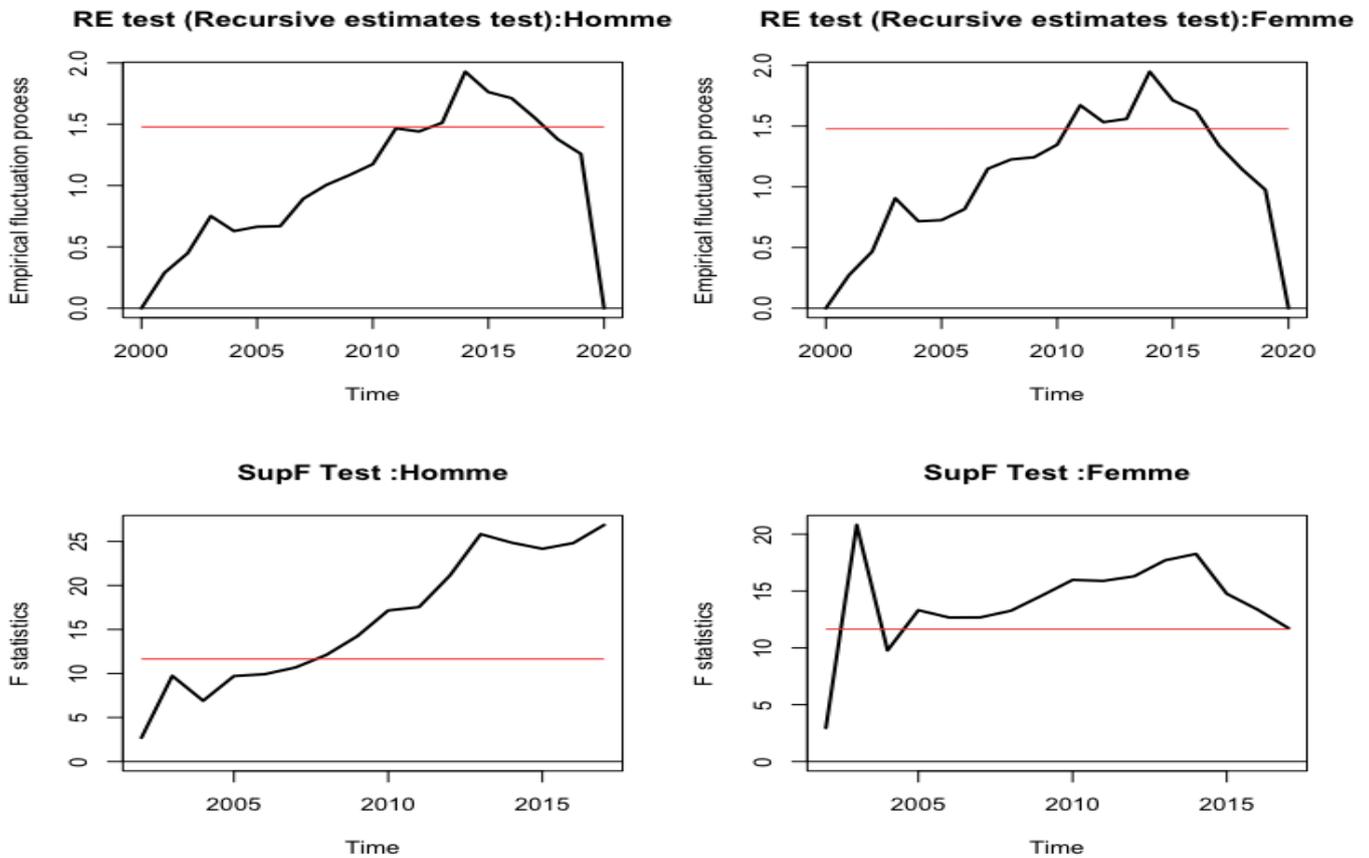


FIGURE 12 – Testing structural changes

For both processes (RE and SupF), we observe significant deviations from the critical value (red line).

To determine the number and dates of breaks, we use the simultaneous detection approach described by (Bai, Perron, 1998a) and implemented in the "strucchange" package. We obtain :

```

Optimal (m+1)-segment partition:

Call:
breakpoints.formula(formula = data_f ~ x_f, h = 0.15)

Breakpoints at observation number:

m = 1  4
m = 2  4    14
m = 3  4    14 18
m = 4  4    12 15 18
m = 5  4  9 12 15 18

Corresponding to breakdates:

m = 1  2003
m = 2  2003          2013
m = 3  2003          2013 2017
m = 4  2003          2011 2014 2017
m = 5  2003 2008 2011 2014 2017

Fit:

m  0    1    2    3    4    5
RSS 377.19 169.58 91.56 68.89 52.05 44.25
BIC 129.38 121.73 117.92 121.08 124.32 130.05

```

```

Optimal (m+1)-segment partition:

Call:
breakpoints.formula(formula = data_h ~ x_h, h = 0.15)

Breakpoints at observation number:

m = 1    18
m = 2  4    18
m = 3  4    14 18
m = 4  4    12 15 18
m = 5  4  9 12 15 18

Corresponding to breakdates:

m = 1    2017
m = 2  2003          2017
m = 3  2003          2013 2017
m = 4  2003          2011 2014 2017
m = 5  2003 2008 2011 2014 2017

Fit:

m  0    1    2    3    4    5
RSS 252.46 97.82 58.05 44.43 36.04 33.83
BIC 120.95 110.17 108.35 111.87 116.61 124.41

```

FIGURE 13 – Results of the simultaneous detection approach for break dates in the French mortality index between 2000 and 2020

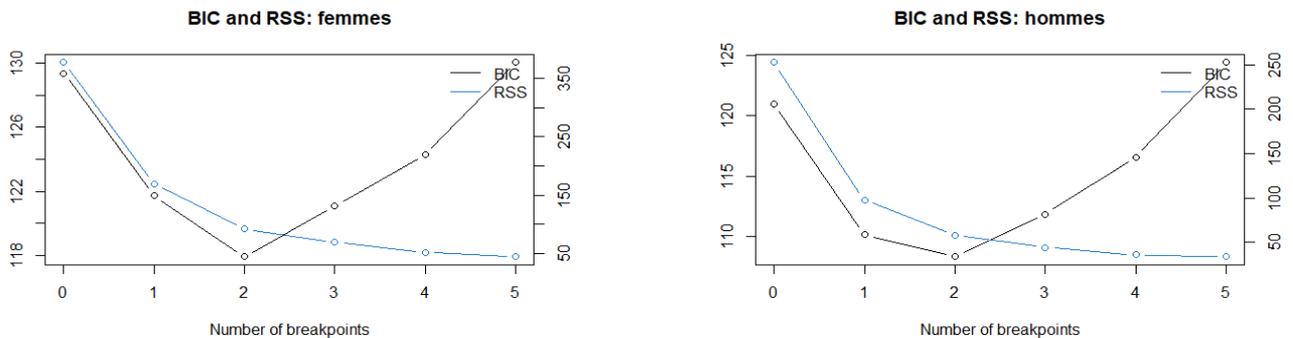


FIGURE 14 – Number of breakpoints selected by the Bayesian Information Criterion.

The break dates found by the simultaneous approach over the study period are : 2003 (the heat-wave), 2008, 2011, 2014 and 2017.

The dates selected by the information criterion : BIC are :

- Female mortality index : 2003 (heatwave) and 2017.
- Male mortality index : 2003 (heatwave) and 2013(Population structure).

Trend break in the 1950-2000 mortality index and impact on the projection

We have shown that taking into account the break dates identified on the Lee-Carter mortality index, produces more accurate forecasts.

To do this, we first detected trend breaks over the period 1950-2000 and, using a segmented regression, projected the mortality index from 2000 to 2020 to obtain estimated mortality rates for this period.

Next, we compared the estimated mortality rates for the 2000-2020 period with breaks, but also without breaks (calculated in Part II, Chapter 2) with the observed rates in order to assess estimation errors.

The table below shows the error measurements of the Lee-Carter model, with and without taking account of structural breaks in the data.

	Lee-Carter(with breaks)	Lee-Carter (without a break)
E_1	0.91	2.60
E_2	3.44	3.65
E_3	1.34	1.08

The differences between the mortality rate forecasts from the Lee-Carter model with breaks and the observed rates are slightly greater than the differences between the mortality rate forecasts from the Lee-Carter model without breaks and the observed rates.

Comparison between projected mortality rates from the Lee-Carter models and the Modified Lee-Carter model

Finally, after calibrating the Modified Lee-Carter (LCM) and Lee-Carter (LC) models over the period 1950-2000, the LCM model's projections of mortality rates at age 65 for the period 2000-2020 give a tighter 95% confidence interval than that of the LC model, but the observed rates over this period cross both confidence intervals.

We deduce that, given a 95% confidence interval, the modified Lee-Carter model is more accurate than the Lee-Carter model.

Table des matières

Synthèse	I
Summary	i
Introduction	1
I Évolution de la mortalité en France du XXe siècle à nos jours	2
1 Observation de la mortalité en France par âge et par sexe	3
1.1 La réduction de la mortalité à tous les âges et les disparités entre hommes et femmes . . .	3
1.1.1 Rectangularisation des courbes de survie	4
1.1.2 Évolution de la mortalité sur les deux demi-siècles : 1900-1950 et 1950-2000 . . .	5
1.2 Baisse de la mortalité infantile	5
1.3 Recul de la mortalité chez les jeunes	6
1.4 Chute de la mortalité chez l'adulte	7
1.4.1 Mortalité entre 25 et 40 ans	7
1.4.2 Mortalité entre 40 et 55 ans	8
1.4.3 Mortalité entre 55 et 75 ans	9
1.4.4 Mortalité entre 75 ans et 85 ans	10
2 Analyse de la mortalité au début du XXIe siècle.	11
2.1 Ralentissement dans les gains de survie	11
2.2 Augmentation lente de l'espérance de vie en France	13
2.3 Mortalité en France sur la période 2020-2022	14
II Détermination d'une tendance à l'aide d'un modèle de mortalité	18
1 Description des données de modélisation	19
1.1 Les différentes approches de projections de la mortalité	19
1.2 Description des données	19
2 Analyse des paramètres du modèle de Lee-Carter	21
2.1 Présentation du modèle de Lee-Carter	21
2.1.1 Estimation des paramètres	23
2.1.2 Mesure de la qualité du modèle	25
2.2 Détermination d'une tendance temporelle par calibration du modèle de Lee-Carter sur la période 1950-2000	25
2.2.1 Mise en œuvre du modèle : Estimation des paramètres	25
2.2.2 Analyse des résultats	26

2.2.3	Validation du modèle	28
2.2.4	Extrapolation de l'indice de mortalité : le modèle ARIMA(p,d,q)	29
2.3	Analyse de quelques limites du modèle de Lee-Carter	37
2.3.1	Surestimation de la structure de dépendance des taux de mortalité par âge	37
2.3.2	Stabilité de la diminution du taux de mortalité par âge	38
2.3.3	Déviations de l'indice de mortalité par rapport à la loi normale	39
3	Extension du modèle de Lee-Carter	42
3.1	Présentation et estimation des paramètres du modèle.	42
3.2	Évaluation des performances du modèle LCM	44
3.3	Modélisation de l'indice de mortalité du modèle de Lee Carter Modifié (LCM) par un processus de Lévy NIG	46
3.3.1	Motivation	46
3.3.2	Processus de Lévy	47
3.3.3	Distribution normale-inverse gaussienne : NIG	49
3.3.4	Estimation des paramètres de la distribution : NIG	51
3.4	Comparaison entre les taux de mortalité prédits par les deux modèles et les taux réels de 2000-2020.	54
III	Description des procédures de test de changements structurels et application à l'indice de mortalité de la population française	57
1	Propriétés de stationnarité de l'indice de mortalité.	58
1.1	Indice de mortalité et ruptures de tendance : modélisation	58
1.1.1	Définition de la non-stationnarité	58
1.1.2	Non-stationnarité déterministe	58
1.1.3	Non stationnarité stochastique	59
1.2	Indice de mortalité et ruptures de tendance : modélisation	60
1.2.1	Modèles TS (<i>trend stationary</i>) et DS (<i>Difference stationary</i>) de l'indice de mortalité et taux de décroissance tendancielle	60
1.2.2	Ruptures de tendance	60
1.2.3	Autocorrélation des résidus	61
1.3	Non-stationnarité stochastique versus tendance segmentée : discussion	63
2	Tests des ruptures à des dates inconnues	64
2.1	Tests de fluctuations généralisées	64
2.2	Tests de ruptures structurelles	65
2.2.1	Test de détection d'un unique changement structurel	65
2.2.2	Test de ruptures structurelles multiples	66
2.2.3	Ruptures multiples en nombre connu	67
2.2.4	Nombre de ruptures inconnu : l'approche séquentielle	67
2.2.5	Nombre de ruptures inconnu : l'approche par le Critère d'Information Bayésien	67
2.3	Intervalles de confiance	68
3	Application des tests de ruptures structurels à l'indice de mortalité	70
3.1	Détection de rupture de tendance de l'indice de mortalité de 2000-2020	70
3.2	Rupture de tendance sur l'indice de mortalité de 1950-2000 et impact sur la projection	75
3.2.1	Détection des ruptures de tendance sur l'indice de mortalité sur la période 1950-2000	75
3.2.2	Extrapolation de l'indice de mortalité de 2000 à 2020 avec rupture de tendance	76

3.2.3	Comparaison des erreurs entre les taux de mortalité projetés avec et sans ruptures et ceux observés	76
3.2.4	Comparaison des taux de mortalité projetés avec et sans ruptures à ceux observés	77
Conclusion		79
Annexes		81
Bibliographie		90

Table des figures

1	Ralentissement de l'amélioration de la mortalité en France	I
2	Mise en évidence du ralentissement de l'amélioration des taux bruts de mortalité pour 1000 habitants en France	II
3	Mortalité entre 1960 et 2020.	II
4	Tendance de mortalité femme et hommes, fournie par le modèle de Lee-Carter sur la période 2000-2020.	III
5	Tests de changements structurels	IV
6	Résultat de l'approche par détection simultanée des dates de ruptures sur l'indice de mortalité français entre 2000 et 2020	V
7	Nombre de points de ruptures sélectionnés par le Critère d'Information Bayésien.	V
8	Slower improvement in mortality in France.	i
9	Slower improvement in crude mortality rates per 1,000 inhabitants in France highlighted	ii
10	Mortality between 1990 and 2020	ii
11	Tendance of female and male mortality, provided by the Lee-Carter model over the period 2000-2020.	iii
12	Testing structural changes	iv
13	Results of the simultaneous detection approach for break dates in the French mortality index between 2000 and 2020	v
14	Number of breakpoints selected by the Bayesian Information Criterion.	v
15	$\frac{q_x(t)}{q_x(1950)}$ pour quelques âges pour la population française.	4
16	Évolution des courbes de survie : $x \mapsto \frac{l_x}{l_0}$ pour les femmes et les hommes, par années d'observation.	4
17	Rapport des quotients de mortalité pour les femmes et les hommes	5
18	Baisse du taux de mortalité infantile pour 1000 naissances vivantes depuis 1901 en France métropolitaine	6
19	Évolution des quotients de mortalité à 10 ans, par sexe, pour les jeunes de 5 et 15 ans pour la période d'observation de 1945 à 2007	6
20	Logarithme des taux instantanés de mortalité pour les femmes et pour les hommes	7
21	Évolution des quotients de mortalité $_{15}q_{25}$ pour les deux sexes entre 1945-2005	8
22	Évolution des quotients de mortalité à 15 ans pour les deux sexes entre 1946-2006	8
23	Évolution des quotients de mortalité $_{20}q_{55}$ pour les deux sexes entre 1946-2006	9
24	Évolution des quotients de mortalité $_{10}q_{75}$ pour les deux sexes entre 1946-2006	10
25	Ralentissement de l'amélioration de la mortalité en France	11
26	Mise en évidence du ralentissement de l'amélioration des taux bruts de mortalité pour 1000 habitants en France	12
27	Ralentissement de l'amélioration des TMS pour quelques pays de l'Europe.	13
28	Espérance de vie à la naissance à gauche et à 65 ans à droite	14
29	Nombre de décès en France, de 1982 à 2022	15
30	Variations annuelles des taux de mortalité de 1960 à 2022	15
31	Part de décès dûs à la Covid-19, en France, par tranche d'âge depuis mars 2020.	17

32	Taux bruts de mortalité des hommes et des femmes sur la période d'observation allant de 1950 à 2020	20
33	Courbe d'évolution des α_x , calibrés sur la période de 1950 à 2000	26
34	Tendance de mortalité femme et hommes, fournie par le modèle de Lee-Carter sur la période 1950-2000.	27
35	Courbes de sensibilité du taux de mortalité aux variations de l'indice de mortalité sur la période 1950-2000.	27
36	Variance expliquée par le modèle selon l'âge pour les femmes et les hommes.	28
37	Structure des résidus selon l'âge pour les Hommes.	29
38	Autocorrélogrammes des séries K_t	31
39	Mise en évidence de la non-stationarité de la série (e_t) par sexe.	32
40	Mise en évidence de la stationarité de la série (Δe_t) par sexe.	33
41	Représentation du Q-Q plot des résidus.	35
42	Projections de l'indice de mortalité pour les femmes et pour les hommes.	36
43	Comparaison des logarithmes des taux observés et projetés de mortalité pour plusieurs années d'observation.	37
44	Structure des β_x en cours de projection sur une fenêtre glissante de 50 ans.	39
45	Comparaison de la distribution de k_t et la distribution normale.	40
46	Valeurs estimées de α_x à gauche et β_x à droite par le modèle LCM de 1950-2020.	43
47	série chronologique de l'indice de mortalité, de la population masculine française, de 1950-2020.	44
48	Structure des résidus du modèle LCM, selon l'âge pour les Hommes.	44
49	Résultats de l'estimation du modèle de Lee-Carter et du modèle de Lee-Carter modifié pour la population masculine française, de 1950 à 2000.	45
50	Densité de la loi NIG suivant différentes valeurs des paramètres.	50
51	Histogrammes des Valeurs estimées de k_t par le modèle LCM.	54
52	Logarithme des taux de mortalité observés et prévus pour la population masculine française des années 2000-2020 et intervalles de confiance de 95%.	55
53	Indice de mortalité de la population française de 2000-2020.	71
54	Tests de changements structurel	72
55	Résultat de l'approche par détection simultanée des dates de ruptures sur l'indice de mortalité français entre 2000 et 2020	73
56	Critère d'information bayésien pour les modèles avec 5 points de ruptures	73
57	Rupture de tendance sur l'indice de mortalité de la population française de 2000-2020	74
58	Indice de mortalité du modèle de Lee Carter Modifié pour la population française de 1950-2000	75
59	Projection de l'indice de mortalité du modèle de Lee-Carter, par régressions segmentées (avec ruptures)	76
60	Logarithme des taux de mortalité observés et prévus avec et sans ruptures par le modèle de Lee-Carter	78
61	Structure des résidus selon l'âge pour les Femmes.	82
62	Valeurs estimées de α_x à gauche et β_x à droite.	82
63	Valeurs estimées de k_t	83
64	Structure des résidus selon l'âge pour les Femmes.	83
65	Résultats de l'estimation du modèle de Lee-Carter et du modèle de Lee-Carter modifié pour la population féminine française, de 1950 à 2000.	84
66	Histogrammes des Valeurs estimées de k_t par le modèle LCM.	86

Liste des tableaux

1	Écart entre les deux sexes	8
2	Écart entre les deux sexes.	9
3	Écart entre les deux sexes.	10
4	Surmortalité en France en 2020 relativement aux années 2018 et 2019.	16
5	Surmortalité de la grippe de Hong-Kong, en France en 1970, relativement à 1960.	16
6	Taux d'inertie	28
7	Sorties du test de Dickey-Fuller Augmenté	31
8	Comparaison des AIC	34
9	Sorties de la fonction ARIMA : estimation des paramètres	34
10	Sorties du test d'auto-corrélation de Box-Pierce sur les résidus des modèles estimés au tableau 7.	35
11	Sorties du test de normalité de Jarque et Bera sur les résidus des modèles estimés dans au tableau 7.	36
12	Sorties du test de Kolmogorov Smirnov appliqué sur l'échantillon (Δk_t)	40
13	Moments de Δk_t	41
14	Comparaison de RSSE dans les deux modèles	46
15	Valeurs estimées des paramètres de la loi NIG par maximum de vraisemblance pour la période allant de 1900-2000, pour les hommes.	54
16	Stationnarité des résidus du modèle de régression linéaire	71
17	Autocorrélation des résidus	71
18	Sorties du test de Dickey-Fuller Augmenté	82
19	Comparaison de RSSE dans les deux modèles	84
20	Valeurs estimées des paramètres de la loi NIG, par maximum de vraisemblance, pour la période allant de 1900-2000 pour la population féminine française.	86

Introduction

Après la deuxième guerre mondiale, les pays développés ont observé une diminution significative de leurs taux de mortalité, ce qui s'est traduit par une forte augmentation de la durée de vie moyenne. Un ralentissement de l'amélioration de la mortalité est observé dans un certain nombre de ces pays au début du XXI^e siècle. Nous souhaiterions savoir s'il s'agit d'un simple aléa ou d'une rupture de tendance.

Dans le cadre de ce mémoire, notre objectif sera d'étudier l'existence d'un changement de tendance statistiquement significatif dans les taux de mortalités par âge en France. Pour ce faire, à partir des données de la Human Mortality Database, nous étudierons d'abord la mortalité au XX^e siècle en France et les facteurs clés de son amélioration afin de mettre en avant les mouvements associés à ce phénomène. Nous comparerons ensuite les tendances observées avec celles des deux premières décennies du XXI^e.

Ensuite, à partir des connaissances acquises sur l'évolution de la mortalité, nous déterminerons la tendance temporelle sur la période 1950-2000 à l'aide du modèle de Lee-Carter. Ce modèle, malgré ses nombreux avantages, fait l'hypothèse que les améliorations des taux de mortalité par tranche d'âge restent constantes dans le temps et ne prend pas en considération les discontinuités des taux de mortalité lors des événements comme la pandémie, canicules, etc. Nous étudierons comment un processus de Lévy nous permet de mieux prendre en compte les fluctuations ponctuelles qui n'affectent pas la tendance globale.

Pour finir, nous exposerons l'analyse des changements structurels au sein des modèles de régression linéaire. Nous présenterons une méthode unifiée pour exécuter ces tests et expliquerons comment ces concepts ont été concrétisés dans le package R nommé "strucchange". Par conséquent, nous avons désormais à notre disposition des outils pour présenter des informations concernant les ruptures structurelles dans les relations de régression et évaluer leur pertinence. Une fois que les points de rupture seraient identifiés, nous étudierons les améliorations des projections qui prennent en compte ces modifications.

La détection de rupture de tendance dans les taux de mortalité par âge permet aux assureurs de mieux évaluer les risques liés aux produits d'assurance-vie et de santé qu'ils proposent. En effet, les discontinuités dans la tendance d'évolution de la mortalité peuvent entraîner une augmentation ou une diminution inattendue des coûts de sinistres, ce qui peut avoir un impact négatif sur la solvabilité et la rentabilité de l'assureur. En étant en mesure de détecter ces ruptures de tendance pour une tranche d'âge, les assureurs peuvent ajuster leurs tarifs et provisions techniques afin de mieux refléter la nouvelle tendance de mortalité.

Première partie

Évolution de la mortalité en France du
XXe siècle à nos jours

Chapitre 1

Observation de la mortalité en France par âge et par sexe

Dans ce chapitre, notre attention est tournée vers les caractéristiques notables de la mortalité en France tout au long du XXe siècle. Cela nous permettra de mettre en évidence les progrès accomplis en matière de diminution de la mortalité par le passé.

Nous utiliserons les statistiques françaises de mortalité disponibles dans la base de données démographiques de la Human Mortality Database (HMD), accessible sur le site internet www.mortality.org. Cette base de données est gérée conjointement par l'Université de Berkeley aux États-Unis et l'Institut de Recherche Démographique Max Planck d'Allemagne.

1.1 La réduction de la mortalité à tous les âges et les disparités entre hommes et femmes.

Les progrès réalisés par la science, notamment en médecine, depuis le début des années 1900, ainsi que l'amélioration de la qualité de vie, ont largement contribué à l'allongement de la durée de vie humaine. Ce phénomène a été observé dans toutes les nations occidentales et concerne les deux sexes. L'allongement de la vie humaine fait partie du processus de vieillissement et de l'évolution de la structure démographique de ces pays. Il se traduit par une baisse des taux de mortalité.

La figure 15 ci-dessous représente, pour quelques âges, le rapport entre les taux de mortalité dans l'année pour chaque période d'observation de 1950 à 2020 et les taux de mortalités observés en 1950 pour quelques âges¹. On peut voir que les ratios présentent une tendance à la baisse à tous les âges au cours du temps.

1. $\frac{q_x(t)}{q_x(1950)}$ où $q_x(t)$ désigne le taux de mortalité dans l'année t .

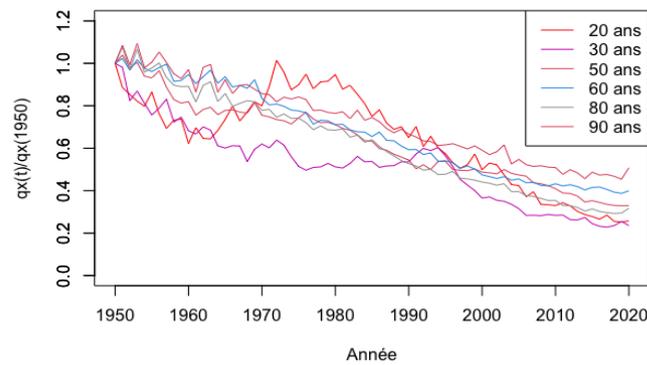


FIGURE 15 – $\frac{q_x(t)}{q_x(1950)}$ pour quelques âges pour la population française.
Source : Données de la Human Mortality Database

1.1.1 Rectangularisation des courbes de survie

La figure 16 illustre le phénomène de "rectangularisation" des courbes de survie, qui indique que : le nombre de survivants par cohortes est presque maintenu, jusqu'à 60-70 ans, pour ensuite diminuer très rapidement aux âges élevés.

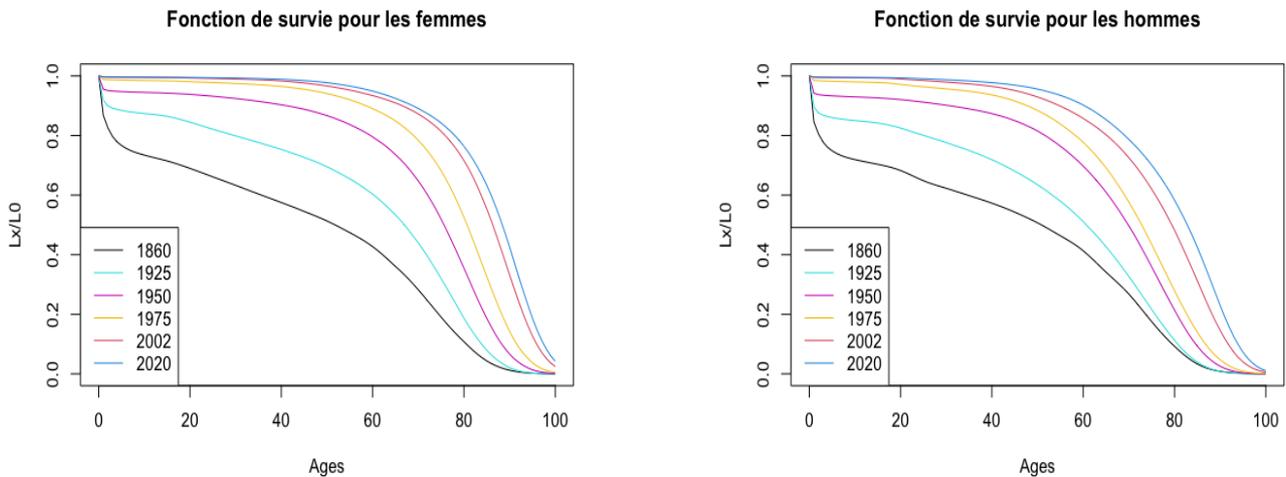


FIGURE 16 – Évolution des courbes de survie : $x \mapsto \frac{l_x}{l_0}$ pour les femmes et les hommes, par années d'observation.

Source : Données de la Human Mortality Database

On observe que l'évolution des courbes de survie vers une forme rectangulaire est plus significative pour les femmes que pour les hommes.

Une courbe de survie est une représentation du nombre de survivants d'une cohorte² en fonction de l'âge. Avant les années 1900, le nombre de survivants de la cohorte décroissait régulièrement, et ce, dès les premières années de vie.

Cependant, les améliorations significatives de la santé et des conditions de vie, observées au cours du XXe siècle dans les pays développés, ont entraîné une réduction de la mortalité à tous les âges.

2. Groupe d'individus du même millésime de naissance jusqu'à la mort

Ainsi, la courbe de survie devient progressivement rectangulaire.

1.1.2 Évolution de la mortalité sur les deux demi-siècles : 1900-1950 et 1950-2000

Pour illustrer l'impact, sur l'évolution de la mortalité, des deux demi-siècles, nous allons déterminer le rapport des quotients de mortalité à un an, par sexe, entre les deux périodes³.

Un rapport se rapprochant de 1 indique qu'il y a eu une amélioration très limitée de la mortalité pendant la période étudiée. En revanche, un rapport proche de 0 indique une baisse considérable des taux de mortalité sur cette période.

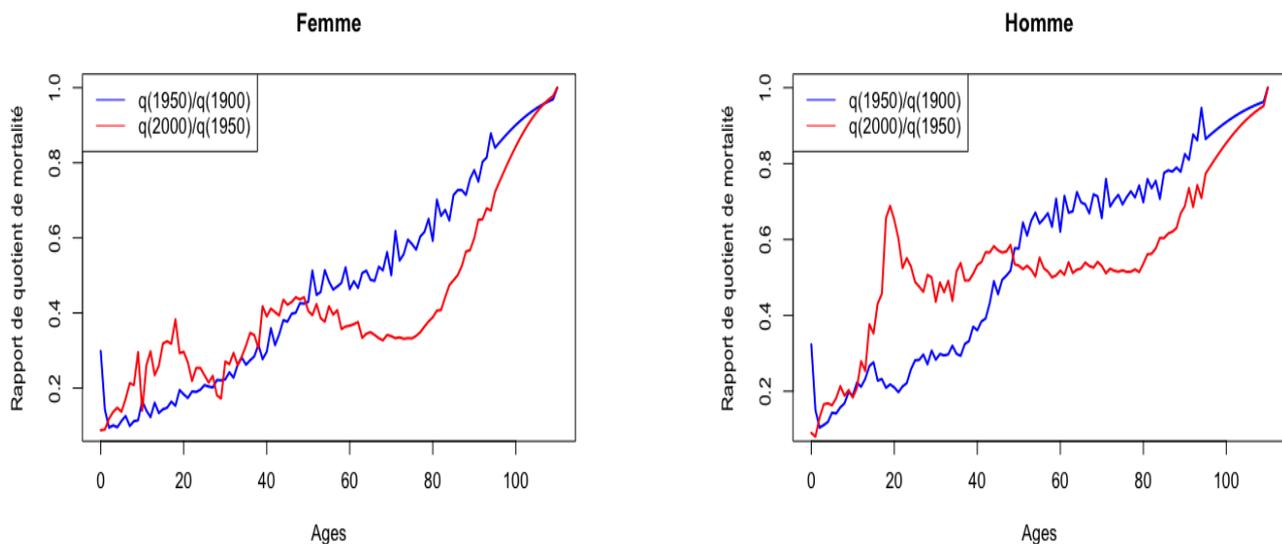


FIGURE 17 – Rapport des quotients de mortalité pour les femmes et les hommes

Source : Données de la Human Mortality Database

On observe la baisse de la mortalité a été plus significative pour les personnes de moins de 50 ans au cours de la première moitié du XXe siècle que pendant la seconde moitié. Ainsi, le ratio pour les femmes de 40 ans est de 0.29 pendant la première moitié du XXe siècle, alors qu'il est de 0.39 pendant la seconde partie du XXe siècle.

En revanche pour les plus de 50 ans, la seconde moitié du XXe siècle a été plus bénéfique que la première en termes d'amélioration de la mortalité. Par exemple, durant la première moitié du XXe siècle, le rapport pour les hommes âgés de 80 ans s'établit à 0.69, comparé à 0.53 au cours de la seconde moitié du siècle.

1.2 Baisse de la mortalité infantile

Le taux de mortalité infantile a atteint un niveau historiquement bas et suit une trajectoire descendante depuis le début du XXe siècle, malgré quelques pics notables à des intervalles spécifiques. Par exemple, la longue canicule de 1911 a provoqué une augmentation de la mortalité infantile due à la déshydratation et à la diarrhée. Le taux de mortalité infantile a également augmenté de manière significative pendant la pandémie de grippe espagnole en 1918 et pendant les deux guerres mondiales, comme le confère figure 18.

3. $\frac{q_x(1950)}{q_x(1900)}$ et $\frac{q_x(2000)}{q_x(1950)}$

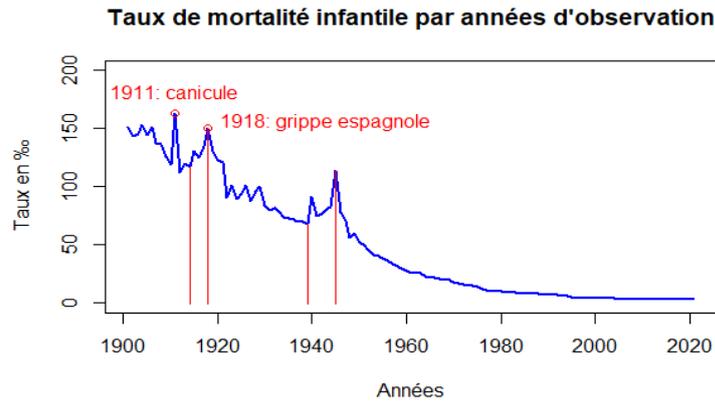


FIGURE 18 – Baisse du taux de mortalité infantile pour 1000 naissances vivantes depuis 1901 en France métropolitaine

Source : Insee, statistiques de l'état civil

En France, le taux de mortalité infantile s'est situé en moyenne autour de 14,3% entre 1901 et 1909. Cependant, il a diminué rapidement à partir de la fin des années 1910 pour atteindre la moitié de ce chiffre à la fin des années 1930 (environ 7%).

Pendant la Seconde Guerre mondiale, le taux de mortalité infantile a augmenté de 1941 à 1945 et a atteint un pic de 11,37% avant de diminuer régulièrement jusqu'en 2005. De 5,19 % en 1950, il est passé à 2,19% en 1965, puis à 1% en 1980. Le taux de mortalité infantile a continué à diminuer jusqu'à atteindre 0,36% en 2005, soit environ 35 fois moins qu'il y a un siècle. Cependant, depuis 2005, la tendance à la baisse de la mortalité infantile a ralenti et le taux est resté stable autour de 0,3% en France métropolitaine.⁴

1.3 Recul de la mortalité chez les jeunes

Nous nous intéressons ici à la mortalité des individus d'âges 5 ans et 15 ans. La figure 19 ci-dessous, représente l'évolution des taux de mortalités à 10 ans pour des individus des deux sexes, âgés respectivement de 5 et 15 ans.

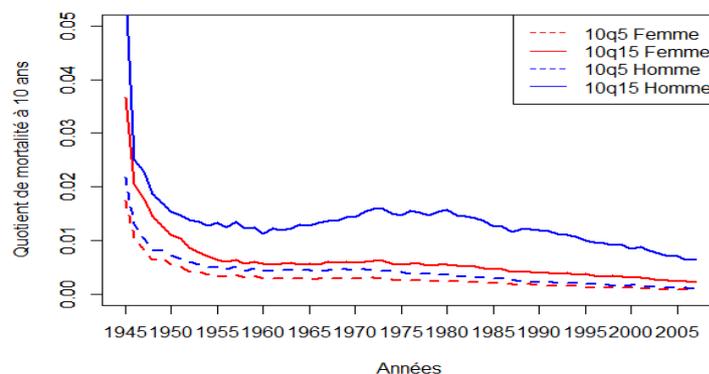


FIGURE 19 – Évolution des quotients de mortalité à 10 ans, par sexe, pour les jeunes de 5 et 15 ans pour la période d'observation de 1945 à 2007

Source : Données de la Human Mortality Database

4. la France métropolitaine se réfère au territoire français situé en Europe, à l'exclusion de ses territoires ultramarins.

Chez les jeunes de 5 ans, on observe une diminution rapide de la mortalité après la Seconde Guerre mondiale, suivie d'une longue période de stagnation de 1955 à 1970, puis d'une légère diminution. Il est intéressant de noter que plus récemment, la mortalité à ces âges est pratiquement la même pour les deux sexes. Nous nous intéressons à la mortalité des jeunes de 15 ans (la probabilité qu'ils décèdent entre 15 et 25 ans)

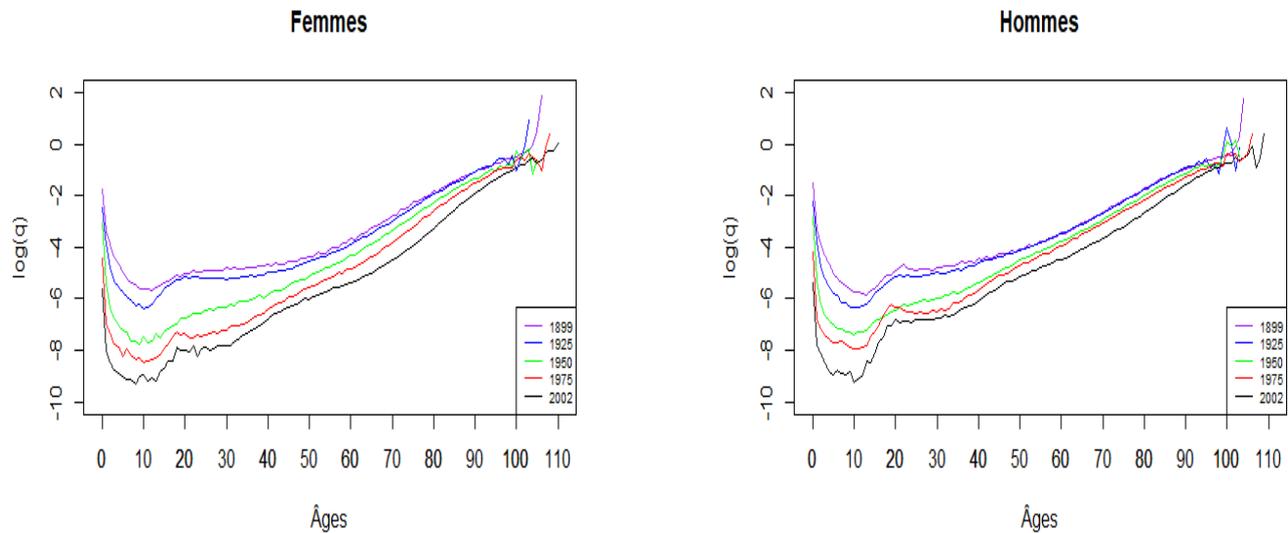


FIGURE 20 – Logarithme des taux instantanés de mortalité pour les femmes et pour les hommes
Source : Données de la Human Mortality Database

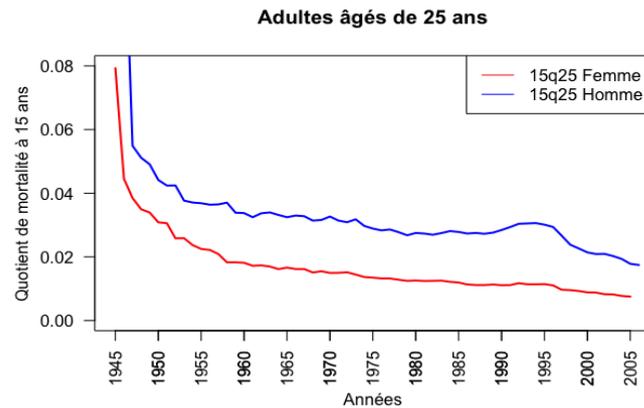
Pour les jeunes, on observe, après la baisse d'après-guerre, une nette augmentation de la mortalité, qui s'étend de 1960 à 1980. Cette hausse s'explique principalement par un nombre élevé de décès violents, tels que des accidents de la route et des suicides. En revanche, chez les femmes, ce phénomène est à peine perceptible. Il s'agit de la fameuse bosse accident qui s'observe mieux avec la représentation du logarithme des taux instantanés de mortalité. Sur la figure 20 qui montre que les taux de mortalité baissent, à tous les âges, suivant les années d'observation. On identifie bien cette bosse accident chez les hommes.

1.4 Chute de la mortalité chez l'adulte

Nous étudions la mortalité chez les adultes en utilisant, pour exemplifier, plusieurs âges. Cette approche est motivée par le fait que différentes tendances sont observées selon les tranches d'âges considérées. Cette distinction des données, réduit la fluctuation des résultats et renforce leur fiabilité.

1.4.1 Mortalité entre 25 et 40 ans

La figure 21 ci-dessous, représente l'évolution des taux de mortalités à 15 ans pour des individus des deux sexes, âgés de 25 ans.

FIGURE 21 – Évolution des quotients de mortalité $_{15}q_{25}$ pour les deux sexes entre 1945-2005

Source : Données de la Human Mortality Database

L'écart entre les genres se matérialise entre 25 et 40 ans. En effet, après une diminution significative chez les deux sexes jusqu'en 1960, la baisse est moins prononcée, mais constante chez les femmes. En revanche, chez les hommes, on observe une augmentation de la mortalité pendant la période 1985-1995, correspondant à l'émergence du virus du SIDA. Depuis les années 2000, il semble que l'écart de mortalité se réduise progressivement. En effet, on a :

Années	Taux de mortalité à 15 ans (homme)	Taux de mortalité à 15 ans (femme)	Écart
1950	4.2%	3.1%	1.1%
1980	2.7%	1.3%	1.4%
2000	2.1%	0.9%	1.2%
2005	1.7%	0.8%	0.9%

TABLE 1 – Écarts entre les deux sexes

1.4.2 Mortalité entre 40 et 55 ans

La figure 22 ci-dessous, représente l'évolution des taux de mortalités à 15 ans pour des individus des deux sexes, âgés de 40 ans suivant les années d'observation de 1946 à 2006.

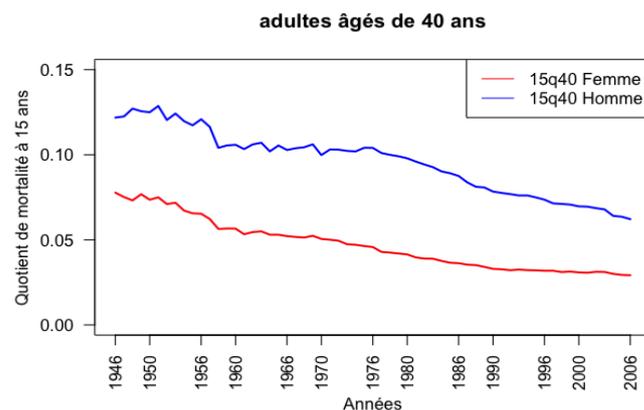


FIGURE 22 – Évolution des quotients de mortalité à 15 ans pour les deux sexes entre 1946-2006

Source : Données de la Human Mortality Database

Nous pouvons observer des schémas singuliers dans les taux de mortalité masculins. Entre 1946 et 1975, il y a deux paliers, séparés par une chute en 1958. En revanche, les femmes ont connu une décroissance plus régulière depuis 1946, avec une pente moins prononcée que celle des hommes.

Ces paliers sont le résultat de variations distinctes dans les causes de décès. La chute de 1958 peut s'expliquer par une baisse temporaire des maladies cardiovasculaires et de l'alcoolisme. La décroissance observée à partir de 1975 peut être attribuée à une diminution de toutes les principales causes de décès, après une augmentation impressionnante des décès liés aux tumeurs malignes (Ined, 2017, "Causes de décès depuis 1950"). Une réduction récente de l'écart entre les deux sexes peut également être notée, comme indiqué par le tableau suivant :

Années	Taux de mortalité à 15 ans (Homme)	Taux de mortalité à 15 ans (Femme)	Ecart
1950	12,50%	7,40%	5,10%
1980	9,80%	4,10%	5,70%
2000	6,90%	3,10%	3,80%
2005	6,40%	2,90%	3,50%

TABLE 2 – Écarts entre les deux sexes.

1.4.3 Mortalité entre 55 et 75 ans

La figure 23 ci-dessous, représente l'évolution des taux de mortalités à 20 ans pour des individus des deux sexes, âgés de 55 ans. Une fois de plus, nous pouvons constater la tendance régulière à la baisse des taux de mortalité chez les femmes, tandis que chez les hommes, nous observons un schéma similaire de palier jusqu'en 1970, suivi d'une diminution constante qui réduit l'écart entre les deux sexes (confère tableau 3).

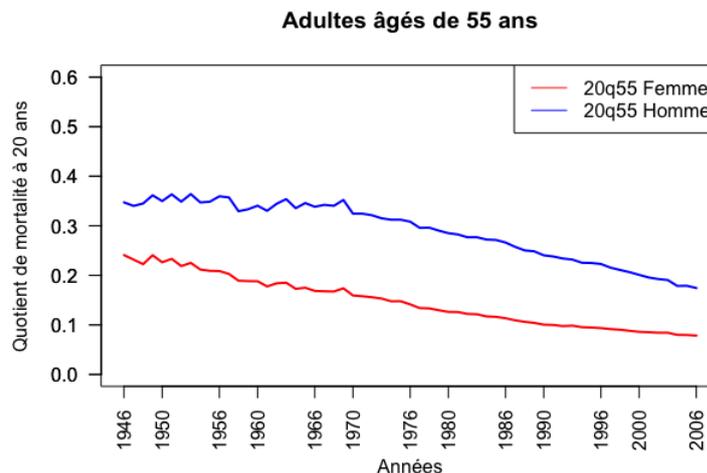


FIGURE 23 – Évolution des quotients de mortalité $_{20q55}$ pour les deux sexes entre 1946-2006

Source : Données de la Human Mortality Database

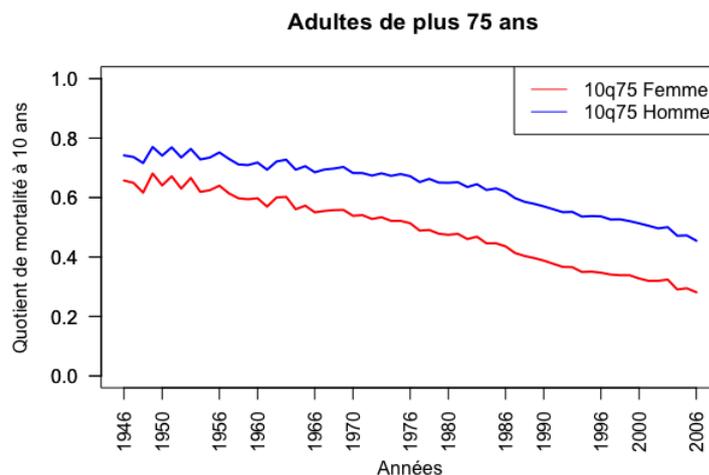
Chez les hommes, jusqu'en 1970, les mêmes causes, bien qu'ayant des effets différents, produisent des résultats similaires à ceux âgés de 40 ans. En revanche, à partir de 1970, deux facteurs contribuent à une baisse significative de la mortalité globale : l'arrêt de la progression des tumeurs malignes et une diminution marquée de la mortalité cardiovasculaire.(Ined, "Causes de décès depuis 1950").

Années	Taux de mortalité à 15 ans (Homme)	Taux de mortalité à 15 ans (Femme)	Ecart
1950	34,90%	22,60%	12,30%
1980	28,50%	12,60%	15,90%
2000	20,10%	8,60%	11,50%
2005	17,90%	7,90%	10,00%

TABLE 3 – Écarts entre les deux sexes.

1.4.4 Mortalité entre 75 ans et 85 ans

La figure 24 ci-dessous, représente l'évolution des taux de mortalités à 10 ans pour des individus des deux sexes, âgés de 75 ans.

FIGURE 24 – Évolution des quotients de mortalité $_{10}q_{75}$ pour les deux sexes entre 1946-2006

Source : Données de la Human Mortality Database

La baisse de la mortalité est observée de manière régulière chez les deux sexes, avec une accélération à partir de 1985. Bien que la baisse soit plus rapide chez les femmes, elle reste importante pour les hommes.

Chez les personnes âgées, la diminution constante de la mortalité est principalement due au recul des maladies cardio vasculaires, qui constituent la cause principale de mortalité à ces âges. Toutefois, chez les hommes, cette baisse a été ralentie par une augmentation de la mortalité due aux tumeurs malignes jusqu'en 1990, ainsi qu'une stagnation, plus marquée que chez les femmes, des maladies respiratoires. Depuis les années 1990, on observe une régression des tumeurs malignes chez les hommes, ce qui a permis de stopper l'aggravation de l'écart entre les deux sexes (Ined, 2017 "Causes de décès depuis 1950").

Chapitre 2

Analyse de la mortalité au début du XXI^e siècle.

2.1 Ralentissement dans les gains de survie

Dans le chapitre précédent, nous avons examiné comment les taux de mortalité ont généralement diminué. Nous avons également constaté que les progrès réalisés dans la lutte contre les maladies infectieuses, les maladies cardiovasculaires et les cancers ont contribué à la poursuite de la baisse de la mortalité chez les adultes à partir des années 1970. Cette diminution est plus prononcée pour les femmes que chez les hommes, comme le montre la figure 25. Cependant, on observe un ralentissement net à partir de 2011 à tous les âges.

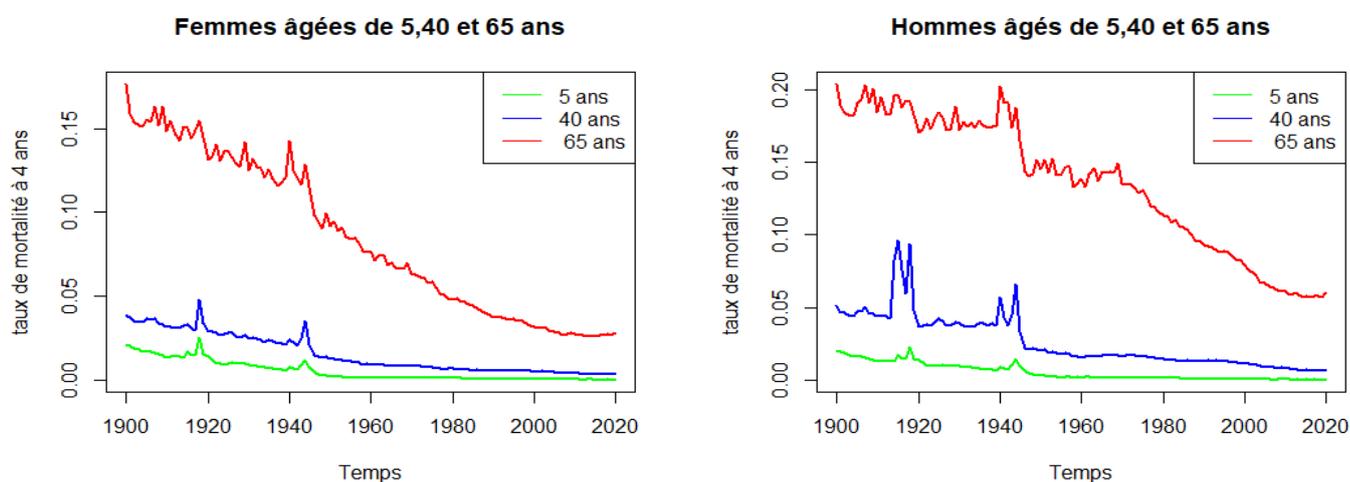


FIGURE 25 – Ralentissement de l'amélioration de la mortalité en France
Source : Données de la Human Mortality Database

De nombreux pays développés ont également fait face à un ralentissement des progrès en termes de mortalité. Par exemple, en Angleterre et au Pays de Galles, bien que les taux de mortalité standardisés (TMS) aient connu une baisse depuis 2011, cette diminution s'est produite à un rythme considérablement plus lent que lors de la décennie précédente¹

Le TMS (Taux de Mortalité Standardisé) est un indicateur qui mesure le taux de mortalité qui serait observé si la population étudiée avait la même répartition par âge que la population standard. Il

1. "Deaths registered in England and Wales: 2017"; Office for National Statistics (ONS), juillet 2018

permet de mettre en évidence les différences réelles de mortalité qui ne sont pas uniquement liées aux variations de l'âge. De plus, le TMS facilite la comparaison des niveaux de mortalité dans le temps ou entre différentes populations. Les populations types les plus couramment utilisées sont celles définies par l'Organisation Mondiale du Tourisme (OMT), qui comprennent des populations types mondiales et européennes. Il est généralement exprimé en nombre de décès pour 1000 personnes. La figure 26 suivante représente le nombre de décès enregistrés au cours d'une année pour 1000 personnes. On observe : Une tendance à la baisse qui est rompue à partir de 2004, puis un ralentissement de l'amélioration des taux entre 2004 et 2014, et enfin une remontée des taux bruts de mortalités, après 2014 relative, aux nombres élevés des décès aux années 2015, 2017, 2019 et 2020.

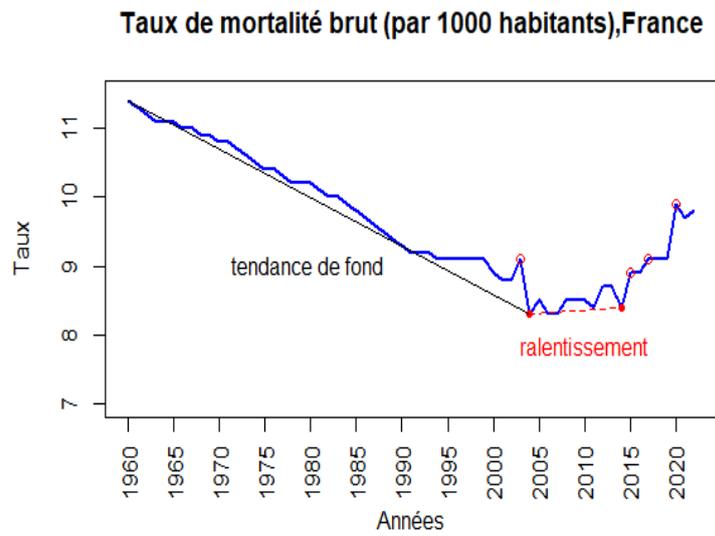


FIGURE 26 – Mise en évidence du ralentissement de l'amélioration des taux bruts de mortalité pour 1000 habitants en France

Source : Perspective Monde

Des tendances similaires de ralentissement de l'amélioration du taux de mortalité (AM), qui mesure l'évolution relative annuelle du taux de mortalité, ont également été observées dans d'autres pays tels que les États-Unis, l'Allemagne et la France, où l'AM est proche de zéro. Dans la plupart des pays, le ralentissement de l'AM a été plus marqué chez les personnes âgées, et il a également été plus prononcé chez les femmes que chez les hommes ([National Statistics for, 2018](#)).

Formellement, on définit l'amélioration annuelle de la mortalité comme $1 - \frac{m_t}{m_{t-1}}$ où m_t est le taux de mortalité de l'année t . Ainsi, si le taux de mortalité reste inchangé, l'amélioration annuelle de la mortalité est égale à zéro. Si le taux de mortalité diminue, par exemple, de 10 à 9.8 pour 1 000 personnes, le taux d'amélioration annuelle de la mortalité est de $1 - \frac{9.8}{10} = 2\%$. De la même manière, si le taux de mortalité augmente d'une année à l'autre, le taux d'amélioration annuelle de la mortalité affiche une valeur négative.

La figure 27 représente le ralentissement de l'amélioration des taux de mortalité standardisés (en pourcentage) pour quelques pays d'Europe. Les lignes grises représentent la forte volatilité des taux annuels d'amélioration. Les taux ont été standardisés en utilisant la population des États-Unis en 2016.

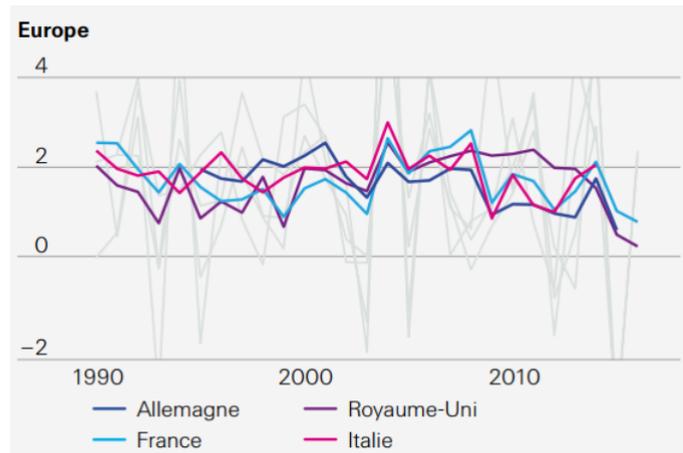


FIGURE 27 – Ralentissement de l'amélioration des TMS pour quelques pays de l'Europe.

Source : Human Mortality Database, estimations du Swiss Re Institute.

2.2 Augmentation lente de l'espérance de vie en France

Les changements observés dans les tendances de mortalité se traduisent également par des modifications dans les tendances de l'espérance de vie, car les taux de mortalité sont pris en compte dans son calcul.

L'espérance de vie à la naissance représente la durée de vie moyenne d'une population fictive qui vivrait dans les mêmes conditions de mortalité que celles observées pendant une année spécifique. Si les conditions de mortalité restent constantes, cette durée de vie moyenne s'applique. Cependant, si les progrès se poursuivent, il est possible que la durée de vie moyenne augmente. À l'inverse, si les conditions se détériorent, la durée de vie moyenne pourrait diminuer.

Pour calculer l'espérance de vie à l'âge x , au cours d'une année donnée, on utilise les probabilités de décéder dans l'année² pour les personnes qui atteignent cet âge spécifique. La formule utilisée est la suivante :
$$E(x) = \sum_{k=x}^{\infty} \prod_{i=x}^k p_i = \sum_{k=x}^{\infty} \prod_{i=x}^k (1 - q_i).$$

Ce calcul permet de filtrer les fluctuations de la mortalité qui sont dues aux variations de la taille de la population et à sa répartition par âge, afin de mettre en évidence uniquement les changements liés à l'évolution des risques de décès.

Selon l'Insee, l'espérance de vie à la naissance s'élève à 79.6 ans pour les hommes et 85.5 ans pour les femmes en 2018, comparé à 79.5 ans et 85.3 ans respectivement en 2017. Cela représente un gain de 0.1 an pour les hommes et 0.2 an pour les femmes.

Au cours des dernières années, il y a eu trois épidémies de grippe qui ont causé environ 20 000 décès supplémentaires à chaque fois. En conséquence, l'espérance de vie à la naissance a diminué de 0.1 à 0.3, bien que cet effet soit conjoncturel. Il faut noter que d'autres facteurs ont également contribué au ralentissement des progrès de l'espérance de vie.

Les progrès dans la prévention et le traitement des maladies cardiovasculaires ont contribué à augmenter l'espérance de vie, mais ces améliorations ont atteint leurs limites. Les cancers sont désormais la principale cause de décès, avec une augmentation notable des cancers liés au tabagisme chez les femmes. Selon l'Ined, la lutte contre le cancer est cruciale pour stimuler une hausse significative de l'espérance de vie.

2. Après une certaine date, la probabilité de décéder utilisée dans le calcul est projective.

La figure 28, représente l'espérance de vie à la naissance et à 65 ans des femmes et hommes en France.

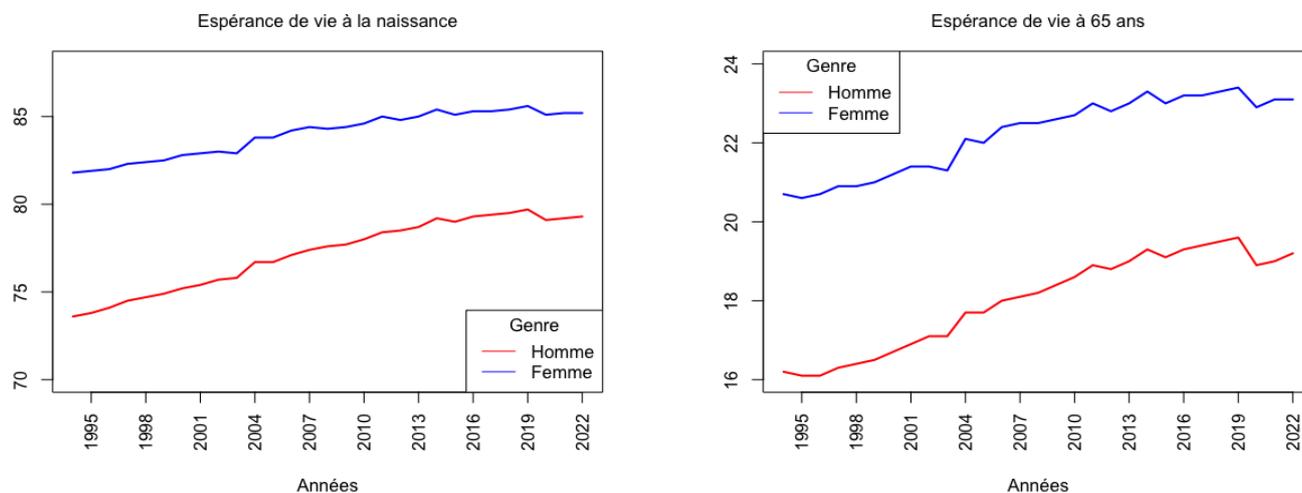


FIGURE 28 – Espérance de vie à la naissance à gauche et à 65 ans à droite

Source : Insee, estimations de la population et statistiques de l'état civil.

Nous observons que depuis 2019, la progression est moins rapide par rapport aux années passées. Cela est dû en partie à la pandémie de Covid-19. En 2022, l'espérance de vie à la naissance s'élève à 85.2 ans pour les femmes et à 79.3 ans pour les hommes. Les femmes ont gagné 0.1 an d'espérance de vie par rapport à 2021, tandis que les hommes ont gagné 0.2 an. Cependant, malgré ces gains, l'espérance de vie ne retrouve pas son niveau d'avant la pandémie, avec 85.6 ans pour les femmes en 2019 et 79.7 ans pour les hommes.

De plus, en 2022, les espérances de vie à 65 ans ont également augmenté par rapport à 2020. Pour les femmes, elle est passée de 22.9 ans à 23.1 ans, soit une augmentation de 0.2 an. Quant aux hommes, leur espérance de vie à 65 ans est passée de 18.9 ans à 19.2 ans, soit une augmentation de 0,3 an. L'espérance de vie des femmes à l'âge de 65 ans demeure inchangée entre 2021 et 2022, restant à 23.1 ans. Pour les hommes, cependant, il y a eu une augmentation de 0.2 an au cours de cette période, passant de 19 à 19.2 ans.

2.3 Mortalité en France sur la période 2020-2022

Dans cette partie, nous traitons des tendances de mortalité observées entre 2020 et 2022. Nous essayons ensuite d'établir une comparaison avec des événements antérieurs qui ont marqué la mortalité en France.

La figure 29, représente le nombre de décès annuels en France, pour les années d'observation allant de 1982 à 2022.

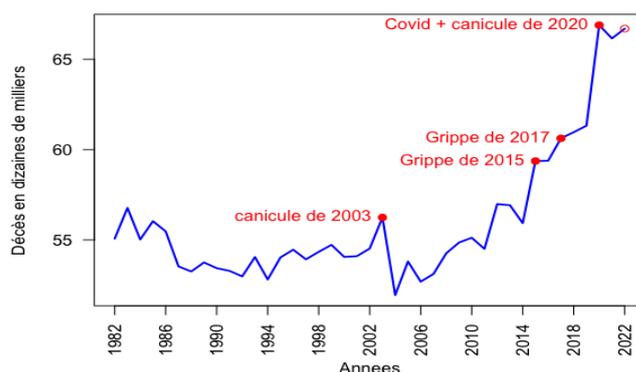


FIGURE 29 – Nombre de décès en France, de 1982 à 2022

Source : Insee, statistiques de l'état civil.

La tendance à la baisse, observée depuis 1982, est nettement inversée à partir de 2004. Le nombre de décès a tendance à augmenter en raison de l'arrivée aux âges de forte mortalité des générations nombreuses du baby-boom.

Entre 2004 et 2014, on observait une augmentation moyenne annuelle de 0,7 %, puis une augmentation de 1,9 % entre 2014 et 2019. Cependant, l'année 2020 a connu une augmentation exceptionnelle en raison de l'épidémie de Covid-19, dépassant largement les tendances précédentes.

En 2022, la France a enregistré 675 000 décès, soit 53 800 de plus que prévu. L'écart par rapport aux prévisions (+8,7%) est plus important que celui enregistré en 2021 (+6,9%) et en 2020 (+7,8%). Bien que le nombre de décès liés au Covid-19 ait nettement diminué en 2022³, la surmortalité constatée, est attribuée aux effets indirects de la pandémie, tels que les épidémies de grippe et les fortes chaleurs, ainsi qu'aux conséquences comme les reports d'opérations et les baisses de dépistage d'autres maladies.

Toutefois, la comparaison des nombre de décès en absence de la population sous risque de chaque année, ne donne pas une information cohérente de l'évolution de la mortalité, c'est pourquoi nous comparons l'évolution des taux de mortalité brute pour 1000 habitants. La figure 30 est une illustration de la variation des taux de mortalité pour les années d'observation de 1960 à 2022.

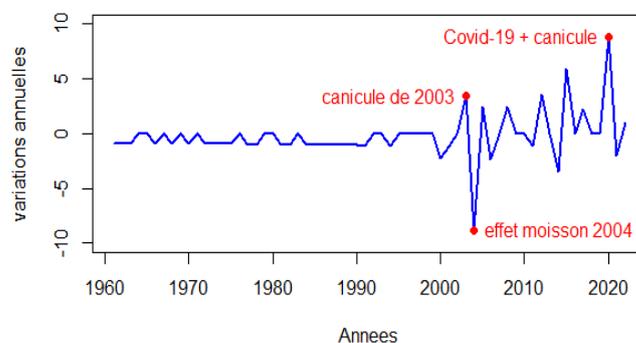


FIGURE 30 – Variations annuelles des taux de mortalité de 1960 à 2022

Source : Données de l'Insee.

3. passant de 59 100 en 2021 à 38 300, d'après les chiffres de Santé Publique France)

On observe une certaine instabilité. Des fluctuations significatives du taux moyen de mortalité d'une année à l'autre se produisent, où certaines années se caractérisent par une surmortalité notable en raison d'événements spécifiques tels qu'une épidémie de grippe ou une vague de chaleur, tandis que les années suivantes peuvent présenter une sous-mortalité pendant une ou deux années consécutives, ce qui est souvent appelé l'effet « moisson ». Ceci est dû à un effet de "compensation".

La déviation observée en 2020 est comparable⁴ à celle de l'année 2004, où la mortalité avait été significativement inférieure en raison de l'effet "moisson" provoqué par la canicule de 2003. Des personnes âgées sont décédées en 2003, qui sans l'effet de la canicule serraient peut-être décédées en 2004.

Le tableau 4 établit le niveau de la surmortalité en France en 2020 par rapport aux années 2018 et 2019, à partir des données de l'INSEE.

	2018	2019	2020
Taille de la population	66 777 066	66 978 000	67 063 703
Nombre de décès	604 606	608 011	659 941
Taux de mortalité global	0.91%	0.91%	0.98%
Excédent de mortalité (nombre)	55 335	51 930	
Excédent de mortalité (taux additionnel)	0.08%	0.08%	
Surmortalité relative	9.2%	8.5%	

TABLE 4 – Surmortalité en France en 2020 relativement aux années 2018 et 2019.

Source : *Mortalité en France 2020, Frédéric PLANCHET*

Les trois dernières lignes du tableau 4 montrent que l'augmentation de la mortalité en 2020 est inférieure à 8.5% par rapport à 2019 et de 9.2% par rapport à 2018. En exprimant cette augmentation en termes de taux de décès supplémentaires par rapport aux taux de décès observés, on constate un excès de mortalité de 0,08% par rapport à 2018 et 2019. Pour évaluer la gravité de ce niveau, on peut le comparer à celle de la grippe de Hong-Kong de l'hiver 1969-1970.

Excédent de mortalité grippe de Hong-Kong (1969-1970)	40 000
Taille de la population en 1970	50 763 920
Excédent de mortalité (taux additionnel)	0.08%

TABLE 5 – Surmortalité de la grippe de Hong-Kong, en France en 1970, relativement à 1960.

Source : *Mortalité en France 2020, Frédéric PLANCHET*

Bien que l'évaluation de la mortalité toutes causes en France pour l'année 2020 et celle de l'épidémie de grippe de Hong-Kong, qui s'étend sur deux années, puissent sembler différentes à première vue, en supposant de manière raisonnable que la surmortalité de 2020 est attribuable à la pandémie de Covid-19, on peut en conclure que les deux événements présentent des niveaux de gravité similaires sur une période d'un an.

La figure 31 représente le pourcentage de décédés induits par la Covid-19, par tranche d'âge depuis mars 2020.

4. la déviation en 2020 est de même ordre que celle de 2004.

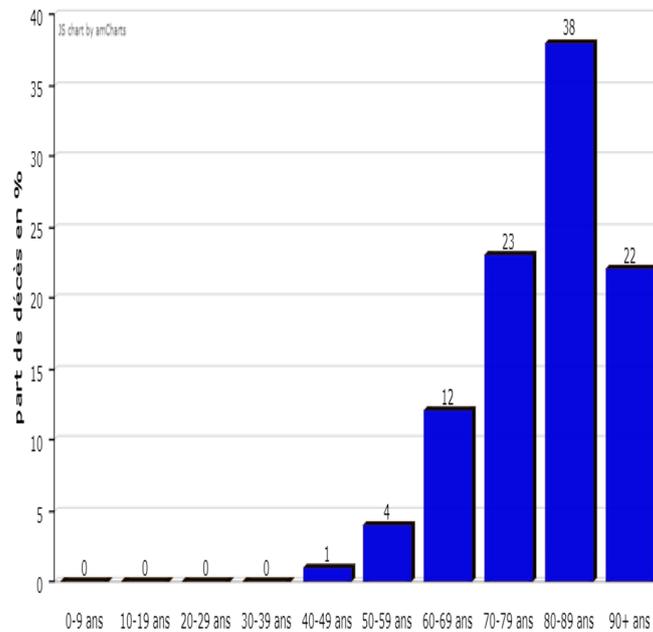


FIGURE 31 – Part de décès dûs à la Covid-19, en France, par tranche d'âge depuis mars 2020.

Source : Santé publique France, Institut National d'Études Démographiques.

On observe qu'elle est fortement influencée par l'âge. En France, 95% des décès surviennent chez les personnes de 60 ans et plus, 4% se situent dans la tranche d'âge de 50 à 59 ans, et seulement 1%, concernent les personnes de moins de 49 ans.

La majorité des décès enregistrés avant l'âge de 65 ans sont étroitement liés à des comorbidités telles que l'hypertension, l'obésité, le diabète, etc. Globalement, seuls 3 à 4% des personnes décédées de la Covid-19 ne présentaient aucune comorbidité. Ces observations nous conduisent donc à déduire que, d'un point de vue statistique, les personnes de moins de 65 ans sans comorbidité ne sont pas exposées à un risque majeur.

Deuxième partie

Détermination d'une tendance à l'aide d'un modèle de mortalité

Chapitre 1

Description des données de modélisation

Dans ce chapitre, nous présentons deux approches de projections de la mortalité future, à partir d'un historique de mortalité observée, puis nous décrivons les données qui seront utilisées pour la modélisation de la mortalité.

1.1 Les différentes approches de projections de la mortalité

Un modèle de mortalité doit être en mesure de prendre en compte de manière précise les caractéristiques liées à l'âge et au temps calendaire afin de prédire les taux de mortalité futurs et d'évaluer les risques associés. Pour faire les projections, nous retenons l'approche par extrapolation qui repose sur l'idée que les tendances futures suivront celles du passé. Elle se base sur des modèles mathématiques, qui cherchent à reproduire et anticiper les tendances persistantes de mortalité. Ces modèles vont des extrapolations linéaires simples aux méthodes à deux ou trois facteurs (âge-période-cohorte) basées sur la théorie des séries temporelles et des modèles linéaires généralisés. La qualité des données et la période d'observation ont un impact significatif sur les résultats de projection.

1.2 Description des données

Les informations historiques utilisées ont été obtenues à partir de la base de données de l'HMD, également connue sous le nom de Human Mortality Database (www.mortality.org). Pour chaque année entre 1816 et 2020, ainsi que pour chaque tranche d'âge allant jusqu'à "110 ans et plus", nous avons pu accéder à des données telles que le nombre de décès, l'exposition au risque et les tables de mortalité.

Dans le cadre de notre étude, nous avons utilisé des données spécifiques concernant la population française, tant pour les hommes que pour les femmes, pour la période s'étalant de 1950 à 2020. Ces données couvrent la tranche d'âge allant de 0 à 100 ans.

Nous rappelons les quantités décrivant la mortalité à la fois en fonction de l'âge x et de la date d'observation t (en année) :

- **Le taux de décès brut** $m_{x,t}$ à l'âge x (entier) durant l'année t est défini par :

$$m_{x,t} = \frac{\text{Nombre de décès durant l'année } t \text{ d'individus d'âge } x \text{ à leur dernier anniv.}}{\text{Nombre moyen de personnes d'âges } x \text{ durant l'année } t}$$

- **Le taux de mortalité** $q_{x,t}$ est la probabilité qu'un individu d'âge exact x à l'instant exact t décède durant l'intervalle de temps $[t, t + 1[$.

- **La force de mortalité** $\mu_{x,t}$ est le taux de mortalité instantané de mortalité, qui vérifie $\mathbb{P}[\text{décéder entre } t \text{ et } t + dt, \text{ à l'âge } x] \simeq \mu_{x,t}$

En prenant comme hypothèses :

- La constance de la fonction de hasard par morceaux : pour tout (t, x) entiers, $\mu_{t+s, x+u} = \mu_{x,t}$ pour tout $(s, u \in [0, 1])$
- La population est stationnaire : la répartition par âge reste constante dans le temps.
Alors, nous avons :

$$m_{x,t} = \mu_{x,t}$$

$$q_{x,t} = 1 - \exp(-\mu_{x,t}) = 1 - \exp(-m_{x,t})$$

Même si ces hypothèses ne sont pas strictement vérifiées, les deux égalités qui en découlent restent approximativement valides sur les données réelles.

La figure 32 illustre comment les taux de mortalité bruts évoluent pour la population féminine à gauche et masculine à droite, en fonction de l'âge et des années sur la période d'étude de 1950 à 2000.

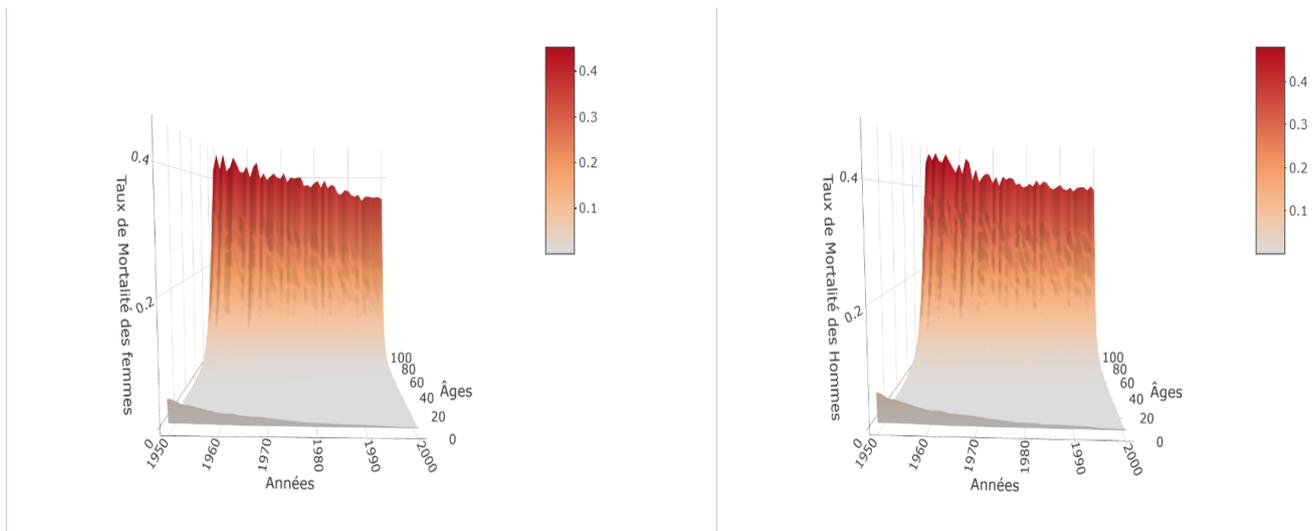


FIGURE 32 – Taux bruts de mortalité des hommes et des femmes sur la période d'observation allant de 1950 à 2020

Source : Insee, estimations de la population et statistiques de l'état civil.

Les graphiques mettent en évidence deux caractéristiques de l'évolution de la mortalité :

- Il y a une augmentation du taux de mortalité avec l'âge, avec un taux relativement élevé pour les nouveau-nés, suivi d'une croissance progressive au fur et à mesure que l'âge augmente ;
- On observe une diminution à âge égal du taux de mortalité au fil du temps, ce qui indique une amélioration de la longévité tant pour la mortalité infantile que pour les groupes d'âges plus élevés.

Chapitre 2

Analyse des paramètres du modèle de Lee-Carter

Dans cette partie, nous ajusterons les paramètres du modèle de Lee-Carter, considéré comme le modèle stochastique le plus simple pour modéliser la mortalité, lorsque nous souhaitons prendre en considération l'année d'observation. Ensuite, nous présenterons des limites et améliorations possibles de ce modèle.

2.1 Présentation du modèle de Lee-Carter

Le modèle développé par Lee et Carter (1992) est une méthode d'extrapolation des tendances passées. La modélisation retenue pour le taux instantané de mortalité est :

$$\mu_{x,t} = \exp(\alpha_x + \beta_x k_t)$$

A partir des valeurs estimées des taux de mortalité, on peut écrire :

$$\ln \hat{\mu}_{x,t} = \alpha_x + \beta_x k_t + \varepsilon_{x,t} \quad (2.1)$$

Où les variables aléatoires $\varepsilon_{x,t}$ sont indépendantes et identiquement distribuées suivant une loi $N(0, \sigma^2)$. Le modèle (2.1) exprime le logarithme du taux instantané de mortalité dépendant de quatre paramètres :

- α_x et β_x représentent l'impact de l'âge sur le taux instantané de mortalité ;
- k_t représente l'impact de l'année d'observation sur le taux instantané ;
- $\varepsilon_{x,t}$ représente l'erreur de modèle qui peut être faite durant l'estimation des paramètres.

Il s'agit donc d'ajuster à la série des logarithmes des taux instantanés une structure paramétrique combinée à un phénomène aléatoire.

Pour déterminer les paramètres du modèle, on dispose :

- Des années d'observations : $\{t_m, t_{m+1}, \dots, t_M\}$;
- D'une plage d'âges : $\{x_m, x_{m+1}, \dots, x_M\}$;
- Des taux de mortalités observés : $\{\mu_{x_m}(t_m), \dots, \mu_{x_M}(t_M)\}$

Nous adopterons les notations $N_t = t_M - t_m + 1$ et $N_x = x_M - x_m + 1$, où : t_M , t_m , x_M , x_m représente respectivement l'année maximale, l'année minimale, l'âge maximal et l'âge minimal.

On peut alors représenter la mortalité par une matrice de taille $N_x \times N_t$ définie par :

$$\begin{pmatrix} \mu_{x_m}(t_m) & \cdots & \mu_{x_m}(t_M) \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \mu_{x_M}(t_m) & \cdots & \mu_{x_M}(t_M) \end{pmatrix}$$

Un modèle est identifiable lorsqu'il n'est pas possible de trouver deux jeux de paramètres différents conduisant à la même valeur de la variable à expliquer. Or, ici, le modèle (2.1) n'est pas identifiable puisqu'en prenant : $\forall c \in \mathbb{R}^*$ ($\alpha_x, \frac{\beta_x}{c}, ck_t$) ou $\forall c \in \mathbb{R}$ ($\alpha_x - c\beta_x, \beta_x, k_t + c$) comme paramètres nous retrouvons la même valeur de $\ln \widehat{\mu_{x,t}}$. Pour pallier à ce problème d'identification, Lee et Carter ont donc proposé d'ajouter les contraintes suivantes :

$$\sum_{x=x_m}^{x_M} \beta_x = 1. \quad (2.2)$$

$$\sum_{t=t_m}^{t_M} k_t = 0. \quad (2.3)$$

L'interprétation des paramètres est la suivante :

- α_x : est la valeur moyenne temporelle des $\ln \widehat{\mu_{x,t}}$ pour l'âge x. En effet, grâce à la contrainte (2.3) et en supposant les termes d'erreurs négligeables, on obtient, d'après(2.1) que :

$$\sum_{t=t_m}^{t_M} \ln \widehat{\mu_{x,t}} = \sum_{t=t_m}^{t_M} (\alpha_x + \beta_x k_t) = \alpha_x N_t + \beta_x \sum_{t=t_m}^{t_M} k_t = \alpha_x N_t$$

D'où

$$\alpha_x = \frac{1}{N_t} \sum_{t=t_m}^{t_M} \ln \widehat{\mu_{x,t}}$$

- k_t : est l'indice de mortalité qui décrit l'évolution générale de la mortalité à travers le temps.

On pourra remarquer que dans le cadre des projections, c'est la modélisation de ce paramètre qui permettra d'explorer de nouveaux modèles.

- β_x : est la sensibilité pour chaque âge x des logarithmes des taux de mortalité par rapport à la composante temporelle k_t , formellement :

$$\frac{\partial \ln \widehat{\mu_{x,t}}}{\partial k_t} = \beta_x$$

Cette variable traduit le fait que tous les âges ne profitent pas de la même façon de l'amélioration de la mortalité. Si β_x est négatif, alors $\mu_{x,t}$ réagira d'une manière opposée à l'évolution générale de la mortalité. Plus la valeur absolue du coefficient β_x sera élevée, plus $\mu_{x,t}$ prendra en compte les modifications de la mortalité.

- $\varepsilon_{x,t}$: désigne les termes d'erreurs qui captent les résidus. L'hypothèse d'homoscédasticité est forte en pratique, puisque le logarithme du taux de mortalité a une variabilité plus importante aux âges élevés qu'aux âges jeunes par manque de nombre d'observations.

2.1.1 Estimation des paramètres

Pour estimer les paramètres (α_x, β_x, k_t) , on doit résoudre la minimisation de la variance des erreurs. Par le critère des moindres carrés ordinaires, il s'agit de résoudre le problème d'optimisation suivant :

$$\left(\widehat{\alpha}_x, \widehat{\beta}_x, \widehat{k}_t\right) = \underset{\alpha, \beta, k}{\operatorname{argmin}} L(\alpha, \beta, k) = \underset{\alpha, \beta, k}{\operatorname{argmin}} \sum_{t=t_m}^{t_M} \sum_{x=x_m}^{x_M} (\ln \widehat{\mu}_{x,t} - \alpha_x - \beta_x k_t)^2 \quad (2.4)$$

Une solution de (2.4) existe et est unique grâce aux contraintes 2.2 et 2.3.

Estimons d'abord α_x :

$$\begin{aligned} \frac{\partial L(\alpha, \beta, k)}{\partial \alpha} &= \partial_{\alpha_x} \left(\sum_{t=t_m}^{t_M} \sum_{x=x_m}^{x_M} (\ln \widehat{\mu}_{x,t} - \alpha_x - \beta_x k_t)^2 \right) \\ &= \sum_{t=t_m}^{t_M} \sum_{x=x_m}^{x_M} \partial_{\alpha_x} (\alpha_x^2 - 2\alpha_x (\ln \widehat{\mu}_{x,t} - \beta_x k_t) + (\ln \widehat{\mu}_{x,t} - \beta_x k_t)^2) \\ &= \sum_{t=t_m}^{t_M} (2\alpha_x - 2(\ln \widehat{\mu}_{x,t} - \beta_x k_t)) \\ &= 2N_t \alpha_x - 2 \sum_{t=t_m}^{t_M} (\ln \widehat{\mu}_{x,t} - \beta_x k_t) \end{aligned}$$

En tenant compte de la condition $\sum_{t=t_m}^{t_M} k_t = 0$. On obtient l'estimation de α_x suivante :

$$\widehat{\alpha}_x = \frac{1}{N_t} \sum_{t=t_m}^{t_M} \ln \widehat{\mu}_{x,t} \quad (2.5)$$

Estimons ensuite β_x et k_t

Nous considérons la matrice $Z = (z_{x,t})$ des taux centrés par rapport à la dimension temporelle :

$$z_{x,t} = \ln \widehat{\mu}_{x,t} - \widehat{\alpha}_x \quad (2.6)$$

Nous cherchons une approximation de cette matrice en un produit de deux vecteurs de la forme $Z \approx \widehat{\beta} \widehat{k}'$, de sorte que la décomposition soit optimale au sens du critère des moindres carrés, c'est-à-dire qui explique le mieux possible la variance totale. Pour résoudre ce problème, il faut passer à la décomposition en valeurs singulières (SVD¹) de la matrice Z , sous la forme

$$Z = \sum_i \sqrt{\lambda_i} v_i u_i' \quad (2.7)$$

Où $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq 0$ sont les valeurs propres de $Z'Z$. u_i le vecteur propre normé de $Z'Z$ associé à la valeur propre λ_i . v_i le vecteur propre normé associé à la même valeur propre mais pour la matrice ZZ' . En effet, nous avons $Z'Z u_i = \lambda_i u_i$ et en posant $v_i = \frac{1}{\sqrt{\lambda_i}} Z u_i$, on remarque que $Z u_i u_i' = \sqrt{\lambda_i} v_i v_i'$.

Ainsi en sommant et tenant compte du fait que $\sum_i u_i u_i' = I$, (car les vecteurs u_i forment une

1. Pour plus de détails sur la SVD confère annexe 3.2.4

base orthonormée.) on a : $\sum_i Z u_i u_i' = Z = \sum_i \sqrt{\lambda_i} v_i u_i'$ On introduit² alors la mesure du taux d'inertie, aussi appelé pourcentage de variance, expliquée définie par :

$$\tau_i = \frac{\lambda_i}{\sum_i \lambda_i} \quad (2.8)$$

Et on remarque que, si $\tau_1 \sim 1$, on peut faire l'approximation qui justifie la construction du modèle original de Lee-Carter à 1 facteur :

$$Z \approx \sqrt{\lambda_1} v_1 u_1' \quad (2.9)$$

En comparant cette expression à $Z \approx \widehat{\beta} \widehat{k}'$, et en gardant à l'esprit les contraintes 2.2 et 2.3, on déduit les estimateurs suivants :

$$\widehat{\beta}_x = \frac{1}{\sum_{x=x_m}^{x_M} v_{1,x}} v_1 \quad (2.10)$$

$$\widehat{k}_t = \sqrt{\lambda_1} \left(\sum_{x=x_m}^{x_M} v_{1x} \right) u_1 \quad (2.11)$$

Optimisation des paramètres

Nous venons d'obtenir une première estimation des paramètres. En vue d'extrapoler les taux de mortalité pour les $t \geq t_M$, nous serons amenés à analyser la série des (\widehat{k}_t) afin de lui ajuster un modèle de série temporelle. En amont de cela, il faut ajuster les paramètres précédents dans l'optique de faire coïncider le nombre de décès observés $D_{x,t}$ chaque année avec celui prévu par le modèle. Pour cela, on introduit l'exposition au risque :

$$er_{x,t} = \frac{D_{x,t}}{\mu_{x,t}} \quad (2.12)$$

L'ajustement s'exprime alors par :

$$\sum_{x=x_m}^{x_M} D_{x,t} = \sum_{x=x_m}^{x_M} er_{x,t} \exp(\widehat{\alpha}_x + \widehat{\beta}_x \widehat{k}_t) \quad (2.13)$$

Ceci s'exprime sous la forme de $F(k) = 0$, avec

$$F(k) = \sum_{x=x_m}^{x_M} (D_{x,t} - er_{x,t} \exp(\widehat{\alpha}_x + \widehat{\beta}_x k))$$

Si le zéro de cette fonction existe, alors on peut l'approximer par l'algorithme de Newton-Raphson en utilisant le point de départ $k_0 = \widehat{k}_t$ pour lancer l'itération

$$k_{i+1} = k_i - \frac{F(k_i)}{F'(k_i)}$$

L'algorithme itère la transformation jusqu'à ce qu'un critère d'arrêt soit atteint :

$$\left| \frac{k_{i+1} - k_i}{k_i} \right| \leq \varepsilon$$

où ε est petit. Si l'algorithme converge, nous obtenons ainsi un nouvel estimateur $\widehat{\widehat{k}}_t$ de k_t . Une fois la série des (\widehat{k}_t) ajustée, elle doit encore être corrigée afin de remplir la condition d'identifiabilité (2.2 et 2.3), ce qui nous conduit à poser :

$$\widetilde{k}_t = \widehat{\widehat{k}}_t - \frac{1}{N_t} \sum_{t=t_m}^{t_M} \widehat{\widehat{k}}_t \quad (2.14)$$

2. Cette introduction est justifiée, car la SVD sur la matrice des logarithmes des taux de mortalité est numériquement équivalente à l'ACP sur la matrice de covariance de ces logarithmes.

Il faut à présent corriger les $(\hat{\alpha}_x)$ pour assurer que l'égalité entre le nombre de décès prédis et le nombre de décès observés reste valable, ce qui nous conduit à poser :

$$\tilde{\alpha}_x = \hat{\alpha}_x - \frac{\hat{\beta}_x}{N_t} \sum_{t=t_m}^{t_M} \hat{k}_t \quad (2.15)$$

Avec $\tilde{\beta}_x = \hat{\beta}_x$ on a l'estimateur $(\tilde{\alpha}_x, \tilde{\beta}_x, \tilde{k}_t)$ obtenu satisfait les deux contraintes et l'adéquation entre les décès observés et prédits.

2.1.2 Mesure de la qualité du modèle

Pour mesurer la qualité du modèle, nous utiliserons :

- Le taux d'inertie τ_1 qui donne une bonne idée de la justesse de l'approximation : $Z \approx \sqrt{\lambda_1} v_1 u'_1$.
 Ainsi si τ_1 est jugé trop faible, on pourra mettre en œuvre l'extension multifactorielle proposée par Renshaw et Haberman (2003) qui consiste à considérer d'autres termes successifs de la SVD de Z. De manière générale il est très fréquent de trouver $\tau_1 > 90\%$, ce qui explique que le modèle de Lee-Carter, malgré sa relative simplicité, se soit rapidement imposé comme un modèle fiable.
- La part de variance temporelle expliquée par le modèle à un âge donné. On peut l'exprimer par la formule suivante :

$$1 - \frac{\frac{1}{N_t} \sum_{t=t_m}^{t_M} (\hat{\mu}_{x,t} - \exp(\tilde{\alpha}_x + \tilde{\beta}_x \tilde{k}_t))^2 - \left(\frac{1}{N_t} \sum_{t=t_m}^{t_M} (\hat{\mu}_{x,t} - \exp(\tilde{\alpha}_x + \tilde{\beta}_x \tilde{k}_t)) \right)^2}{\frac{1}{N_t} \sum_{t=t_m}^{t_M} (\hat{\mu}_{x,t})^2 - \left(\frac{1}{N_t} \sum_{t=t_m}^{t_M} \hat{\mu}_{x,t} \right)^2}$$

Nous verrons plus loin que la variance temporelle expliquée, si elle est généralement bonne, peut accuser de fortes baisses pour certaines tranches d'âges particulières.

- Si l'adéquation au modèle est bonne, le graphe des résidus ne devrait pas comporter de structure identifiable. La définition des résidus est naturelle :

$$r_{x,t} = \ln \hat{\mu}_{x,t} - (\tilde{\alpha}_x + \tilde{\beta}_x \tilde{k}_t)$$

2.2 Détermination d'une tendance temporelle par calibration du modèle de Lee-Carter sur la période 1950-2000

2.2.1 Mise en œuvre du modèle : Estimation des paramètres

L'estimation des paramètres est modélisée sous R.

Nous avons débuté en créant une fonction appelée "database()" qui permet de prendre en compte les années, les limites d'âge ainsi que les données provenant de HMD en entrée. Cette fonction génère une matrice contenant les informations essentielles, comme la matrice des taux centraux de mortalité, la matrice d'exposition au risque et la matrice des décès observés.

La première étape impliquait la mise en place d'une fonction appelée "LC-param()" pour extraire les données nécessaires à l'estimation des paramètres d'intérêt tels que les coefficients α_x , β_x et k_t .

La fonction "LC-param()" se décompose en plusieurs étapes :

- Extraction des informations requises en utilisant la fonction "database()";

- Estimation de α_x , en prenant la moyenne des taux de mortalité logarithmiques ;
- Réajustement des β_x et k_t par une décomposition en valeurs singulières de premier ordre ;
- Réajustement des k_t en utilisant l'exposition au risque et l'algorithme de Newton-Raphson ;
- Transformation des α_x et k_t pour respecter les contraintes d'identifiabilité ;
- Calcul du taux d'inertie expliqué ;
- Calcul de la variance temporelle expliquée.

2.2.2 Analyse des résultats

Après exécution de la fonction LC-param, les résultats obtenus sont :

La courbe des valeurs $\tilde{\alpha}_t$, cf. figure 33 :

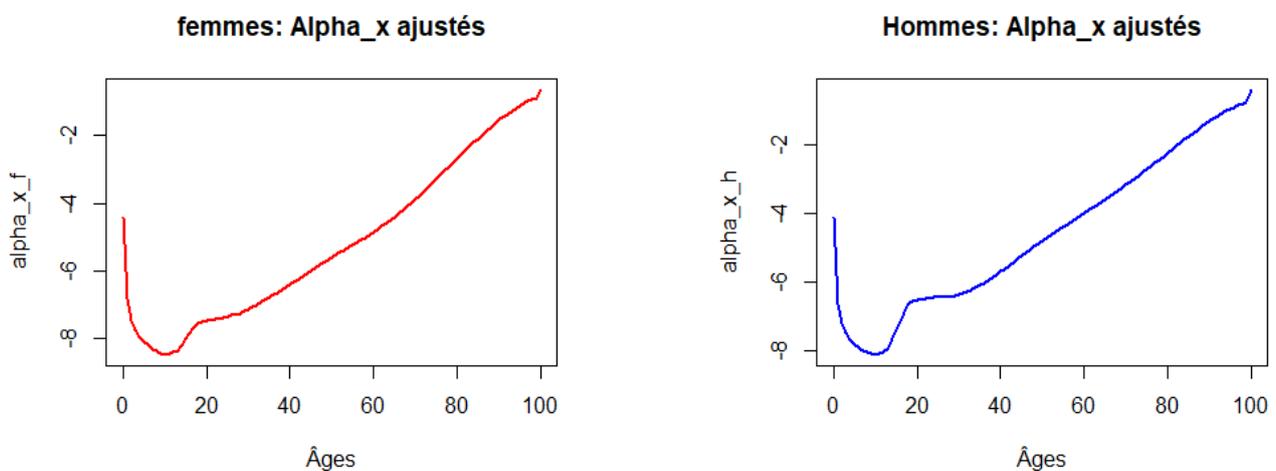


FIGURE 33 – Courbe d'évolution des α_x , calibrés sur la période de 1950 à 2000

Source : Données de la Human Mortality Database .

On observe des valeurs initialement élevées pour les nouveau-nés (mortalité infantile), qui diminue rapidement par la suite avant d'augmenter de manière quasi régulière avec l'âge.

Il y a une bosse considérée comme la "bosse accident" qui représente un pic de mortalité chez les 18-25 ans. Ce pic est plus prononcé chez les hommes et pourrait être attribué à des causes de décès violentes telles que les accidents de la route, qui sont plus fréquents dans cette tranche d'âge.

La courbe des valeurs \tilde{k}_t Cf.figure 34 :

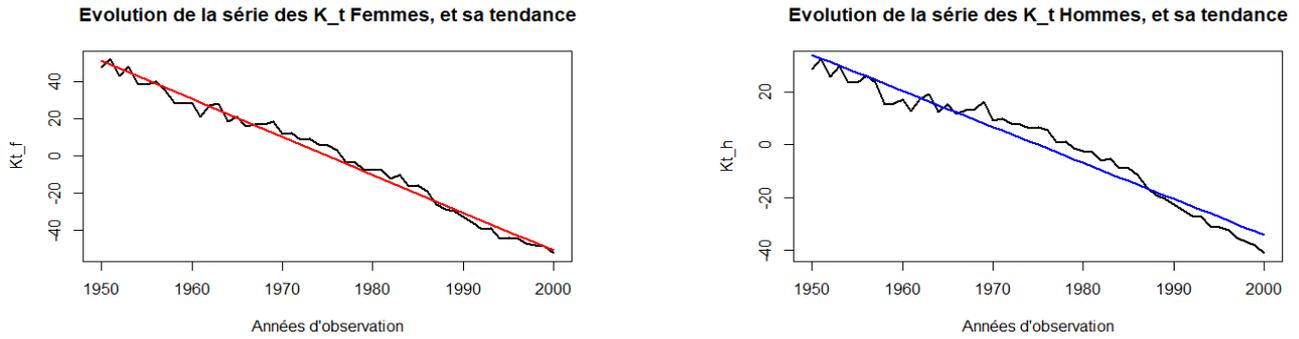


FIGURE 34 – Tendence de mortalité femme et hommes, fournie par le modèle de Lee-Carter sur la période 1950-2000.

Source : Données de la Human Mortality Database .

La courbe des valeurs \tilde{k}_t présente une tendance générale à la baisse, pouvant être approximée de manière simplifiée par une droite décroissante. Cette tendance reflète la baisse de la mortalité au fil du temps.

Nous remarquons que jusqu'au début des années 1970, la tendance présente une certaine irrégularité, en particulier chez les hommes. Par la suite, elle devient beaucoup plus régulière. Chez les hommes, on observe également une rupture de pente plus marquée en 1970, correspondant à une baisse plus rapide de la mortalité.

Les équations des tendances sont :

$$\text{Femmes : } k_t = -2,04t + 4037,7$$

$$\text{Hommes : } k_t = -1,38t + 2718,9$$

Enfin, la courbe des valeurs $\tilde{\beta}_x$ cf. figure 35 :

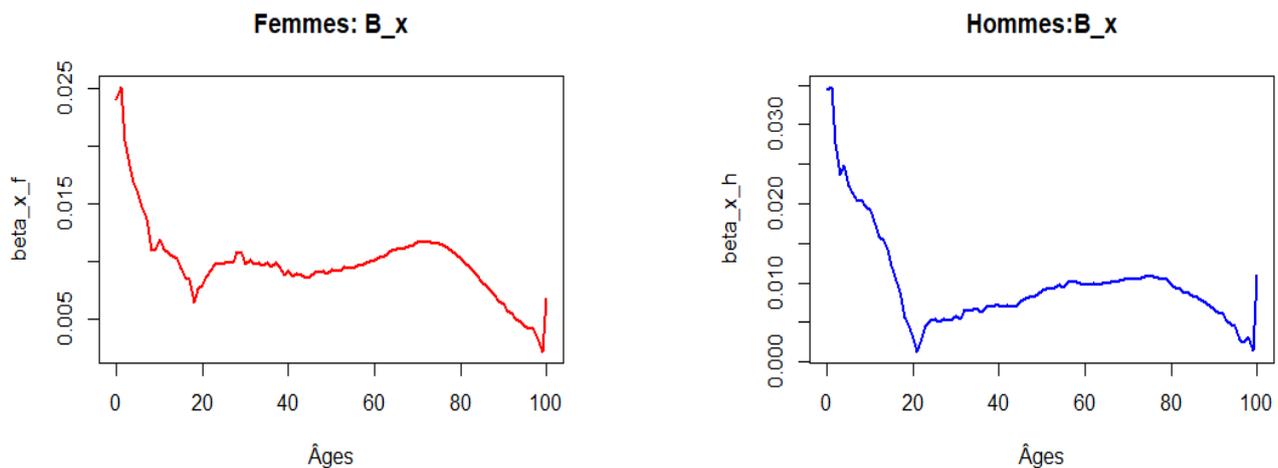


FIGURE 35 – Courbes de sensibilité du taux de mortalité aux variations de l'indice de mortalité sur la période 1950-2000.

Source : Données de la Human Mortality Database .

La courbe illustre que les différentes tranches d'âge ont bénéficié de manière variable des amélio-

rations de la mortalité au cours de la deuxième moitié du XXe siècle. Ainsi, une valeur plus élevée et positive de $\tilde{\beta}_x$ correspond à une amélioration plus significative des taux de mortalité pour ces âges. En revanche, si la tendance \tilde{k}_t est à la baisse et que la valeur de $\tilde{\beta}_x$ est négative, cela indiquerait une augmentation du taux de mortalité pour ces tranches d'âge.

Nous observons que la baisse de la mortalité est plus importante avant 20 ans, pratiquement inexistante pour la population âgée de 20 ans, surtout chez les jeunes hommes. Enfin, la baisse est moins importante après 75 ans sauf pour les personnes âgées de 100 ans.

2.2.3 Validation du modèle

Taux d'inertie

Afin d'évaluer la fiabilité du modèle, une première approche consiste à examiner le taux d'inertie³. Il s'agit, de la proportion de la variance totale de la mortalité observée dans une population qui peut être expliquée par le modèle de Lee-Carter lui-même.

Il varie entre 0 et 1, où 0 signifie que le modèle n'explique aucune variance et 1 signifie qu'il explique la totalité de la variance.

τ_{femme}	τ_{homme}
0.93	0.88

TABLE 6 – Taux d'inertie

Les taux d'inertie observés sont élevés, ce qui signifie que l'approximation faite au (2.9) est raisonnable.

Variance temporelle expliquée par le modèle

Pour renforcer cette première constatation sur la qualité de l'ajustement, il est important d'examiner le graphique de la **variance temporelle expliquée** en fonction de l'âge, tel qu'illustré dans la figure 36.

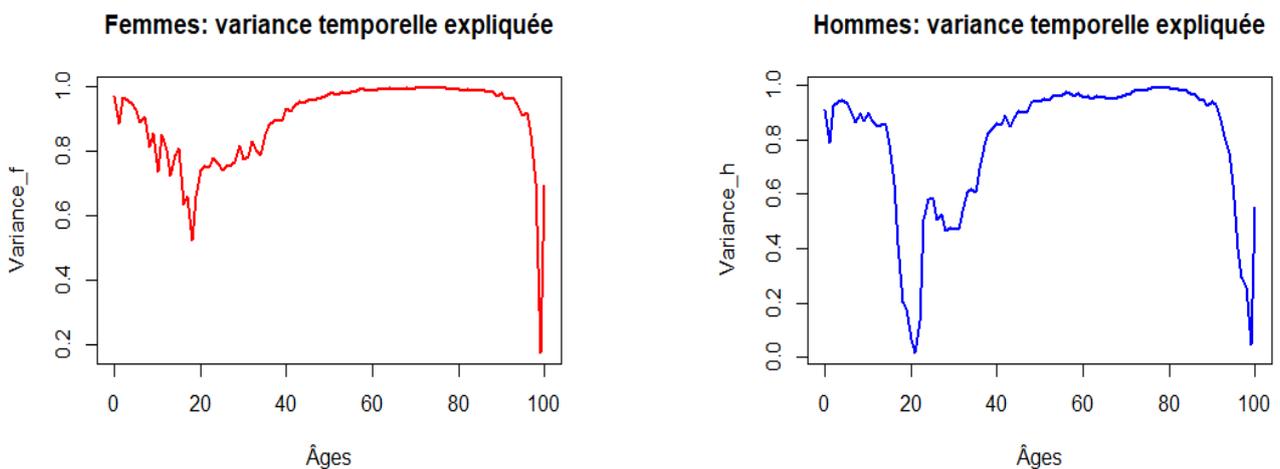


FIGURE 36 – Variance expliquée par le modèle selon l'âge pour les femmes et les hommes.

Source : Données de la Human Mortality Database .

3. Pourcentage de variance expliquée

Pour les femmes, la proportion de variation expliquée reste constamment supérieure à 50 % et dépasse souvent les 80 %. Cependant, elle diminue considérablement entre 15 et 20 ans, pour retrouver un niveau satisfaisant vers l'âge de 40 ans.

Pour les hommes, l'ajustement global est généralement de moins bonne qualité, ce qui est cohérent avec un taux d'inertie relativement plus faible. En particulier, aux alentours de 20 ans, la variation expliquée chez les hommes est quasiment nulle. Par conséquent, le modèle semble incapable de rendre compte de manière satisfaisante de la "bosse accidentelle".

Nous remarquons que, tant pour les hommes que pour les femmes, la qualité de l'ajustement se dégrade également aux âges avancés.

Analyse des résidus

Les résidus d'un modèle sont les écarts entre les valeurs réelles et les valeurs prédites par le modèle. Un modèle idéal aurait des résidus centrés autour de zéro, ce qui signifierait que les valeurs prédites correspondent parfaitement aux valeurs réelles. L'analyse des résidus permet de détecter les schémas ou les tendances restantes non capturés par le modèle.

La figure 37 montre les résidus du modèle de Lee-Carter pour les hommes (celle des femmes, voir annexe)



FIGURE 37 – Structure des résidus selon l'âge pour les Hommes.

Source : Données de la Human Mortality Database.

Dans l'ensemble, le modèle de Lee-Carter semble être une assez bonne approximation et explique en grande partie les schémas de mortalité observés. Cependant, il présente certaines limites, en particulier en ce qui concerne la "bosse-accident". Par conséquent, dans l'optique d'améliorer le modèle, nous allons considérer la différence des logarithmes des taux de mortalité plutôt que les taux eux-mêmes. Nous aborderons cette amélioration dans le prochain chapitre.

2.2.4 Extrapolation de l'indice de mortalité : le modèle ARIMA(p,d,q)

Dans le cadre du modèle de Lee-Carter, les projections de la mortalité future peuvent être essentiellement résumées par les prédictions de la série temporelle des coefficients k_t ⁴, ce qui constitue l'un des principaux avantages de ce modèle. Pour modéliser, cette série, nous allons utiliser un modèle ARIMA (AutoRegressive-Integrated-Moving-Average), qui permet de capturer les tendances et les schémas de variation au fil du temps.

Nous rappelons qu'une série temporelle (ou encore une série chronologique) est une suite finie d'observations indexées par le temps. Dans notre cas on notera : $(K_t)_{t \in \{1, \dots, T\}}$. L'indice temps est ici l'année et le nombre T , est appelé la longueur de la série.

Les opérateurs retard L et différenciation Δ sont définis comme suit :

Soit $k \geq 1$

$$LK_t = K_{t-1}$$

$$L^k K_t = K_{t-k}$$

4. Indice de mortalité ou encore tendance temporelle

$$\Delta K_t = K_t - K_{t-1} = (1 - L)K_t$$

$$\Delta^k X_t = (1 - L)^k X_t$$

On dira que K_t est un processus ARIMA(p,d,q) si :

$$\left(1 - \sum_{i=1}^p a_i L^i\right) (1 - L)^d K_t = \left(1 + \sum_{j=1}^q b_j L^j\right) \varepsilon_t, \quad \forall t \in \mathbb{Z} \quad (2.16)$$

Où les ε_t sont des termes d'erreurs indépendants et identiquement distribués qui suivent une loi normale centrée.

Les paramètres p, d et q désignent respectivement l'ordre de la partie autorégressive, l'ordre de différenciation et celui de la partie moyenne mobile.

Un processus ARIMA(p,d,q) convient pour modéliser une série temporelle comprenant une tendance polynômiale de degré d . L'opérateur $(1 - L)^d$ permettant de transformer un polynôme de degré d en une constante.

Pour la modélisation de la série (K_t), nous utiliserons la méthode de Box et Jenkins comme suit :

Identification du modèle

Avant de procéder à la modélisation, nous avons vérifié la stationnarité⁵ de notre série. En effet, les propriétés stochastiques d'une série chronologique ne peuvent être clairement identifiées que si elle est stationnaire. Pour ce faire, nous avons examiné les auto-corrélogrammes : l'auto-corrélation (ACF) et la corrélation partielle (PACF), puis nous avons effectué le test statistique de Dickey-Fuller augmenté pour confirmer les conclusions issues de l'analyse de ces graphes.

L'ACF représente la corrélation entre une observation et ses observations passées, pour différents retards (lags). Il est utile pour identifier la dépendance temporelle de la série. Si la vitesse de décroissance vers 0 est lente⁶ alors, on peut suspecter une non-stationnarité et par conséquent la présence d'une tendance. Dans un ACF, les barres à l'extérieur de l'intervalle de confiance (généralement défini par une zone délimitée par des traits interrompus de couleurs bleus) sont statistiquement significatives et suggèrent des dépendances significatives.

La hauteur des coefficients d'auto-corrélation montre la force de la corrélation et la position sur l'axe horizontal indique le moment où la corrélation est maximale. Par exemple, un coefficient d'auto-corrélation positif à un décalage de 1 indique une corrélation positive entre la valeur actuelle de la série temporelle et la valeur précédente.

5. Un processus est dit stationnaire si son espérance et sa fonction de covariance ne dépendent pas du temps

6. Une décroissance non exponentielle

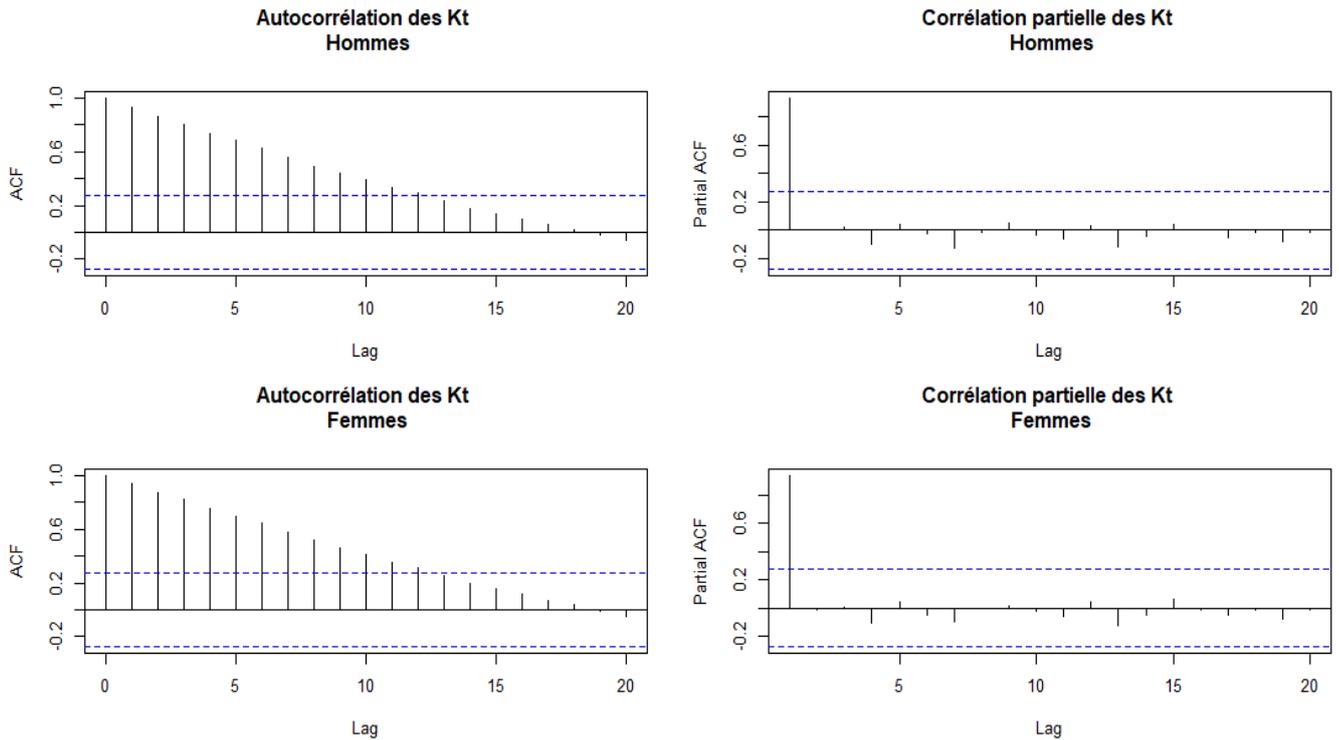


FIGURE 38 – Autocorrélogrammes des séries K_t
Source : Données de la Human Mortality Database .

La figure 38 est la représentation des auto-corrélogrammes simple (à gauche) et partiel (à droite). Nous constatons une décroissance linéaire des éléments de l’auto-corrélogramme simple, ce qui suggère une décroissance non exponentielle. De plus, seul un seul terme de l’auto-corrélogramme partiel est significativement différent de zéro. Par conséquent, nous pouvons en conclure que nos séries ne sont pas stationnaires. Ce résultat est confirmé par le test de Dickey-Fuller dont les résultats sont consignés dans le tableau ci-dessous.

ADF Test (Femmes)	ADF Test (Hommes)
data : yap_f	data : yap_h
Dickey-Fuller = -1.6519, Lag order = 3	Dickey-Fuller = -0.5805, Lag order = 3
p-value = 0.7143	p-value = 0.975
alternative hypothesis : stationary	alternative hypothesis : stationary

TABLE 7 – Sorties du test de Dickey-Fuller Augmenté

La représentation graphique des coefficients k_t figure 34 suggère également cette conclusion, en mettant en évidence une tendance linéaire (particulièrement visible chez les femmes). Nous sommes ainsi amenés à modéliser l’indice de mortalité comme suit :

$$k_t = a + bt + e_t \tag{2.17}$$

Où la série des résidus, (e_t) sera modélisé par un processus ARIMA(p,d,q). La série, (k_t) ainsi définie, n’est clairement pas stationnaire, car son espérance, $E(k_t)$ dépend du temps. Les coefficients a et b seront déterminés par régression linéaire. Une fois la tendance estimée $\hat{a} + \hat{b}t$, l’étude de la stationnarité des résidus e_t se posera.

L'estimation de la tendance linéaire révèle que tous les coefficients sont statistiquement significatifs, et le coefficient de détermination R^2 dépasse 95% pour les deux sous-populations étudiées.

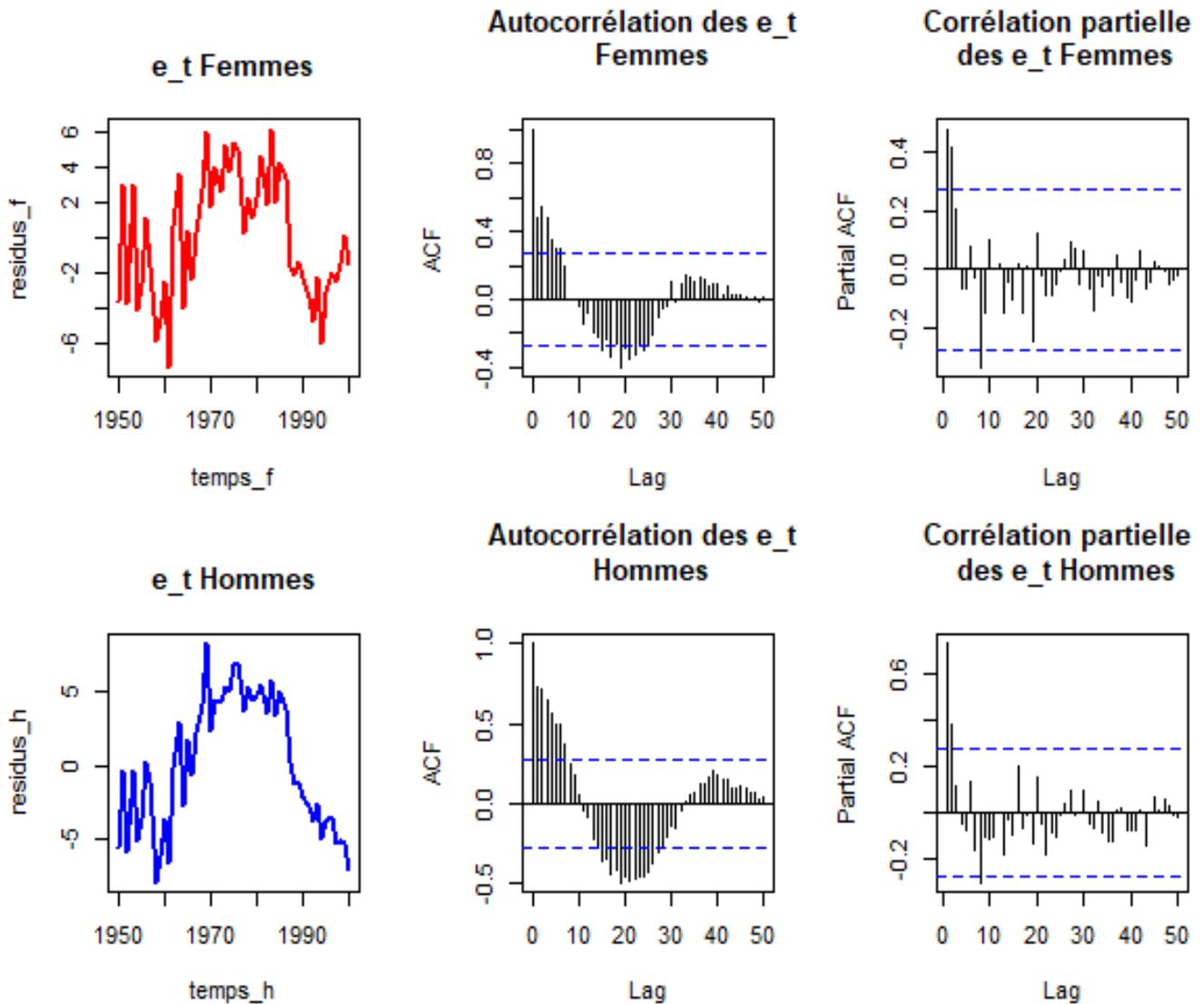


FIGURE 39 – Mise en évidence de la non-stationarité de la série (e_t) par sexe.

Source : Données de la Human Mortality Database.

De plus, l'examen des corrélogrammes figure 39 et le test de Dickey-Fuller augmenté, concluent ensemble que la série des résidus (e_t) n'est pas stationnaire. Cependant, la série une fois différenciée l'est, car elle fluctue autour d'une valeur moyenne et sa fonction d'autocorrélation décline rapidement vers zéro, confère figure 40, qui présente la série différenciée, l'autocorrélogramme simple et l'autocorrélogramme partiel.

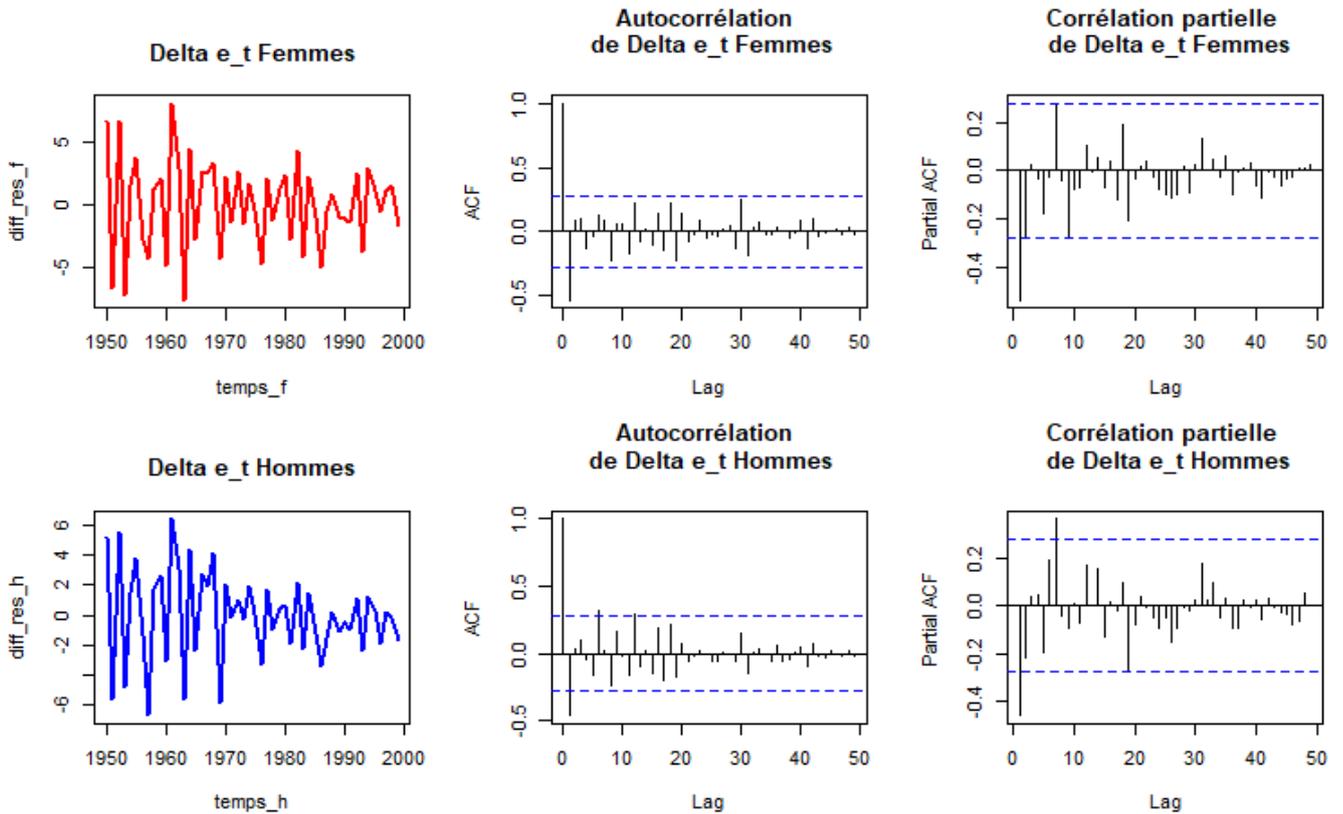


FIGURE 40 – Mise en évidence de la stationarité de la série (Δe_t) par sexe.

Source : Données de la Human Mortality Database .

Ces résultats attestent que la série des (k_t) est modélisable comme la somme d'une tendance linéaire et d'un résidu suivant un modèle ARIMA(p,d,q).

À partir des auto-corrélogrammes, il est possible d'intuiter les ordres des parties AR et MA. En effet :

- Si l'ACF est significatif au décalage q mais plus au décalage q+1, ceci indique que q termes de moyenne mobile doivent être considérés dans la partie MA.
- Si la PACF admet p coefficients significatifs et ensuite présente une extinction brutale, alors p termes doivent être considérés dans la partie AR.

Les auto-corrélogrammes de la figure 40 suggèrent un modèle ARIMA(1,1,2) pour la série de la population masculine et un modèle ARIMA(2,1,2) pour celle de la population féminine.

Pour confirmer ces estimations graphiques, nous avons utilisé la fonction `auto.arima()` du package `forecast` de R.

Cette fonction effectue une sélection automatique du meilleur modèle ARIMA pour une série temporelle donnée. Elle explore différentes configurations de termes AR⁷, de termes MA⁸ et de degré de différenciation pour évaluer et comparer les modèles à l'aide de critères statistiques tels que l'AIC ou le BIC. En se basant sur ces critères, la fonction identifie le modèle ARIMA qui offre le meilleur équilibre entre ajustement de la série et complexité du modèle. Cela permet d'automatiser la tâche de sélection

7. AutoRegressive :Ils capturent la dépendance linéaire entre la variable temporelle et ses valeurs passées.

8. Moving Average :Ils modélisent la dépendance linéaire entre la variable temporelle et ses erreurs passées.

du modèle optimal lors de l'analyse de séries temporelles.

Après exécution de cette fonction, R nous suggère un modèle ARIMA(0,0,3) pour la série de la population féminine et un ARIMA(0,1,1) pour la population masculine.

Le tableau 7 résume les AIC de ces différents modèles.

	Femmes		Hommes	
Modèles	Présumé	Auto.arima	Présumé	Auto.arima
Type	ARIMA(2,1,2)	ARIMA(0,0,3)	ARIMA(1,1,2)	ARIMA(0,1,1)
AIC	256,63	255.88	242,27	240.75

TABLE 8 – Comparaison des AIC

Nous optons pour les modèles proposés par la sélection automatique, puisque le AIC est le plus petit.

Estimation des paramètres

Une fois le modèle identifié, nous devons déterminer les paramètres a_i et θ_j du modèle défini au (2.16).

Le tableau 8 ci-dessous présente l'estimation de ces paramètres, obtenus à partir de la fonction `arima()` de la library `stats` de R.

Les équations des modèles, retenues par cette fonction, sont :

$$\begin{aligned} \text{ARIMA}(0, 0, 3) : \quad e_t &= \varepsilon_t + 0.2719\varepsilon_{t-1} + 0.5905\varepsilon_{t-2} + 0.4119\varepsilon_{t-3} \text{ (Femmes)} \\ \text{ARIMA}(0, 1, 1) : \quad e_t - e_{t-1} &= \varepsilon_t - 0,4885\varepsilon_{t-1} \text{ (Hommes)} \end{aligned}$$

Hommes		Femmes				
Call :		Call :				
	<code>arima(x=res_h, order = c(0,1,1))</code>		<code>arima(x=res_f, order = c(0,0,3))</code>			
Coefficients :		Coefficients				
ma1	-0.4885	ma1	ma2	ma3	intercept	
s.e.	0.1034	0.2719	0.5905	0.4119	-0.0973	
		s.e.	0.1325	0.1119	0.1421	0.8453
	sigma^2 estimated as 6.63		sigma^2 estimated as 7.355			
	log likelihood = -118.37		log likelihood = -123.93			
	aic = 240.75		aic = 257.86			

TABLE 9 – Sorties de la fonction ARIMA : estimation des paramètres

Validation du modèle

Nous avons modélisé la série (e_t) définie au 2.17 par un ARIMA. Dans l'objectif de vérifier la pertinence du modèle obtenu, plusieurs évaluations d'adéquation ont été effectuées sur les résidus. Ces évaluations comprennent la vérification de l'absence d'auto-corrélation, l'examen de la normalité des résidus, l'homoscédasticité (constance de la variance) ainsi que la confirmation que la moyenne des résidus est nulle.

Le test de **Box-Pierce** est utilisé pour évaluer l'absence significative de corrélation temporelle dans une série chronologique. Ce test a été réalisé avec la fonction **Box-Pierce()** de R, et les résultats sont consignés dans le tableau ci-dessous :

Femmes		Hommes	
Box-Pierce test		Box-Pierce test	
data : fit.arima_f\$residuals		data : fit.arima_h\$residuals	
X-squared	0.00026809	X-squared	0.24552
df	1	df	1
p-value	0.9869	p-value	0.6202

TABLE 10 – Sorties du test d'auto-corrélation de Box-Pierce sur les résidus des modèles estimés au tableau 7.

A partir des sorties du tableau, nous concluons que les résidus n'admettent pas de corrélation temporelle.

La normalité des résidus est conclue par l'analyse du Q-Q plot et le test de Jarque et Bera.

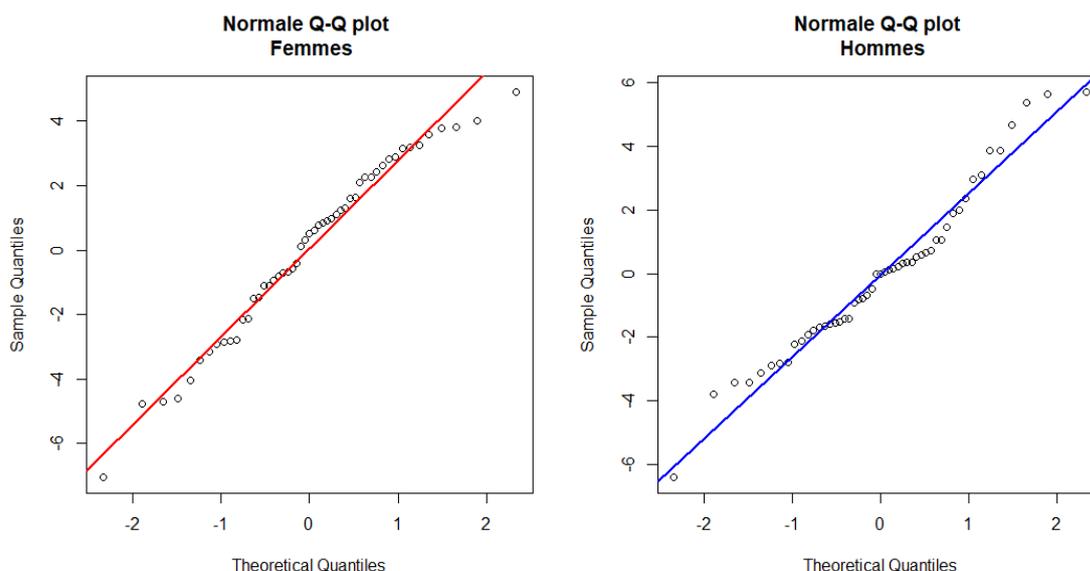


FIGURE 41 – Représentation du Q-Q plot des résidus.

Source : Données de la Human Mortality Database .

Le Q-Q plot (Quantile-Quantile Plot) est un outil graphique utile pour évaluer rapidement l'adéquation des données à une distribution théorique, généralement la distribution normale. Il compare les quantiles de l'échantillon avec les quantiles théoriques de la distribution théorique. Si les points du Q-Q plot s'alignent approximativement sur une droite diagonale (droite d'Henry), cela indique que les données suivent approximativement la distribution théorique.

La droite d'Henry représente l'alignement des points attendu si les données suivent parfaitement la distribution théorique.

Le test de Jarque-Bera est un test statistique utilisé pour évaluer la normalité des résidus ou d'un échantillon de données. Il est basé sur les moments d'ordre 3 (skewness) et d'ordre 4 (kurtosis) d'une distribution. L'hypothèse nulle du test est que les données suivent une distribution normale.

Femmes		Hommes	
Jarque Bera test		Jarque Bera test	
data : fit.arima_f\$residuals		data : fit.arima_h\$residuals	
X-squared	1.9118	X-squared	1.1937
df	2	df	2
p-value	0.3845	p-value	0.5505

TABLE 11 – Sorties du test de normalité de Jarque et Bera sur les résidus des modèles estimés dans au tableau 7.

Les résultats du graphique Q-Q plot, figure 41 montrent une tendance à l'alignement le long de la droite d'Henry (en rouge) pour les femmes, indiquant une proximité avec la distribution normale. Pour les hommes, une légère courbure vers l'extrémité droite est observée, mais le test de Jarque et Bera, (tableau 10) ne rejette pas l'hypothèse de normalité. Ainsi, les résidus du modèle peuvent être considérés comme étant issus d'une distribution normale.

Prévision

Après estimation des différents paramètres, le modèle devient :

$$\hat{k}_t = \hat{a} + \hat{b}t + ARIMA(p, d, q) \tag{2.18}$$

Soit :

$$\text{Femmes : } k_t = -2,04t + 4037,7 + ARIMA(0,0,3)$$

$$\text{Hommes : } k_t = -1,38t + 2718,9 + ARIMA(0,1,1)$$

Pour l'extrapolation de l'indice de mortalité, nous avons utilisé la fonction **predict()** de R pour effectuer les prévisions de la partie estimée avec l'ARIMA(p,d,q). La figure 42 ci-dessous est la représentation graphique d'une prédiction sur 25 ans, à partir de l'année 2000.

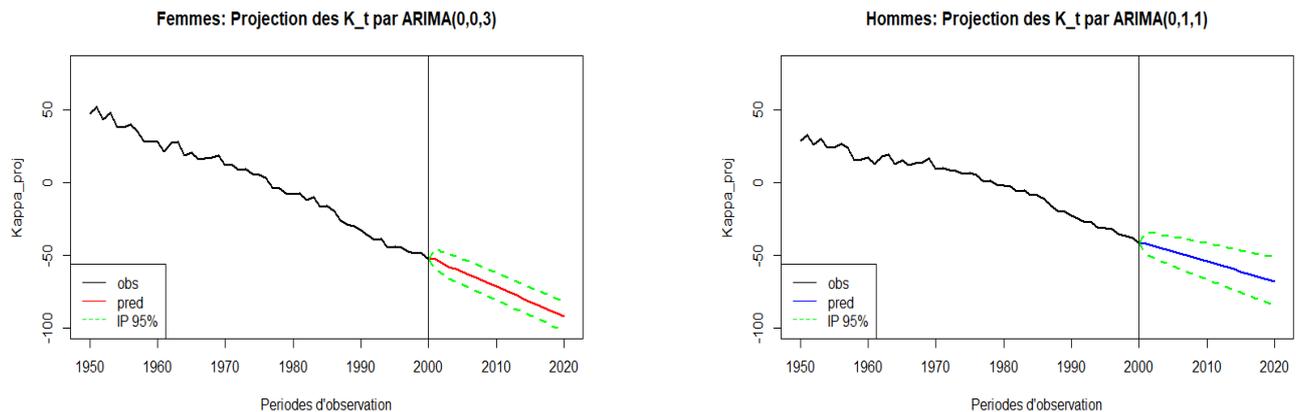


FIGURE 42 – Projections de l'indice de mortalité pour les femmes et pour les hommes.
Source : Données de la Human Mortality Database .

L'extrapolation de k_t montre peu de signes de changements soudains (sauts), car elle repose en grande partie sur une tendance linéaire qui s'aligne sur les spécifications du modèle. Cependant, le modèle ARIMA(p,d,q) prend en compte les fluctuations aléatoires autour de cette tendance et modélise la série résiduelle en conséquence. La figure ci-jointe fournit une représentation visuelle des logarithmes des taux centraux de mortalité projetés.

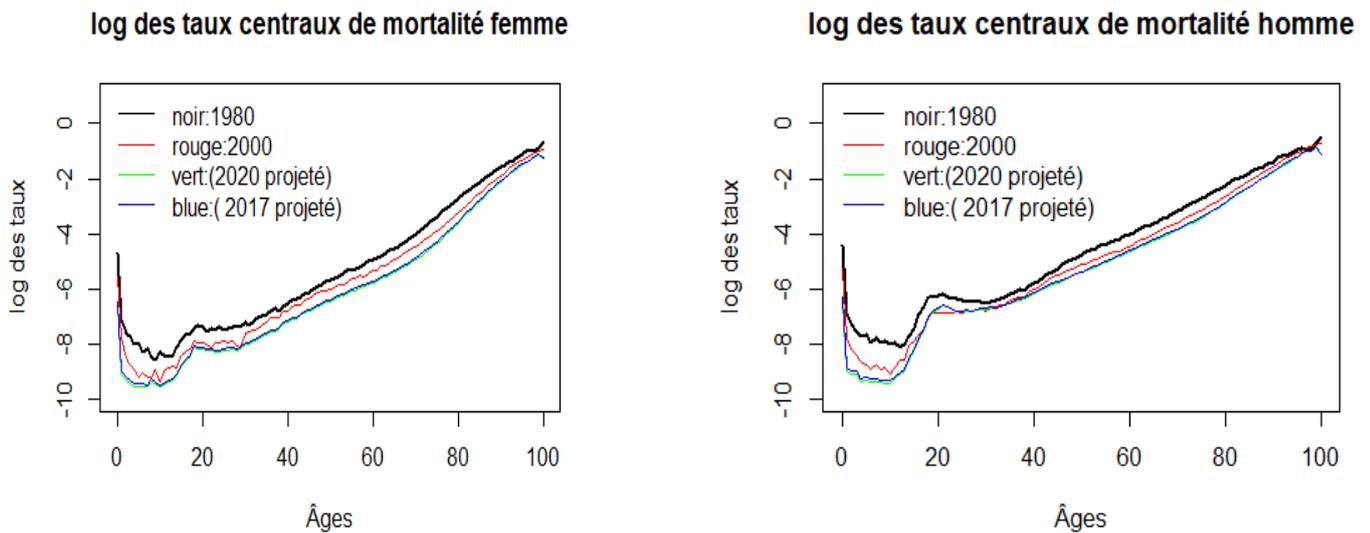


FIGURE 43 – Comparaison des logarithmes des taux observés et projetés de mortalité pour plusieurs années d’observation.

Source : Données de la Human Mortality Database .

La figure 43 représente la projection des taux centraux de mortalité. On observe bien que la tendance générale de l’évolution de la mortalité est préservée, alors que le taux de mortalité diminue progressivement au fil du temps.

2.3 Analyse de quelques limites du modèle de Lee-Carter

2.3.1 Surestimation de la structure de dépendance des taux de mortalité par âge

Le modèle de Lee-Carter est basé sur une décomposition multiplicative des taux de mortalité en deux composantes principales :

- une tendance temporelle (le profil de mortalité qui évolue au fil du temps) : k_t ;
- une composante spécifique à l’âge (la manière dont les taux de mortalité varient en fonction de l’âge) : β_x .

Pour calibrer ce modèle, les auteurs Lee et Carter utilisent la décomposition en valeur singulière (SVD en anglais) de la matrice des logarithmes des taux de mortalité par âge dans le temps pour trouver la matrice de rang un qui se rapproche le plus des logarithmes des taux de mortalité réels. Cela signifie que l’objectif est de capturer la variation principale des taux de mortalité à travers le temps et entre les différents groupes d’âge.

Cependant, nous avons vu dans la première partie que les taux de mortalité ont eu tendance à diminuer régulièrement avec le temps pour tous les groupes d’âge. Compte tenu de ce constat, la méthode est ainsi exposée aux problèmes d’estimation de la matrice de covariance des taux de mortalité lors de la SVD⁹. Les raisons sont les suivantes :

- **Biais de la première composante principale** : Comme les taux de mortalité ont tendance à diminuer de manière générale avec le temps, la première composante principale de la SVD est

9. Réaliser une SVD sur la matrice des logarithmes des taux de mortalité est numériquement équivalente à réaliser une ACP sur la matrice de covariance de ces logarithmes.

souvent dominée par cette tendance temporelle. En d'autres termes, la première composante principale capturera principalement la baisse générale des taux de mortalité avec le temps plutôt que les variations spécifiques aux différentes tranches d'âge.

- **Effet sur les autres composantes** : En conséquence, les autres composantes principales (qui devraient représenter les différences entre les groupes d'âge) seront moins représentatives de la véritable structure de dépendance des taux de mortalité par âge. Cela signifie que la matrice de covariance des taux de mortalité peut être mal estimée, conduisant à une surestimation de la dépendance entre les taux de mortalité par âge.

Ainsi, la tendance à la baisse des taux de mortalité peut entraîner une surestimation de la première composante principale de la SVD, qui est censée capturer les variations temporelles générales, et cela peut fausser les autres composantes qui devraient représenter les variations spécifiques à chaque groupe d'âge. Cela conduit ainsi à une surestimation de la structure de dépendance des taux de mortalité par âge, car la méthode ne parvient pas à bien saisir les variations réelles entre les groupes d'âge.

Dans le chapitre suivant, nous modéliserons les variations des taux logarithmiques de mortalité plutôt que les niveaux des taux logarithmiques de mortalité eux-mêmes. En considérant les changements, nous sommes en mesure de capturer plus précisément la structure de dépendance entre les âges de la mortalité et de l'utiliser pour construire un modèle plus complet.

2.3.2 Stabilité de la diminution du taux de mortalité par âge

Le modèle de Lee-Carter suppose que la manière dont le taux de mortalité diminue avec l'âge (β_x) reste stable au fil du temps (Chen et al., 2023), c'est-à-dire que la tendance générale de la baisse du taux de mortalité en fonction de l'âge reste constante d'une année à l'autre.

Cependant, en raison de la nature à long terme des données de mortalité, cette structure paramétrique statique du modèle de Lee-Carter, peut ne pas être idéalement adaptée pour une analyse démographique fiable sur le long terme. En effet, à mesure que le temps passe, la répartition de la mortalité selon l'âge peut diverger de ce qui est attendu.

Un exemple illustrant cette idée est que les risques de mortalité devraient être les plus bas aux âges où la reproduction est la plus forte. Selon cette hypothèse, (Li et al., 2013) ont suggéré que la courbe des taux de mortalité (exprimée en logarithme) devrait conserver son profil caractéristique en forme de crochet¹⁰.

(Li et al., 2013) ont observé que les taux de décroissance de la mortalité par âge ont évolué dans le passé, subissant une "rotation" avec une accélération aux âges avancés et un ralentissement aux jeunes âges. Cependant, ces changements impliquent des variations de second ordre des taux de mortalité, ce qui rend les taux de déclin de la mortalité par âge beaucoup plus sensibles aux fluctuations aléatoires que les changements globaux dans les taux de mortalité eux-mêmes.

La figure ci-dessous montre l'évolution de la structure des β_x en cours de projection. Nous avons utilisé une fenêtre glissante de largeur 50 ans entre 1950 et 2020. Pour chaque période de calibration de 50 ans, nous conservons le vecteur des β_x ajustés.

10. Cela signifie que le taux de mortalité est élevé au début de la période étudiée, puis diminue rapidement pour atteindre un niveau relativement stable et bas par la suite

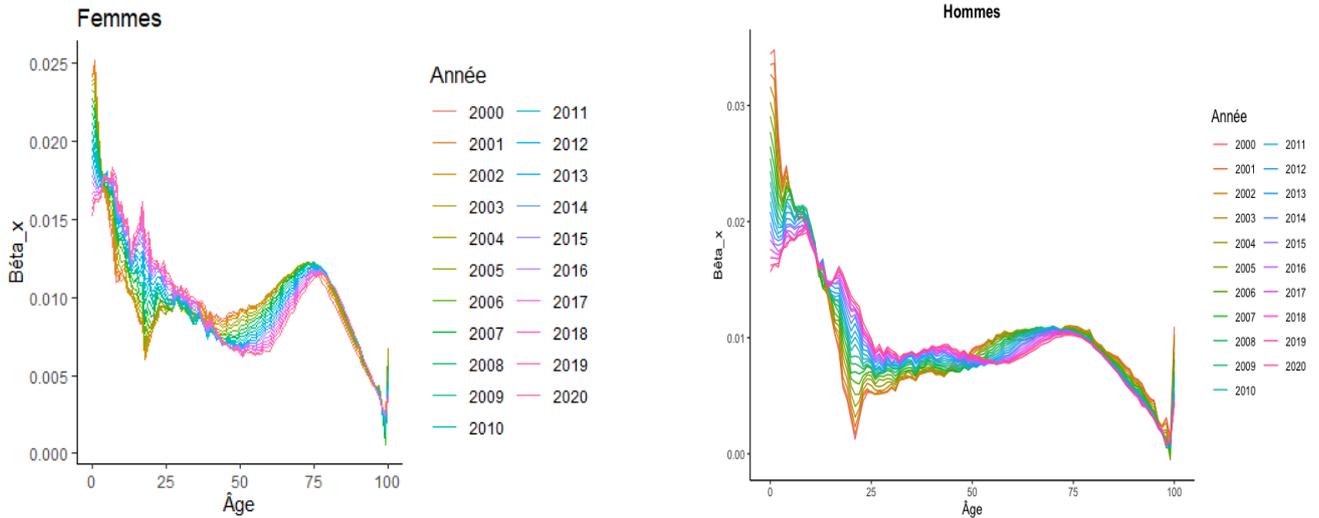


FIGURE 44 – Structure des β_x en cours de projection sur une fenêtre glissante de 50 ans.

Source : Données de la Human Mortality Database .

On observe que les β_x ajustés deviennent relativement plus "uniformes" au fil du temps, avec des poids décroissants (ou croissants) pour les jeunes (ou les personnes âgées) âges.

Pour remédier à cela, Li et coll. proposent de permettre à la structure des coefficients β_x de changer dans le temps pour adopter une forme plus régulière, préservant ainsi le caractère en crochet distinctif des taux de mortalité selon l'âge.

(Chen et al., 2023), explore une extension du modèle Lee-Carter en utilisant des coefficients variables dans le temps. Le modèle de Lee-Carter est étendu comme suit :

$$\ln \hat{\mu}_{x,t} = \alpha_x + \beta_{x,t} k_t + \varepsilon_{x,t} \quad (2.19)$$

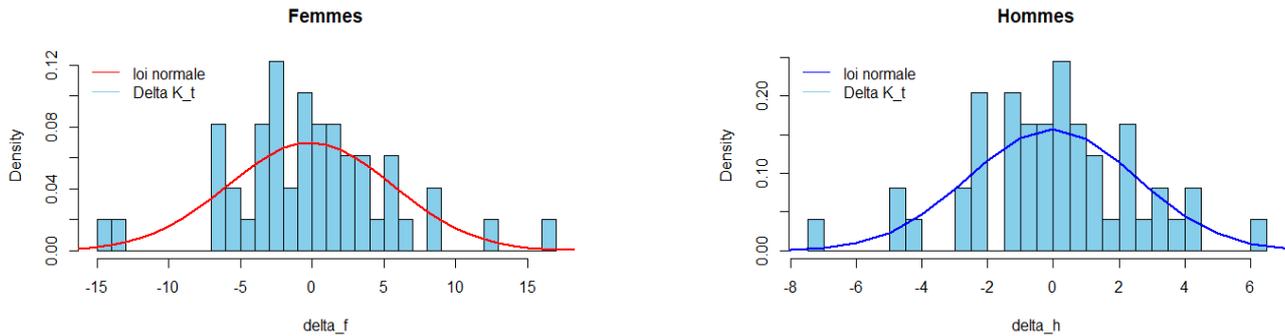
2.3.3 Déviation de l'indice de mortalité par rapport à la loi normale

Dans l'article initial de Lee Carter (Lee, Carter, 1992), l'indice de mortalité k_t est modélisé par une marche aléatoire avec dérive.

$$k_t = k_{t-1} + d + e_t \quad (2.20)$$

Où le terme de dérive d mesure la variation annuelle moyenne de k et les termes d'erreur e_t sont indépendants de loi normale centrée. Ceci implique que le changement de l'indice de mortalité : Δk_t est supposé être gaussien.

Cependant, la comparaison de la distribution de Δk_t et de la distribution normale, figure 45, montre que la loi normale ne s'adapte pas bien à la série des k_t .

FIGURE 45 – Comparaison de la distribution de k_t et la distribution normale.

Source : Données de la Human Mortality Database .

Ce résultat est confirmé par le test de Kolmogorov-Smirnov¹¹ dont les sorties sont consignées dans le tableau ci-dessous.

Femmes	Hommes
Exact one-sample Kolmogorov-Smirnov test data : delta_f D = 0.473 p-value = 8.628e-11 alternative hypothesis : two-sided	Exact one-sample Kolmogorov-Smirnov test data : delta_h D = 0.42849 p-value = 7.478e-09 alternative hypothesis : two-sided

TABLE 12 – Sorties du test de Kolmogorov Smirnov appliqué sur l'échantillon (Δk_t)

Pour détecter le modèle le mieux adapté à la série (Δk_t), il faut pousser l'analyse de la distribution de cette série. Nous introduisons, les notions de skewness et de kurtosis. Il s'agit de deux mesures statistiques qui aident à décrire la forme d'une distribution de données.

1. **Skewness (Asymétrie)** : Le skewness mesure le degré d'asymétrie d'une distribution par rapport à sa moyenne. Il indique la direction et l'intensité de l'asymétrie de la courbe de distribution. Une distribution est symétrique si elle est équilibrée autour de sa moyenne, c'est-à-dire que les valeurs sont également réparties de part et d'autre de la moyenne. Dans une distribution asymétrique, les valeurs se regroupent plus d'un côté que de l'autre.

Le skewness peut prendre trois valeurs :

- Skewness > 0 : La distribution est positivement asymétrique (ou à droite). Cela signifie que la queue de la distribution s'étend plus loin vers les valeurs supérieures, et il y a plus de valeurs inférieures à la moyenne.
- Skewness < 0 : La distribution est négativement asymétrique (ou à gauche). Cela signifie que la queue de la distribution s'étend plus loin vers les valeurs inférieures, et il y a plus de valeurs supérieures à la moyenne.
- Skewness $= 0$: La distribution est symétrique. Les valeurs sont également réparties autour de la moyenne.

2. **Kurtosis (Aplatissement)** : Le kurtosis mesure la forme de la distribution en regardant la taille et la forme de ses queues et pics. Il mesure la concentration des valeurs autour de la moyenne et

11. Le test de Kolmogorov-Smirnov est un test statistique utilisé pour déterminer si un échantillon de données suit une distribution particulière. Le test compare la fonction de distribution cumulative (CDF) de l'échantillon à la CDF théorique de la distribution que l'on souhaite tester

la taille des queues par rapport à une distribution normale. Une distribution normale a un kurtosis de 3.

Le kurtosis peut prendre différentes valeurs :

- Kurtosis > 3 : La distribution a des queues plus épaisses et un pic plus prononcé que la distribution normale. On parle de kurtosis leptokurtique.
- Kurtosis < 3 : La distribution a des queues moins épaisses et un pic moins prononcé que la distribution normale. On parle de kurtosis platikurtique.
- Kurtosis $= 3$: La distribution a une forme similaire à une distribution normale. On parle de kurtosis mésokurtique.

le tableau ci-dessous récapitule les 4 premiers moments de la série (Δk_t)

Moments de Δk_t	Femmes	Hommes
Moyenne	-2.003	-1.41
Variance	12.91	8.88
Skewness	-0.16	-0.14
Kurtosis	2.64	2.79

TABLE 13 – Moments de Δk_t

Il ressort de ce tableau que la série (Δk_t) présente des caractéristiques platikurtiques. Ce qui permet de dire que la distribution de k_t présente un kurtosis moins élevé et des queues moins épaisses que la loi normale.

Le modèle traditionnel utilisant une distribution normale ne parvient pas à bien saisir les caractéristiques de l'indice de mortalité. Cependant, pour surmonter cette limitation, (Mitchell et al., 2013) proposent d'utiliser un modèle basé sur la distribution normale inverse gaussienne (NIG) qui permet de mieux décrire ces particularités.

Afin de représenter de manière adéquate les tendances et les événements extrêmes de l'indice de mortalité, nous avons besoin d'un modèle capable de capturer les formes spécifiques et les sauts des taux de mortalité. Les modèles à sauts se révèlent être un compromis intéressant pour accomplir cette tâche, en permettant de caractériser les tendances de mortalité ainsi que les effets des événements exceptionnels. Le modèle de référence préconisé par Mitchell et ses collègues est basé sur celui de Lee-Carter.

Dans le chapitre suivant, nous verrons qu'il est plus approprié de modéliser les changements des taux de mortalité plutôt que le niveau des taux eux-mêmes, car cela permet de mieux représenter la réalité de la mortalité. Ainsi, l'indice de mortalité sera modélisé à l'aide de la distribution normale inverse gaussienne (NIG). Cette approche présente l'avantage d'imiter les sauts dans les taux de mortalité grâce aux queues épaisses et au kurtosis élevé de la distribution NIG.

Chapitre 3

Extension du modèle de Lee-Carter

L'objectif de cette partie est d'introduire un modèle qui s'ajuste le mieux aux données de mortalités et d'explorer la modélisation de l'indice de mortalité de ce modèle à l'aide d'un processus de Lévy. Ce modèle a l'avantage de rendre compte des discontinuités constatées dans l'évolution du taux de mortalité.

3.1 Présentation et estimation des paramètres du modèle.

Présentation du modèle

Nous avons vu au chapitre précédent que le modèle de Lee Carter, modélise le niveau des taux de mortalité, en entraînant une surestimation de la structure de dépendance des taux de mortalité par groupe d'âge.

Pour éviter ce problème, nous allons modéliser les variations des taux logarithmiques de mortalité plutôt que le niveau de ces taux. En prenant en compte les variations, nous pouvons saisir de manière plus précise la relation de dépendance entre les différents âges de mortalité, ce qui nous permettra de construire un modèle robuste.

Nous noterons, ce modèle LCM pour modèle de Lee Carter Modifié, il est défini comme suit :

$$\mu_{x,t} = \mu_{x,t-1} \exp(\alpha_x + \beta_x k_t + \epsilon_{x,t}) \quad (3.1)$$

Dans ce modèle :

- α_x : représente la variation moyenne du logarithme du taux de mortalité pour chaque groupe d'âge.
- α_x : représente la variation moyenne du logarithme du taux de mortalité pour chaque groupe d'âge.
- k_t décrit l'indice de changement de la mortalité commun à tous les groupes d'âge.
- β_x indique comment chaque groupe d'âge réagit à cet indice de mortalité.
- $\epsilon_{x,t}$ est l'erreur spécifique à l'âge et à l'année, supposée avoir une valeur attendue de zéro et être non corrélée dans le temps et entre les groupes d'âge.

Le modèle LCM peut aussi s'écrire :

$$\ln(\mu_{x,t+1}) = \ln(\mu_{x,t}) + \alpha_x + \beta_x k_t + \epsilon_{x,t} \quad (3.2)$$

En interprétant ce modèle, nous considérons que la variation du logarithme du taux de mortalité pour chaque groupe d'âge, x , de l'année t à l'année $t+1$, est une transformation linéaire d'une variable k_t liée au temps, avec l'ajout d'une certaine erreur. Ainsi, pour chaque année, nous observons un vecteur aléatoire de variations du logarithme du taux de mortalité, et le logarithme du taux de mortalité de l'année suivante pour chaque groupe d'âge est obtenu en ajoutant ce vecteur aléatoire au logarithme du taux de mortalité de l'année en cours. En adoptant cette approche, nous évitons le principal inconvénient du modèle de Lee Carter, car nous prenons en compte les changements plutôt

que les niveaux, ce qui permet de mieux saisir les variations temporelles des données.

Estimation des paramètres

La méthode d'estimation des paramètres du modèle Lee-Carter (1992) est utilisée et déclinée dans notre contexte comme suit :

1. Définition d'une matrice M qui représente le changement entre les logarithmes du taux de mortalité entre chaque année. Les coefficients de la matrice sont :

$$M_{x,t} = \ln(\mu_{x,t}) - \ln(\mu_{x,t-1}) \quad (3.3)$$

2. Définition de α_x comme le changement moyen dans le temps pour chaque groupe d'âge à partir de cette matrice. On a :

$$\alpha_x = \sum_{t=t_1}^T \frac{1}{T} M_{x,t}$$

3. Estimation des β_x et k_t par décomposition en valeurs singulières (1er ordre) de la matrice $\widehat{M}_{x,t} = M_{x,t} - \alpha_x$.

4. Utilisez les contraintes définies par Lee-Carter (1992) pour rendre les valeurs des paramètres uniques.

5. Prédiction de $\ln(\mu_{x,t})$ comme $\ln(\mu_{x,t-1}) + \alpha_x + \beta_x k_t$.

Les figures suivantes représentent les valeurs estimées des paramètres α_x et β_x et pour les hommes (celles des femmes sont en Annexes figure 62). Les formes sont relativement similaires à elle du modèle de LC, à la seule différence que les courbes ne sont pas lisses.

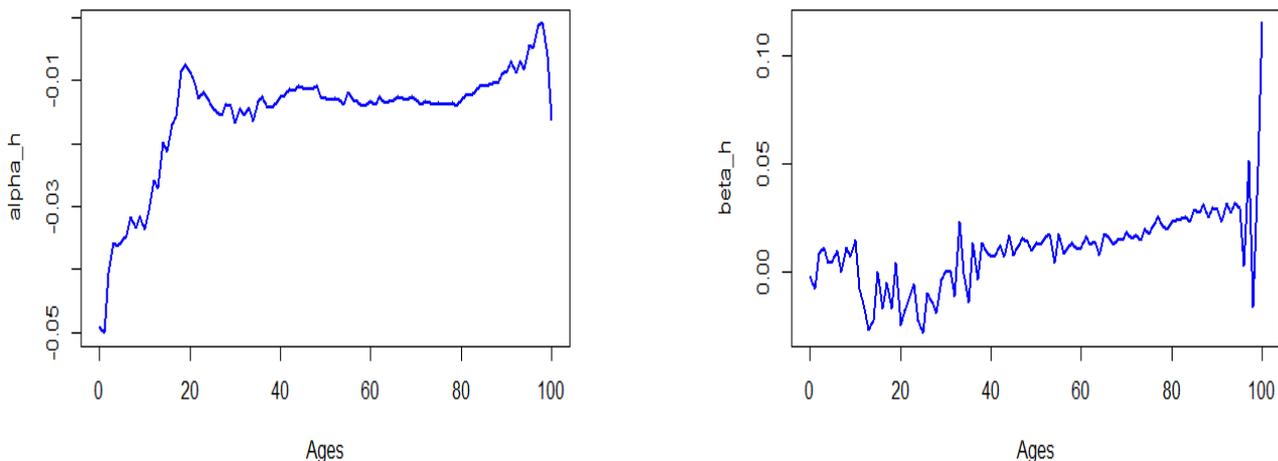


FIGURE 46 – Valeurs estimées de α_x à gauche et β_x à droite par le modèle LCM de 1950-2020.

Source : Données de la Human Mortality Database .

la figure 47 représente l'estimation de k_t par le modèle de LCM, pour la population masculine française de 1950-2020.

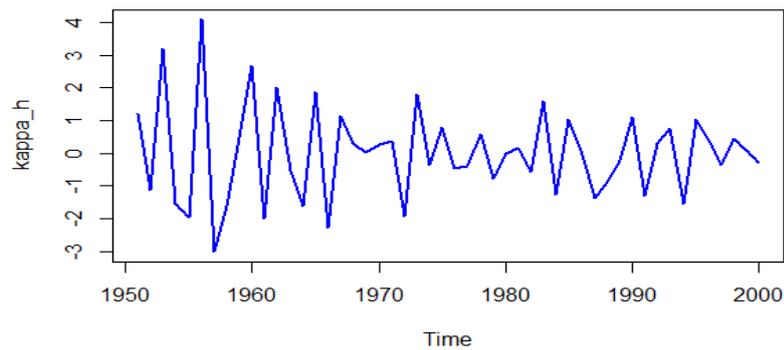


FIGURE 47 – série chronologique de l'indice de mortalité, de la population masculine française, de 1950-2020.

Source : Données de la Human Mortality Database .

Nous constatons que cette série ne semble pas suivre un processus particulier, ce qui signifie que les k_t **sont des observations indépendantes d'une variable aléatoire**. On conclut aussi sur la stationnarité de la série, ce qui est confirmé par le test de Dickey-Fuller augmenté (confère les sorties du test en Annexe tableau 18).

3.2 Évaluation des performances du modèle LCM

Maintenant que nous avons réussi à calibrer le modèle, nous commençons par évaluer son adéquation aux données au travers de l'examen du graphe des résidus. La figure 48 montre la structure des résidus selon l'âge pour les hommes (en Annexe pour les femmes figure 64)

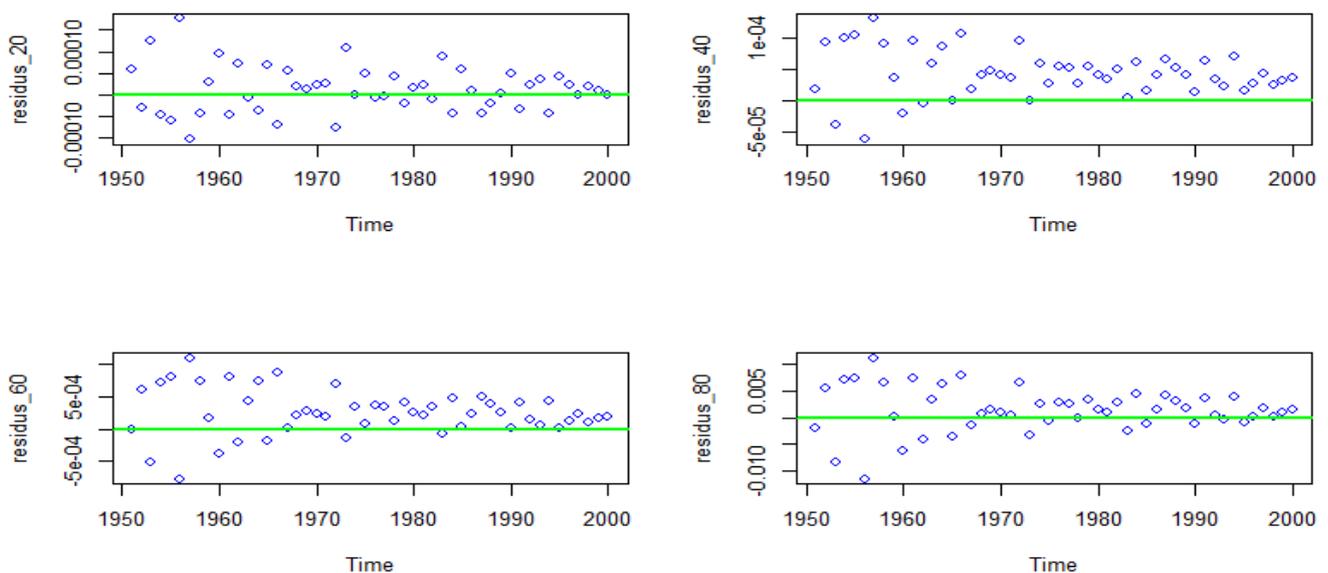


FIGURE 48 – Structure des résidus du modèle LCM, selon l'âge pour les Hommes.

Source : Données de la Human Mortality Database.

Nous observons que les résidus semblent mieux centrés autour de zéro, cela indique que le modèle

capture globalement la tendance des données et ne présente pas de biais systématique. On peut donc s'attendre à ce que le modèle LCM rende bien compte de la "bosse accident" par rapport au modèle de Lee Carter.

Analyse comparative entre les modèles LC et LCM

Par la suite, nous souhaitons comparer l'efficacité de ce modèle à celle du modèle Lee-Carter.

Pour cela, nous allons dans un premier temps comparer les taux de mortalité à 10 ans prédits par les deux modèles pour les individus d'âge 65 ans et 15 ans.

Ensuite, nous introduisons la notion de *RSSE* (Root Sum of Squared Errors) qui représente la racine carrée de la somme des carrés des différences entre les valeurs observées et les valeurs prédites par le modèle. Une *RSSE* plus petite indique un meilleur ajustement du modèle aux données observées. C'est donc une métrique qui permet d'évaluer la précision de modèles statistiques et de les comparer. On a :

$$RSSE = \sqrt{\sum_{x,t} \varepsilon_{x,t}^2} \quad (3.4)$$

La figure 49, représente la comparaison entre les taux réels, les taux prédits par le modèle de Lee-Carter et ceux issus du modèle LCM, pour les hommes de 65-75 ans, puis ceux de 15 à 25 ans (en Annexe figure 65 pour les femmes).

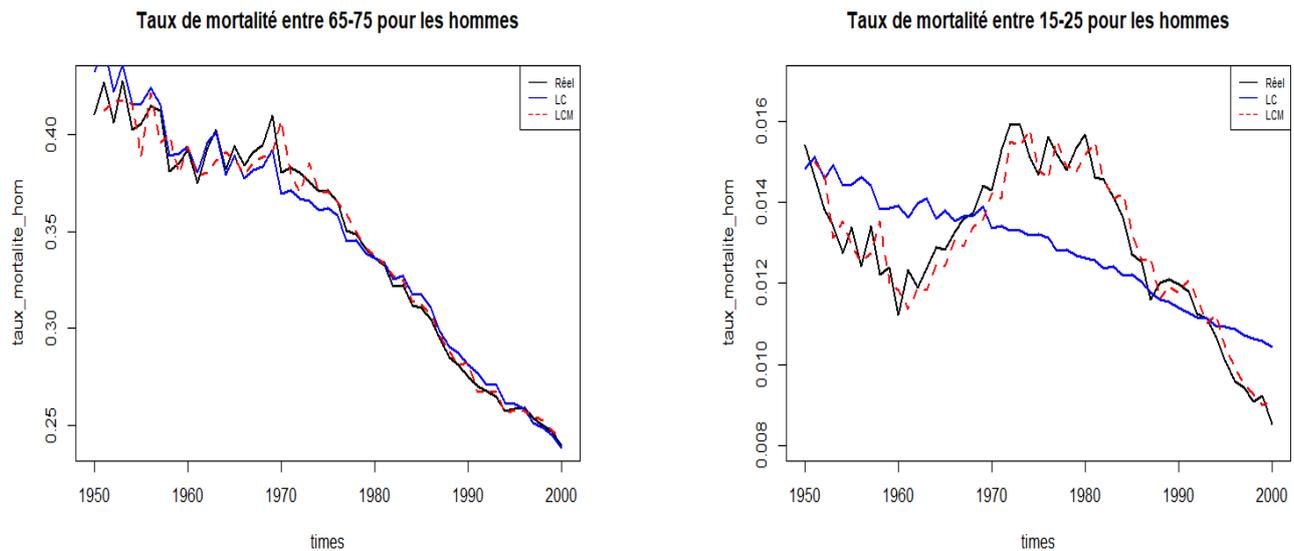


FIGURE 49 – Résultats de l'estimation du modèle de Lee-Carter et du modèle de Lee-Carter modifié pour la population masculine française, de 1950 à 2000.

Source : Données de la Human Mortality Database .

Nous observons que le modèle de Lee-Carter estime relativement bien les taux de la tranche d'âge 65-75, bien qu'il les surestime assez souvent. Par contre, le modèle de Lee Carter Modifié est nettement meilleur, il estime mieux le taux de mortalité pour l'année suivante. L'écart est encore plus marqué sur la tranche d'âge qui marque la "bosse accident". Le modèle est plus apte à rendre compte de manière satisfaisante de cette "bosse".

Le tableau ci-dessous affiche les *RSSE* des deux modèles pour la population masculine, calculés pour la période 1900-2000 (données avec des sauts) et la période 1950-2000 (en Annexe tableau 19 pour les femmes).

	Modèle de LC	Modèle de LCM
RSSE(1900-2000)	1.83	0.70
RSSE(1950-2000)	0.67	0.52

TABLE 14 – Comparaison de RSSE dans les deux modèles

Nous constatons que le modèle LCM est plus robuste sur les données avec ou sans sauts que celui de LC. La supériorité de ce modèle réside principalement dans son utilisation explicite du taux de mortalité de l'année en cours pour prédire celui de l'année suivante, contrairement au modèle de Lee-Carter qui se base uniquement sur un indice agrégé des taux de mortalité de l'année suivante. En incorporant directement les données actuelles dans les prédictions, notre modèle offre une meilleure performance prédictive.

Une fois que nous avons ajusté le modèle, notre objectif est de procéder à des prévisions des taux de mortalité à venir de 2000 à 2020. Pour ce faire, nous devons élaborer un modèle pour représenter la distribution future des taux de mortalité.

3.3 Modélisation de l'indice de mortalité du modèle de Lee Carter Modifié (LCM) par un processus de Lévy NIG

Dans cette partie, nous allons explorer la modélisation de la composante temporelle extraite de l'application du modèle de Lee Carter Modifié par un processus de Levy NIG, en vue de tenir compte de discontinuités éventuelles dans la projection.

3.3.1 Motivation

En modélisation financière, un modèle de diffusion par sauts décrit de manière adéquate la dynamique de nombreux rendements d'actifs. Ce modèle comporte un terme de dérive, un terme de diffusion et un terme de saut. Le terme de dérive décrit une tendance à long terme. Un terme de diffusion est souvent supposé avoir une structure de mouvement brownien et capte les fluctuations lisses, mais aléatoires du rendement de l'actif autour de la dérive à long terme. Le terme de saut capture les variations importantes potentielles qui peuvent être causées par des événements rares et peut être modélisé par un processus de Poisson composé. La diffusion et les sauts sont à l'origine des variations aléatoires des rendements des actifs. Un modèle de saut-diffusion implique que la taille des petites variations a une distribution gaussienne, mais il est reconnu que les rendements des actifs ont des comportements non gaussiens qui présentent des queues grasses et un excès d'aplatissement en raison d'un processus de saut de Poisson composé. Cette constatation signifie qu'un autre modèle est nécessaire pour tenir compte de ces comportements non gaussiens.

Un processus de Lévy (un processus stationnaire avec des incréments indépendants) peut être utilisé pour rendre compte de la distribution non gaussienne des actifs. Il peut être utilisé pour générer une distribution qui peut avoir des queues plus larges que la distribution normale, avoir un kurtosis excessif et présenter de nombreux autres comportements non gaussiens (Wu, Black-Scholes, 2012). Les processus de Lévy ont été reconnus comme des outils précieux en finance et en gestion des risques au cours des dernières décennies.

Un processus de Lévy exponentiel, quant à lui, est une version étendue d'un modèle de diffusion par saut, capable de gérer à la fois de petits et de grands sauts, en supposant que les distributions appropriées soient utilisées. Contrairement à la plupart des études sur les modèles de diffusion par saut, qui nécessitent un terme de diffusion pour combler les lacunes entre les sauts modélisés par un processus de Poisson composé, un processus de Lévy gère tous les sauts sans nécessiter de terme de

diffusion supplémentaire. Il présente un nombre infini de sauts dans n'importe quel intervalle fini (Carr, Wu, 2003). Cette approche est particulièrement utile pour modéliser les rendements d'actifs, car elle peut capturer la nature non gaussienne des rendements, avec de petits sauts fréquents (kurtosis élevé) et de rares sauts importants (queues grasses).

Dans cette étude, nous montrerons que la dynamique de changement des taux instantanés de mortalité est un processus de Lévy exponentiel, et nous spécifions une distribution Normale Inverse Gaussienne (NIG) pour le terme stochastique (qui sera représenté par une combinaison linéaire d'indice de mortalité i.i.d) qui influence la dynamique de changement des taux, caractérisant ainsi la distribution des sauts.

Comme il y a beaucoup de petits sauts et peu de grands sauts, la distribution des sauts est à aplatissement élevé et à queue grasse, et la distribution NIG répond à cette exigence. Une distribution NIG a quatre paramètres pour spécifier l'emplacement, le degré d'asymétrie, l'aplatissement et l'asymétrie. Elle correspond donc parfaitement à la distribution des sauts. La combinaison du processus exponentiel de Lévy avec cette distribution NIG produira de meilleurs résultats d'estimation.

3.3.2 Processus de Lévy

Les processus de Lévy ont été nommés d'après le mathématicien français Paul Lévy (1886-1971) qui a introduit les processus qui deviendront finalement un composant majeur de la théorie moderne des processus stochastiques telle qu'elle s'applique à la tarification des actifs. La définition d'un processus de Lévy est présentée ci-dessous.

Définition 2.1. Un processus stochastique $(Y_t)_{t \geq 0}$ sur $(\Omega, \mathcal{F}, \mathbb{P})$ prenant ses valeurs dans \mathbb{R}^d est dit être un processus de Lévy s'il possède les propriétés suivantes :

1. **Incréments indépendants** : Pour $0 \leq t_1 < t_2 \leq t_3 < t_4$, $(Y_{t_2} - Y_{t_1})$ et $(Y_{t_4} - Y_{t_3})$ sont indépendants.
2. **Incréments stationnaires** : Pour tout $h > 0$, $(Y_{t+h} - Y_t)$ ne dépend pas de t .
3. **Continu à droite** : Pour tout $\epsilon > 0$ et $h > 0$,

$$\lim_{h \rightarrow 0} \mathbb{P}(|Y_{t+h} - Y_t| > \epsilon) = 0$$

La définition implique la propriété la plus importante d'un processus de Lévy, à savoir qu'à n'importe quel moment, la distribution de Y_t est infiniment divisible (Schoutens, 2003). Cela signifie que Y_t à un moment fixe peut être exprimé comme la somme de variables aléatoires indépendantes et identiquement distribuées (i.i.d.). Cette caractéristique est particulièrement utile lorsque la séquence présente de grands sauts, de petits sauts, ou les deux. Il n'est pas surprenant que les mouvements browniens, souvent représentés comme des processus de diffusion, et les processus de Poisson, souvent représentés comme des processus de saut, soient tous deux des processus de Lévy.

Étant donné que la distribution d'une variable aléatoire X peut être caractérisée par sa fonction caractéristique obtenue à partir de la transformée de Fourier, la loi (ou la distribution de probabilité) d'un processus de Lévy peut également être déterminée par cette même fonction caractéristique. Par conséquent, nous définissons ensuite la fonction caractéristique du processus de Lévy afin de l'utiliser ultérieurement.

Définition 2.2. Soit $(Y_t)_{t \geq 0}$ un processus de Lévy dans \mathbb{R}^d , alors il existe une fonction continue $\psi(u)$ appelée exposant caractéristique de Y_t , telle que

$$E(e^{iuY_t}) = e^{t\psi(u)}$$

Dans la Définition 2.2, la loi (ou la distribution) de Y_t est déterminée par la fonction $\psi(\cdot)$. À partir de la Définition 2.2, nous observons la distribution de Y_1 , et grâce à la stationnarité, la distribution de l'ensemble du processus est déterminée. Par conséquent, pour caractériser la distribution d'un processus de Lévy $(Y_t)_{t \geq 0}$, il nous suffit de spécifier $\psi(\cdot)$ pour Y_1 . La spécification exacte est déterminée par la représentation de Lévy-Khintchine qui spécifie complètement la fonction caractéristique des processus stationnaires à incréments indépendants.

Théorème 2.1 (Représentation de Lévy-Khintchine). Soit $(Y_t)_{t \geq 0}$ un processus de Lévy dans \mathbb{R}^d , alors

$$E(e^{iuY_t}) = e^{t\psi(u)},$$

où

$$\psi(u) = \gamma u i - \frac{1}{2} \sigma_\nu^2 u^2 + \int_{-\infty}^{\infty} (\exp(iuy) - 1 - iuy \mathbb{I}_{\{|y| < 1\}}) \nu(dy)$$

Le triplet $(\sigma_\nu^2, \nu, \gamma)$ est appelé triplet de Lévy, caractérisant de manière unique le processus de Lévy. La représentation de Lévy-Khintchine montre qu'un processus de Lévy peut posséder des propriétés de distribution spécifiées par les paramètres du triplet de Lévy. De plus, lorsque la fonction génératrice des moments d'une variable aléatoire existe, elle peut être déterminée à partir de la fonction caractéristique. La fonction $\psi(-iu)$ est le logarithme de la fonction génératrice des moments et est fréquemment utilisée pour les calculs liés aux moments. On l'appelle généralement la fonction génératrice des cumulants, que nous définissons comme $\kappa(u)$, c'est-à-dire,

$$\kappa(u) = \psi(-iu) = \gamma u + \frac{1}{2} \sigma_\nu^2 u^2 + \int_{-\infty}^{\infty} (\exp(uy) - 1 + uy \mathbb{I}_{\{|y| < 1\}}) \nu(dy)$$

Nous avons ensuite une proposition concernant la fonction génératrice des moments.

Proposition 2.1. Soit $(Y_t)_{t \geq 0}$ un processus de Lévy avec le triplet $(\sigma_\nu^2, \nu, \gamma)$. La fonction génératrice des moments $M_Y(u) = \mathbb{E}(e^{uY_t})$, $\xi \in \mathbb{R}$, est finie si et seulement si

$$\int_{|y| \geq 1} e^{uy} \nu(dy) < \infty$$

Alors

$$E(e^{uY_t}) = e^{t\psi(-iu)} = e^{\kappa(u)}$$

où ψ est l'exposant caractéristique de $(Y_t)_{t \geq 0}$.

La partie intrigante de la proposition 2.1 est qu'elle ressemble à un processus de Lévy exponentiel, également appelé processus de Lévy géométrique. La définition d'un processus de Lévy exponentiel est donnée ci-dessous.

Définition 2.3. Un processus de Lévy exponentiel $(X_t)_{t \geq 0}$ est donné comme suit

$$X_t = X_0 e^{Y_t}$$

où $(Y_t)_{t \geq 0}$ est un processus de Lévy.

Un processus de Lévy exponentiel est souvent utilisé dans la modélisation financière. Par exemple, la dynamique des rendements d'actifs est souvent supposée suivre un processus de Lévy exponentiel

$$S_t = S_0 \exp(Y_t)$$

où S_t est le prix d'une action au temps t , et Y_t représente la dynamique du prix de l'action, supposée être un processus de Lévy.

Modèle LCM et processus de Lévy NIG

Nous rappelons que, le modèle de Lee Carter Modifié, est défini comme suit :

$$\mu_{x,t} = \mu_{x,t-1} \exp(\alpha_x + \beta_x k_t + \epsilon_{x,t})$$

En itérant pour i allant de 1 à t , la formule ci-dessous :

$$\mu_{x,i} = \mu_{x,i-1} \exp(\alpha_x + \beta_x k_i + \epsilon_{x,i}) \quad (3.5)$$

nous aboutissons à une formule qui traduit la dynamique des changements de taux de mortalité, basée sur le taux de mortalité actuel :

$$\mu_{x,t} = \mu_{x,0} \exp(\alpha_x t + \beta_x \sum_{i=1}^t k_i + \sum_{i=1}^t \epsilon_{x,i}) \quad (3.6)$$

Cela révèle comment le taux de mortalité à un moment donné t peut être évalué en faisant intervenir une fonction exponentielle qui fournit la dynamique des changements de taux de mortalité.

Ainsi, la dynamique des changements de taux de mortalité est supposée suivre un processus de Lévy exponentiel.

Dans la suite, nous allons spécifier une distribution Normale Inverse Gaussienne (NIG) pour le terme d'innovation stochastique qui influence la dynamique des changements de taux de mortalité. Il s'agira de supposer que les k_i sont i.i.d de loi NIG et de montrer $\beta_x \sum_{i=1}^t k_i$ est aussi de loi de NIG et donc un processus de Lévy NIG.

3.3.3 Distribution normale-inverse gaussienne : NIG

Une distribution NIG est un mélange de distribution normale et de distribution gaussienne inverse (IG). Soit une variable aléatoire $Z > 0$, une variable aléatoire gaussienne inverse avec une fonction de densité

$$f_{IG}(z; \alpha, \beta) = \frac{\alpha}{\sqrt{2\pi\beta}} z^{-\frac{3}{2}} \exp\left(-\frac{(\alpha - \beta z)^2}{2\beta z}\right)$$

Pour construire une variable aléatoire NIG, considérons Z une variable aléatoire IG, telle que :

$$Z \sim IG\left(\delta, \sqrt{\alpha^2 - \beta^2}\right)$$

La variable aléatoire Y a une distribution NIG si sa distribution conditionnelle est une distribution normale.

$$(Y|Z) \sim \mathcal{N}(\mu + \beta z, z)$$

et la fonction de densité inconditionnelle de Y est :

$$f_{NIG}(y, \alpha, \beta, \mu, \delta) = \frac{\alpha}{\pi} \exp(\delta \sqrt{\alpha^2 - \beta^2} + \beta(y - \mu)) \frac{K_1\left(\alpha \sqrt{\delta^2 + (y - \mu)^2}\right)}{\sqrt{\delta^2 + (y - \mu)^2}} \quad (3.7)$$

Où $\alpha > 0$, $\beta < |\alpha|$, $\delta > 0$, $\mu \in \mathbb{R}$ et $K_1(\cdot)$ est la fonction de Bessel modifiée du troisième type d'ordre 1 (voir annexe 6). Elle est implémentée par la fonction `besselk()` du package de base lu logiciel

R.

Pour générer une variable aléatoire NIG, supposons que X soit une variable aléatoire tirée d'une distribution normale standard. Dans ce cas

$$Y = \beta Z + \sqrt{Z}X + \mu$$

est telle que : $Y \sim NIG(\alpha, \beta, \mu, \delta)$.

La fonction de densité du NIG (3.7) comporte quatre paramètres pour contrôler la forme et la localisation. La figure 50 montre comment ces paramètres affectent la forme et la localisation d'une distribution NIG. Ces figures sont tracées à l'aide de la fonction `dnig()` du package `fBasics` de R.

- Le paramètre α contrôle la lourdeur de la queue. Plus α est petit, plus la queue est lourde.
- Le paramètre β contrôle la symétrie de la forme. Lorsque β est égal à zéro, la forme est symétrique.
- Le paramètre μ est appelé paramètre de localisation et désigne le centre de la distribution.
- Le paramètre γ est appelé paramètre d'échelle et contrôle le kurtosis de la distribution. Plus γ est grand, plus on observe un pic plus prononcé.

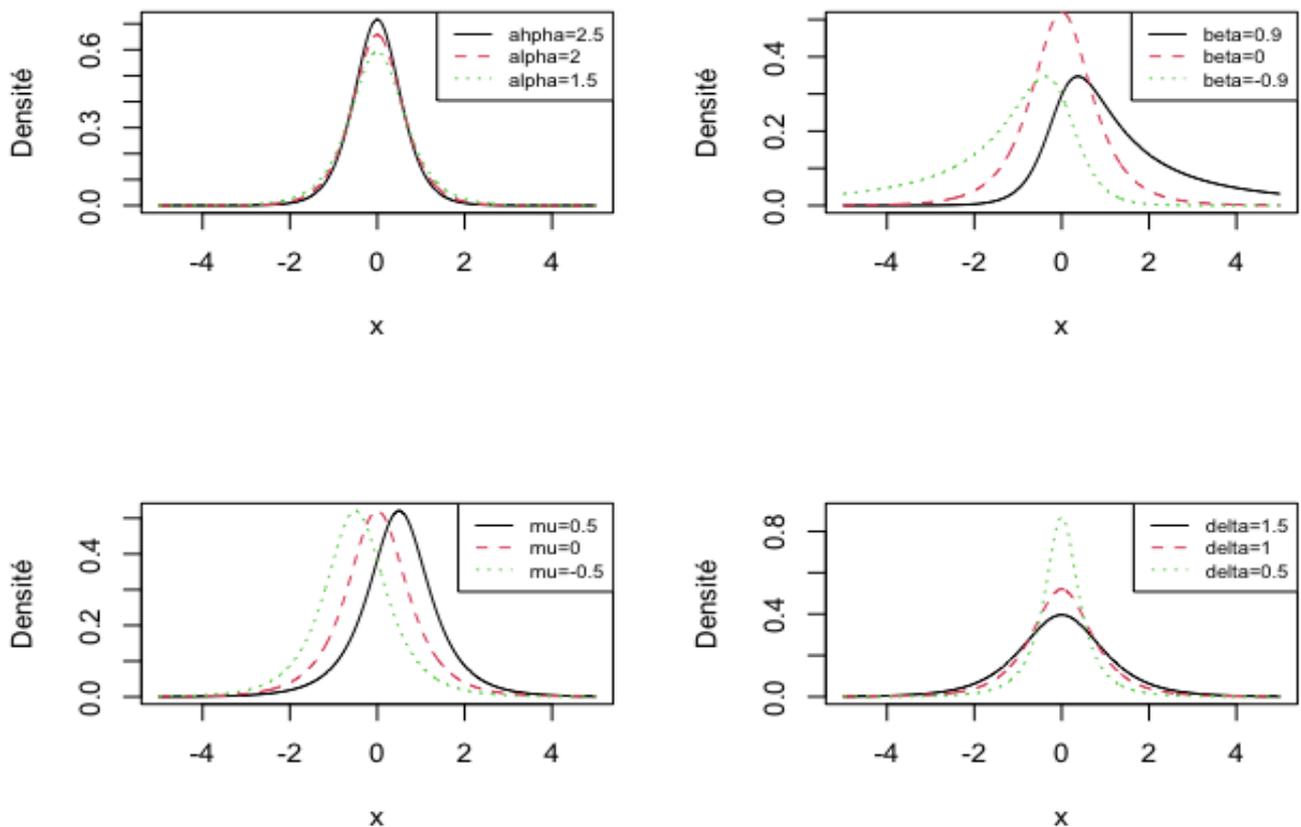


FIGURE 50 – Densité de la loi NIG suivant différentes valeurs des paramètres.

Source : Données de la Human Mortality Database

Une distribution NIG possède de bonnes propriétés de convolution et de mise à l'échelle, ce qui la rend facile à utiliser dans de nombreuses applications analytiques (Blaesild, Jensen, 1981).

Proposition 3.1 : (Propriété de convolution)

Soit Y_1 et Y_2 deux variables aléatoires indépendantes de loi NIG telles que :

$$Y_1 \sim NIG(\alpha, \beta, \mu_1, \delta_1)$$

$$Y_2 \sim NIG(\alpha, \beta, \mu_2, \delta_2)$$

Alors la variable : $Z = Y_1 + Y_2$ est aussi une variable aléatoire de loi NIG telle que :

$$Z \sim NIG(\alpha, \beta, \mu_1 + \mu_2, \delta_1 + \delta_2)$$

Proposition 3.2 : (propriété de mise à l'échelle)

Soit Y une variable aléatoire de loi NIG, telle que

$$Y \sim NIG(\alpha, \beta, \mu, \delta)$$

Étant donné une constante $c > 0$, on a cY qui est aussi une variable aléatoire de loi NIG, telle que :

$$cY \sim NIG\left(\frac{\alpha}{c}, \frac{\beta}{c}, c\mu, c\delta\right)$$

Nous avons obtenu précédemment que les k_t sont des observations indépendantes d'une variable aléatoire. Selon ces deux propriétés nous avons l'implication suivante :

$$\begin{cases} k_i \sim NIG(\alpha, \beta, \mu, \delta) \\ N_{x,t} = \beta_x \sum_{i=1}^t k_i \end{cases} \implies N_{x,t} \sim NIG\left(\frac{\alpha}{|\beta_x|}, \frac{\beta}{|\beta_x|}, |\beta_x| \mu t, |\beta_x| \delta t\right)$$

Ainsi, en supposant que $(N_{x,t})$ soit un processus de Lévy NIG, Le modèle de Lee Carter Modifié 3.6 devient :

$$\mu_{x,t} = \mu_{x,0} \exp(\alpha_x t + N_{x,t}) \quad (3.8)$$

Cela correspond à un processus de Lévy exponentiel. Aucun terme d'erreur n'est inclus dans ce modèle, car tout écart par rapport aux données observées peut être englobé par un terme de diffusion. Selon (Schoutens, 2003), il est possible de ne pas inclure de terme de diffusion, car le processus de Lévy est capable de prendre en compte à la fois de grands et de petits sauts. Par conséquent, l'ajout d'un terme de diffusion n'aura qu'un impact minime sur l'estimation.

3.3.4 Estimation des paramètres de la distribution : NIG

Il existe deux façons d'estimer les paramètres du NIG :

La méthode des moments.

La méthode d'estimation des moments est une technique statistique utilisée pour estimer les paramètres d'une distribution de probabilité à partir d'un échantillon de données. Le principe de cette méthode est de comparer les moments empiriques (calculés à partir des données de l'échantillon) avec les moments théoriques de la distribution.

Cependant, elle peut être sensible aux propriétés de la distribution et à la taille de l'échantillon.

Soit $\gamma = \sqrt{\alpha^2 - \beta^2}$

Les moments théoriques centrés d'une variable aléatoire de loi NIG de paramètre α, β, μ et δ sont :

$$E(Y) = \mu + \frac{\delta\beta}{\gamma}$$

$$\text{Var}(Y) = \frac{\delta\alpha^2}{\gamma^3}$$

$$\text{skewness} = \frac{3\beta}{\alpha\sqrt{\delta\gamma}}$$

$$\text{kurtosis} = \frac{3\left(1 + 4\left(\frac{\beta}{\alpha}\right)^2\right)}{\delta\gamma}$$

avec $\alpha > 0$, $\beta < |\alpha|$, $\delta > 0$, $\mu \in \mathbb{R}$.

Les moments empiriques sont donnés par :

$$\text{moyenne} = \bar{y} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n y_i$$

$$\text{variance} = \hat{\sigma}_Y^2 = \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2$$

$$\text{skewness} = \hat{S}_Y = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \left(\frac{y_i - \bar{y}}{\hat{\sigma}_Y} \right)^3$$

$$\text{kurtosis} = \hat{K}_Y = -3 + \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \left(\frac{y_i - \bar{y}}{\hat{\sigma}_Y} \right)^4$$

En mettant en équation ces expressions, nous pouvons d'abord trouver l'estimation de γ comme suit :

$$\hat{\gamma} = \frac{3}{\hat{\sigma}_Y \sqrt{3\hat{K}_Y - 5\hat{S}_Y^2}}$$

et nous pouvons alors trouver l'estimation de tous les paramètres comme suit :

$$\hat{\delta} = \frac{9}{\hat{\gamma} (3\hat{K}_Y - 4\hat{S}_Y^2)}$$

$$\hat{\alpha} = \hat{\sigma}_Y \hat{\gamma} \sqrt{\frac{\hat{\gamma}}{\hat{\delta}}}$$

$$\hat{\beta} = \sqrt{\hat{\alpha}^2 - \hat{\gamma}^2}$$

$$\hat{\mu} = \bar{y} - \frac{\hat{\delta}\hat{\beta}}{\hat{\gamma}}$$

L'existence de ses moments est garantie si la condition $3\hat{K}_Y > 4\hat{S}_Y^2$ est respectée.

La méthode du maximum de vraisemblance.

La deuxième approche est la méthode du maximum de vraisemblance. (Prause, others, 1999), montre la fonction de log-vraisemblance pour une distribution hyperbolique généralisée. Étant donné que la fonction de densité de la distribution NIG est (3.7) et qu'une distribution NIG est l'un des

cas particuliers des distributions hyperboliques généralisées, nous pouvons obtenir une fonction de log-vraisemblance présentée comme suit :

$$L_{NIG}(y|\alpha, \beta, \mu, \delta) = \log(a(\alpha, \beta, \delta)) - \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n \log(\delta^2 + (y_i - \mu)^2) + \sum_{i=1}^n \left(\log \left(K_{-1} \left(\alpha \sqrt{\delta^2 + (y_i - \mu)^2} \right) \right) + \beta (y_i - \mu) \right)$$

Où

$$a(\alpha, \beta, \delta) = \frac{\alpha \delta}{\sqrt{2\pi} \times \sqrt[4]{\alpha^2 - \beta^2} \times K_{-\frac{1}{2}} \left(\delta \sqrt{\alpha^2 - \beta^2} \right)}$$

Les dérivées partielles de la log-vraisemblance sont présentées comme suit :

$$\frac{d}{d\alpha}(L_{NIG}) = n \frac{\alpha \delta}{\sqrt{\alpha^2 - \beta^2}} - \sum_{i=1}^n \sqrt{\delta^2 + (y_i - \mu)^2} R_{-1}(a(\alpha, \beta, \delta)) \sqrt{\delta^2 + (y_i - \mu)^2}$$

$$\frac{d}{d\beta}(L_{NIG}) = n \left(-\frac{\alpha \beta}{\sqrt{\alpha^2 - \beta^2}} - \mu \right) + \sum_{i=1}^n y_i$$

$$\frac{d}{d\delta}(L_{NIG}) = n \left(\frac{1}{\delta} + \sqrt{\alpha^2 - \beta^2} \right) + \sum_{i=1}^n \left(\frac{-2\delta}{\delta^2 + (y_i - \mu)^2} - \frac{\alpha \delta}{\sqrt{\delta^2 + (y_i - \mu)^2}} \right)$$

$$\frac{d}{d\mu}(L_{NIG}) = n \beta \sum_{i=1}^n \frac{y_i - \mu}{\sqrt{\delta^2 + (y_i - \mu)^2}} \times \left(\frac{2}{\sqrt{\delta^2 + (y_i - \mu)^2}} + \alpha R_{-1} \left(\alpha \sqrt{\delta^2 + (y_i - \mu)^2} \right) \right)$$

Où

$$R_{-1} = \frac{1}{\pi} \int_0^\infty \frac{x dy}{y (J_1(\sqrt{y}) + Y_1(\sqrt{y})) \times (y + x^2)}$$

et $J_1(\cdot)$ et $Y_1(\cdot)$ sont respectivement des fonctions de Bessel du premier ordre de degré 1 et des fonctions de Bessel du second ordre de degré 1 (voir l'annexe 7). Nous pouvons en outre dériver des solutions directes pour μ et β comme suit :

$$\hat{\mu} = -\frac{\delta \beta}{\sqrt{\alpha^2 - \beta^2}} + \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n y_i$$

$$\hat{\beta} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{y_i - \mu}{\sqrt{\delta^2 + (y_i - \mu)^2}} \times \left(\frac{2}{\sqrt{\delta^2 + (y_i - \mu)^2}} + \alpha R_{-1} \left(\alpha \sqrt{\delta^2 + (y_i - \mu)^2} \right) \right)$$

Ces deux approches peuvent parfois aboutir à des résultats divergents. La méthode basée sur les moments utilise les moments de l'échantillon et peut offrir une meilleure représentation visuelle de la forme de la distribution. De plus, elle permet d'obtenir des approximations proches même lorsque des solutions exactes ne sont pas toujours possibles. D'un autre côté, la méthode du maximum de vraisemblance donne l'estimation la plus probable et présente des propriétés asymptotiques utiles pour l'inférence statistique. Dans la pratique, il est courant de commencer par calculer les estimations à l'aide de la méthode des moments, puis de les utiliser comme points de départ pour la méthode du

maximum de vraisemblance. Cela permet de combiner les avantages de ces deux approches.

Le tableau ci-dessous montre les résultats de l'estimation par maximum de vraisemblance des paramètres de la loi NIG, sur les données de la mortalité masculine en France. Nous utiliserons ces paramètres pour tracer la densité de la loi NIG.

Paramètres	α	β	μ	δ
Valeurs	3.466710e-14	-4.443602e-15	3.488429e-02	3.581436

TABLE 15 – Valeurs estimées des paramètres de la loi NIG par maximum de vraisemblance pour la période allant de 1900-2000, pour les hommes.

la figure ci-dessous, montre la distribution ajustée de l'indice de mortalité de la population masculine française de 1900 à 2000 par le modèle LCM, ainsi que les densités de la loi NIG et la loi normale (en Annexe figure 66 pour les femmes).

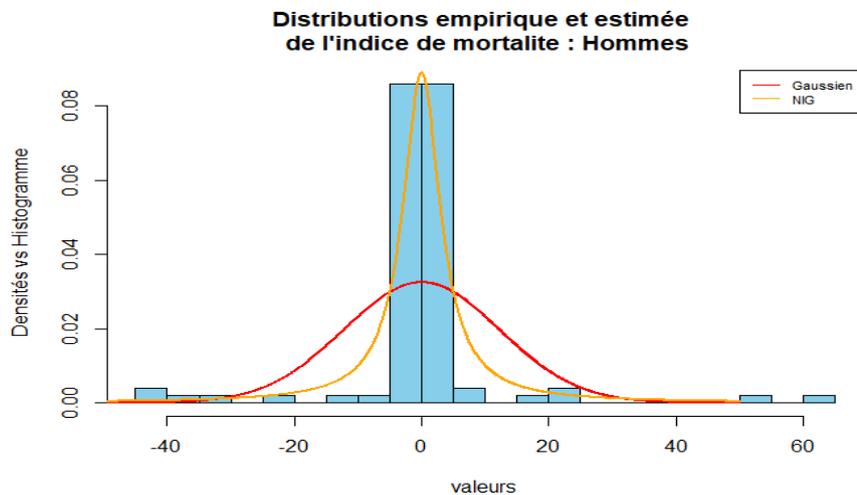


FIGURE 51 – Histogrammes des Valeurs estimées de k_t par le modèle LCM.
Source : Données de la Human Mortality Database .

On observe que la distribution normale ne semble pas adaptée pour représenter efficacement des queues épaisses et une caractéristique leptokurtique. En revanche, la distribution NIG semble être un ajustement approprié pour les données de mortalité comportant des événements extrêmes.

Nous optons donc pour la distribution NIG, qui offre une meilleure adéquation à l'indice de mortalité par rapport à une distribution gaussienne, car elle permet de modéliser efficacement les situations où le taux de mortalité présente un niveau élevé d'aplatissement. Et dans le cas contraire, les deux distributions produisent des résultats assez similaires.

3.4 Comparaison entre les taux de mortalité prédits par les deux modèles et les taux réels de 2000-2020.

Après avoir sélectionné un modèle pour l'indice de mortalité k_t , notre objectif est de projeter les taux de mortalité logarithmiques par tranche d'âge. Pour ce faire, nous optons pour l'approche de simulation de Monte Carlo. Nous avons recours à cette méthode pour prendre en compte l'incertitude inhérente aux prévisions à venir.

Pour prédire les taux futurs, nous utilisons la formule :

$$\mu_{x,t} = \mu_{x,0} \exp(\alpha_x t + N_{x,t})$$

La valeur de $N_{x,t}$ émerge grâce à la mise en œuvre d'une simulation basée sur la distribution NIG. La quantité $\mu_{x,0}$ représente le taux de mortalité constaté. En exploitant les données démographiques relatives à la population masculine française âgée de 65 ans sur la période de 1950 à 2000, nous entreprenons la prédiction des taux de mortalité logarithmiques pour la période allant de 2000 à 2020.

Sur la figure 52 les intervalles de confiance du modèle de Lee Carter (LC) sont les lignes pointillées rouges, l'intervalle de confiance de notre modèle (LCM + NIG) est représenté par la ligne bleue et la ligne verte représente la moyenne des simulations stochastiques de Monté Carlo du logarithme du taux de mortalité prédit.

Pour les prévisions, nous avons simulé, pour chaque année future, 100 000 tirages aléatoires de la distribution NIG, appropriée, en utilisant les paramètres trouvés dans l'ensemble d'apprentissage, et nous avons trouvé la valeur moyenne ainsi que l'intervalle prédictif à 95 %.

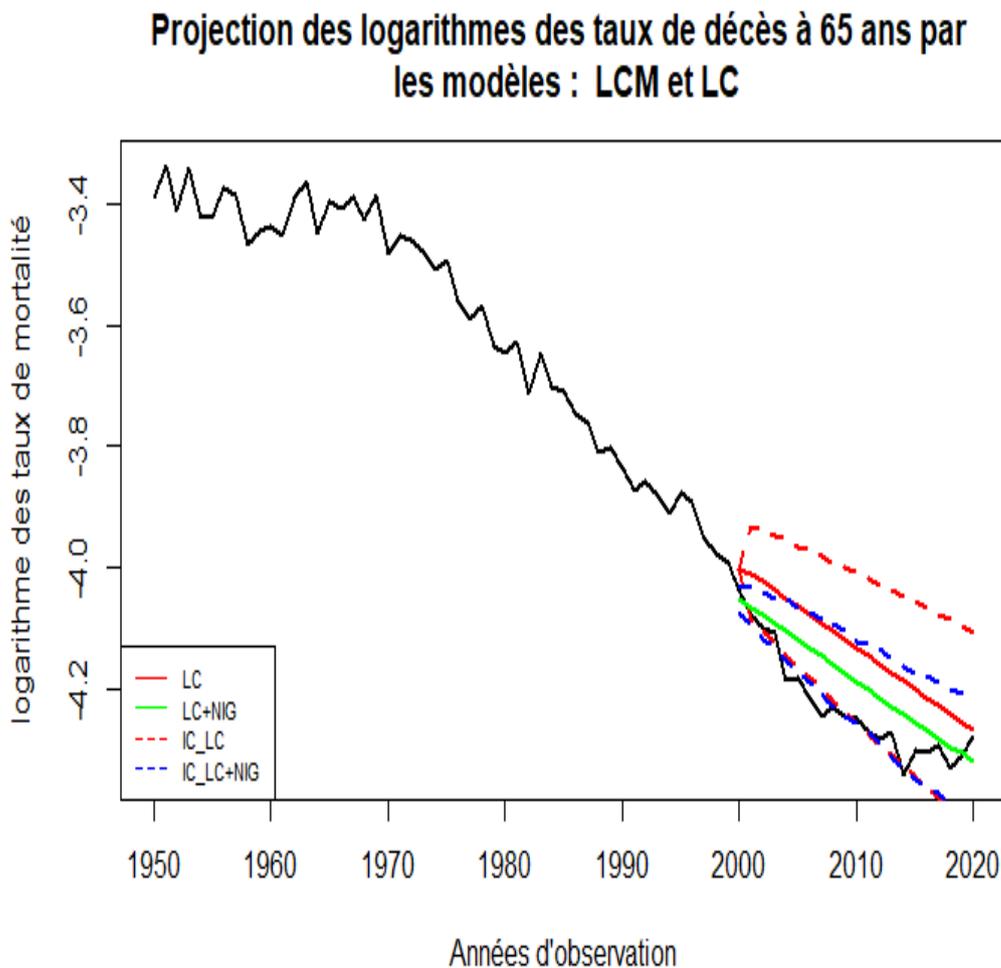


FIGURE 52 – Logarithme des taux de mortalité observés et prévus pour la population masculine française des années 2000-2020 et intervalles de confiance de 95%.

Source : Données de la Human Mortality Database.

Nous observons que le modèle LCM avec loi NIG a un intervalle de confiance plus étroit. L'intervalle

de confiance augmente au fil du temps, ce qui signifie que l'incertitude du taux de mortalité augmente. En général, les taux de mortalité obtenus par le modèle de LCM avec la loi NIG sont inférieurs à ceux du modèle de Lee-Carter et plus proches des taux réels. Une mortalité plus faible correspond à un taux de survie plus élevé, ce qui évite la sous-estimation du risque de longévité.

Sur la période 2000-2020 nous observons que les logarithmes des taux observés sont inférieurs aux logarithmes des deux projections. Par ailleurs, les logarithmes des taux observés ne sont pas tous dans l'intervalle de confiance des deux modèles LCM avec la loi NIG et LC, ils sortent des intervalles de confiance de 2003 à 2008 et 2014.

Nous observons également qu'à partir de 2014 les logarithmes des taux observés augmentent en s'approchant de la moyenne projetée, et même en la dépassant en 2020.

Nous pouvons conclure que par rapport aux deux modèles, LCM avec loi NIG et LC, les logarithmiques des taux de mortalité observés sont en rupture à partir de 2003 et la tendance est inversée à partir de 2014.

Troisième partie

Description des procédures de test de changements structurels et application à l'indice de mortalité de la population française

Chapitre 1

Propriétés de stationnarité de l'indice de mortalité.

1.1 Indice de mortalité et ruptures de tendance : modélisation

1.1.1 Définition de la non-stationnarité

La majorité des séries temporelles présentent une non-stationnarité, ce qui signifie que le processus qui les décrit ne satisfait pas au moins l'une des conditions énoncées dans la définition d'un processus stationnaire du second ordre ci-dessous :

- $E(Y_t) = m$ indépendant du temps
- $V(Y_t) = \gamma(0) < \infty, \gamma(0)$ indépendant du temps
- $\text{Cov}(Y_t, Y_{t-h}) = \gamma(h)$ ne dépend pas de t

Deux catégories de non-stationnarité sont définies :

- La non-stationnarité déterministe, le premier moment n'est pas indépendant du temps.
- La non-stationnarité stochastique : les conditions du second d'ordre ne sont pas remplies.

1.1.2 Non-stationnarité déterministe

Le processus Y_t est considéré comme étant TS (*trend stationary*) si l'on peut écrire :

$$Y_t = f(t) + Z_t$$

La tendance est caractérisée par $f(t)$ qui est une fonction qui dépend du temps et le cycle est caractérisé par Z_t qui est un processus stationnaire. Ces deux éléments ne présentent pas de corrélation entre eux.

Ainsi, Y_t est rendu stationnaire en lui enlevant sa tendance déterministe :

$$Y_t - f(t) = Z_t \text{ stationnaire}$$

Le comportement du processus Z_t peut être décrit en utilisant un processus $ARMA(p, q)$ stationnaire (avec le bruit blanc comme un cas spécifique). Ce modèle possède une forme standard $\Phi(L)Z_t = \Theta(L)\varepsilon_t$ ¹.

1. Φ et Θ représentent des polynômes de degré p et q respectivement.
L est l'opérateur retard : $LX_t = X_{t-1}$

$f(t)$ est une fonction déterministe, par exemple $f(t) = a + bt$ (cas le plus couramment retenu), mais on pourrait aussi considérer, entre autres, une tendance quadratique $f(t) = a + bt + ct^2$ ou une tendance segmentée $f(t) = a_1 + b_1t + a_2\mathbb{I}_{t < t_0} + b_2t\mathbb{I}_{t < t_0}$, avec $\mathbb{I}_{t < t_0} = 1$ si $t < t_0$ et 0 sinon.

Une conséquence initiale de la présence d'un processus stationnaire en tendance est que l'impact d'une perturbation imprévue (ε_t) n'a pas de durée prolongée sur le processus, car elle ne peut altérer la partie de tendance qui est exogène dans ce contexte. Par conséquent, son influence se manifesterá uniquement sur la composante cyclique (les résidus Z_t), considérée comme stationnaire, ce qui signifie que son effet demeurera transitoire. Une deuxième conséquence émerge : la séparation entre la tendance et le cycle est intrinsèque dans ce scénario.

1.1.3 Non stationnarité stochastique

On dit que le processus Y_t est caractérisé par une non stationnarité stochastique, ou encore que le processus Y_t est DS (Difference stationary) si le processus différencié une fois $(1-L)Y_t$ est stationnaire. On parle aussi de processus intégré d'ordre 1, que l'on note $Y_t \sim I(1)$:

$$(1-L)Y_t = Z_t \text{ stationnaire} \implies Y_t = Y_{t-1} + Z_t$$

De manière générale, on dit que le processus Y_t est un processus intégré d'ordre d , avec d le degré d'intégration, si le processus différencié d fois $(1-L)^d Y_t$ est stationnaire. On note $Y_t \sim I(d)$:

$$(1-L)^d Y_t = Z_t$$

Si Z_t suit un modèle $ARMA(p, q)$ stationnaire, $\Phi_p(L)Z_t = \Theta(L)\varepsilon_t$, avec $\Phi_p(L)$ un polynôme de degré p dont les racines sont toutes strictement supérieures à 1 en module, $\Theta(L)$ un polynôme de degré q dont les racines sont toutes strictement supérieures à 1 en module, et ε_t un bruit blanc $(0, \sigma^2)$:

$$\Phi_p(L)(1-L)^d Y_t = \Theta(L)\varepsilon_t \iff \Phi_{p+d}(L)Y_t = \Theta(L)\varepsilon_t$$

avec $\Phi_{p+d}(L)$ un polynôme de degré $p+d$ avec d racines égales à 1 et les p autres strictement supérieures à 1 en module.

Ainsi, dire qu'un processus est $I(d)$ signifie que le polynôme en L définissant sa partie autorégressive a d racines unitaires.

Les exemples les plus connus de processus $I(1)$ sont, d'une part, la marche aléatoire pure :

$$Y_t = Y_{t-1} + \varepsilon_t$$

et, d'autre part, la marche aléatoire avec dérive :

$$Y_t = c + Y_{t-1} + \varepsilon_t$$

Il s'agit d'un AR(1) avec racine unitaire. Ainsi, on parle aussi de présence de racine(s) unitaire(s) pour parler des processus non stationnaires de type stochastique.

Un résultat initial de la présence d'un processus à persistance est que l'occurrence d'un choc inattendu (ε_t) à une date spécifique impacte à la fois la trajectoire de tendance et le futur du processus. Le processus se caractérise par la persistance des chocs. Autrement dit, un choc de courte durée à une date donnée entraîne un effet permanent sur le niveau du processus, car ce dernier ne reviendra jamais à sa valeur initiale suite à ce choc. Une autre conséquence majeure est que la séparation entre la composante de tendance et celle cyclique n'est plus évidente dans ce cadre. Pour l'obtenir, on doit recourir à des méthodes de décomposition appropriées (comme la décomposition de Beveridge et Nelson, par exemple).

1.2 Indice de mortalité et ruptures de tendance : modélisation

1.2.1 Modèles TS (*trend stationary*) et DS (*Difference stationary*) de l'indice de mortalité et taux de décroissance tendancielle

Cette section se focalise sur l'identification de tout changement brusque dans le taux de décroissance de l'indice de mortalité k_t du modèle de Lee Carter. Une méthode directe pour évaluer k_t implique d'estimer le modèle ci-dessous, où l'on considère que k_t suit une *tendance linéaire* :

$$k_t = \mu + \beta t + v_t \quad (1.1)$$

Où k_t représente une observation de l'indice de mortalité et t indique le temps, correspondant aux moments d'observation : $t = 1 \dots T$. Nous comprendrons le paramètre β comme le taux de décroissance à long terme. La variable résiduelle v_t , avec une moyenne nulle, représente la composante cyclique. Il est probable que cette variable v_t possède des corrélations temporelles. Cependant, contrairement à cela, v_t est supposée être stationnaire : l'indice de mortalité du modèle de Lee-Carter affiche donc une stabilité relative par rapport à une tendance. Le modèle (1.1), conjointement avec l'hypothèse de la stationnarité de v_t , est désigné sous le nom de modèle "TS" comme énoncé précédemment.

Cependant, dans l'article initial, (Lee, Carter, 1992) adopte l'hypothèse suivant laquelle l'indice de mortalité est stationnaire en différence (DS). Cette hypothèse conduit au modèle suivant (marche aléatoire « avec dérive ») :

$$\Delta k_t = b + e_t \quad (1.2)$$

Dans cette structure, le terme d'erreur e_t est considéré comme stationnaire (mais il est probablement sujet à des corrélations temporelles). La constante b représente la composante déterministe du taux de décroissance de l'indice de mortalité et nous l'interpréterons comme le taux de décroissance à long terme.

La distinction entre les modèles TS et DS repose sur l'hypothèse formulée à propos des résidus, plutôt que sur l'utilisation des équations (1.1) et (1.2). En réalité, l'expression (1.2) peut être obtenue en prenant simplement la première différence de l'équation (1.1) et en définissant $e_t = v_t - v_{t-1}$ ainsi que $b = \beta$. De manière inverse, le modèle (1.2) peut être reformulé selon la forme (1.1) en considérant $\mu = y_0$ et $v_t = \sum_{i=0}^{t-1} e_{i-i}$.

L'utilisation des moindres carrés ordinaires (MCO) pour estimer β ou b aboutit à des résultats qui convergent et deviennent asymptotiquement comparables, indépendamment de la nature du processus de v_t dans l'équation (1.1), qu'il soit I(0) ou I(1), comme souligné par Canjels, Watson (1997).

1.2.2 Ruptures de tendance

Notre attention est portée vers la détection de changements soudains dans le taux de décroissance à long terme, représenté par le paramètre β ou b , dans les modèles TS et DS. L'approche basée sur les ruptures de tendance implique une extension du modèle (1.1) ou (1.2), en permettant, de manière générale, l'existence de m ruptures au niveau des paramètres, entraînant ainsi l'émergence de $m + 1$ régimes de décroissance distincts.

En ce qui concerne le modèle (1.1), le schéma général correspond à celui d'une tendance segmentée :

$$\begin{aligned} k_t &= \mu_1 + \beta_1 t + v_t \quad \text{pour } t = 1, \dots, T_1 \\ k_t &= \mu_2 + \beta_2 t + v_t \quad \text{pour } t = T_1 + 1, \dots, T_2 \\ k_t &= \mu_{m+1} + \beta_{m+1} t + v_t \quad \text{pour } t = T_m + 1, \dots, T_{m+1} \quad (\text{avec } T = T_{m+1}) \end{aligned} \quad (1.3)$$

L'examen de l'absence de changements soudains équivaut à comparer le modèle (1.1) au modèle (1.3), qui est plus général. Les ruptures dans le cadre du modèle TS peuvent prendre différentes formes spécifiques d'intérêt. Nous allons les explorer ici en utilisant la classification et la terminologie de Perron (1998), qui distingue les modèles A, B et C. Pour simplifier, nous examinerons le scénario où le modèle comporte une seule rupture à la date T_1 . De plus, pour les différents cas A, B et C, le modèle pour le premier régime de croissance est supposé être formulé comme suit :

$$k_t = \mu_1 + \beta_1 t + v_t \quad \text{pour } t = 1, \dots, T_1$$

Le modèle A implique une modification permanente du niveau de l'indice de mortalité à la date T_1 (un "crash"). Ainsi, pour la deuxième période ($t = T_1 + 1, \dots, T$), le modèle est alors caractérisé par :

$$k_t = \mu_2 + \beta_1 t + v_t$$

et $\mu_2 - \mu_1$ est le saut de l'indice k_t à la date $T_1 + 1$.

Le modèle B reflète un ajustement de la pente de k_t , avec un raccordement continu en $t = T_1$ au niveau de la composante déterministe. En employant la variable indicatrice $I(\cdot)$, pour une valeur fixée de T_1 , le modèle se formule sur l'ensemble de la période de la manière suivante :

$$k_t = \mu_1 + \beta_1 t + (\beta_2 - \beta_1)(t - T_1)I(t > T_1) + v_t, \quad t = 1, \dots, T \quad (1.4)$$

Sur la seconde période uniquement, le modèle se présente sous la forme $k_t = \mu_2 + \beta_2 t + v_t$, en accord avec l'équation (1.3). À ce stade, les paramètres sont reliés par l'équation $\mu_2 = \mu_1 + (\beta_2 - \beta_1)T_1$.

Le modèle C représente le scénario général décrit par l'équation (1.3) pour $m = 1$: un changement simultané de pente et de niveau pour l'indice de mortalité. Au cours de la seconde période, l'équation devient $k_t = \mu_2 + \beta_2 t + v_t$, sans contrainte entre les paramètres.

Dans le contexte de l'application qui suit, parmi les modèles TS possibles, nous optons pour l'adoption du modèle (B).

La formulation DS offre également la possibilité de modéliser et d'évaluer des changements dans la composante déterministe de la décroissance à long terme, en mettant en évidence des variations dans le paramètre b . Des travaux antérieurs tels que (Banerjee et al., 1992) ont considéré des ruptures sous cette forme pour divers pays développés. En situation d'une unique rupture, nous identifions comme :

Le modèle D, dans le cadre de l'hypothèse alternative de rupture :

$$\Delta k_t = b_1 + (b_2 - b_1)I(t > T_1) + v_t, \quad t = 1, \dots, T \quad (1.5)$$

1.2.3 Autocorrélation des résidus

L'analyse de l'autocorrélation des résidus joue un rôle essentiel dans l'estimation et les tests de ruptures. Cette autocorrélation est présente dans les modèles TS (équations (1.1) et (1.4)) du fait que les résidus capturent la composante cyclique de k_t , résultant de perturbations persistantes influençant la démographie et de délais de propagation inhérents. Les modèles DS (équations (1.2) et (1.5)) affichent aussi une autocorrélation des résidus, car la simple différence de premier ordre ne rend pas compte de toute la dynamique de l'indice de mortalité. Cette autocorrélation ne biaise pas l'estimation des paramètres des modèles, mais elle peut affecter la validité des tests de ruptures.

Pour supprimer l'effet de l'autocorrélation persistante, deux approches sont possibles. La première, que nous appelons approche non paramétrique, consiste à estimer les paramètres, d'un modèle statique

(comme (1.1) ou (1.2)) basé sur les moindres carrés ordinaires. Ensuite, lors des tests de rupture, l'autocorrélation est prise en compte via une estimation robuste de la matrice de variance des paramètres (par exemple, la méthode de (Newey, West, 1987)). La seconde, l'approche paramétrique, intègre des régressions augmentées avec des termes autorégressifs dans l'équation (1.1) pour capturer l'autocorrélation de manière intrinsèque telle que :

$$k_t = \mu_1^* + \beta_1^* t + c_1 y_{t-1} + \dots + c_p y_{t-p} + \varepsilon_t \quad (1.6)$$

Dans ce contexte, les résidus peuvent être interprétés comme des perturbations aléatoires non corrélées. Cette démarche est pertinente, notamment lorsque l'autocorrélation des résidus adopte la structure d'un processus autorégressif (AR). Par exemple, envisageons la situation où les résidus dans l'équation (1.1) obéissent à un processus AR(1) impulsé par l'innovation ε_t :

$$v_t = \rho v_{t-1} + \varepsilon_t$$

La quasi-différenciation de l'équation (1) donne :

$$k_t = \mu(1 - \rho) - \rho\beta + \beta(1 - \rho)t + \rho y_{t-1} + \varepsilon_t$$

En posant $c = \rho$, $\mu^* = \mu(1 - \rho) - \rho\beta$, $\beta^* = \beta(1 - \rho)$, on retrouve bien une écriture (1.6) dont le résidu est un bruit blanc. L'estimation d'une équation comme (1.6) s'apparente dans ce cas à l'application de moindres carrés généralisés.

Dans la pratique, pour l'approche paramétrique, il est nécessaire de choisir judicieusement le nombre de décalages (p) à incorporer dans l'équation. Il est important de noter que l'évaluation de la stabilité du modèle (1.6) peut avoir plusieurs interprétations. En effet, il est possible de tester une rupture partielle qui affecte uniquement les paramètres de pente et de niveau (μ^* et β^*), ou une rupture concernant l'ensemble des paramètres, y compris ceux qui décrivent la dynamique (les paramètres d'autocorrélation c_i).

Dans la partie application, nous utiliserons l'approche non paramétrique qui n'est pas influencé par l'autocorrélation et l'hétéroscédasticité.

En considérant l'éventualité d'une rupture, le modèle estimé correspond alors au scénario de tendance stationnaire (TS) :

$$k_t = \mu_1^* + \beta_1^* t + \gamma (t - T_1) I(t > T_1) + \sum_{i=1}^p c_i y_{t-i} + \varepsilon_t \quad (1.7)$$

Dans le cas de la modélisation DS, l'approche paramétrique se fonde de la même façon sur une équation autorégressive :

$$\Delta k_t = b_1^* + (b_2^* + b_1^*) I(t > T_1) + \sum_{i=1}^p c_i \Delta y_{t-i} + u_t \quad (1.8)$$

Le taux de décroissance de long terme se déduit de l'équation estimée respectivement par $\beta_1 = \beta_1^* / (1 - \sum_{i=1}^p c_i)$ dans le cas TS et $b_1 = b_1^* / (1 - \sum_{i=1}^p c_i)$ dans le cas DS.

La comparaison directe entre l'approche par MCO statique et l'approche autorégressive n'est pas aisée en soi. Leur efficacité relative dans l'estimation des paramètres de croissance tendancielle en petits échantillons dépend de la structure précise de l'autocorrélation dans le modèle. Une référence à ce sujet est l'article de (Canjels, Watson, 1997).

Selon l'approche choisie (paramétrique ou non paramétrique), les modèles estimés (1.4) ou (1.7) pour TS, (1.5) ou (1.8) pour DS, présentent différentes dynamiques après une rupture. En cas de

rupture dans l'indice de mortalité, l'approche non paramétrique induit un changement immédiat du taux de décroissance, tandis que l'approche paramétrique crée une transition progressive.

1.3 Non-stationnarité stochastique versus tendance segmentée : discussion

Pour détecter les ruptures dans le taux de croissance tendancielle, une approche consiste à choisir entre les spécifications (1.1) ou (1.2) en utilisant des tests préliminaires sur la nature de la non-stationnarité. Le débat persistant sur le choix entre la stationnarité en différence et la stationnarité autour d'une tendance a été abordé par Perron (1989) avec des tests d'hypothèse de racine unitaire - comme l'ADF (Dickey-Fuller augmenté) - permettant une tendance déterministe avec rupture dans l'hypothèse alternative. (Zivot, Andrews, 1992), (Banerjee et al., 1992) ainsi que (Perron, 1997) ont étendu ces tests pour endogénéiser la date de rupture, les rendant très efficaces dans notre contexte.

Une difficulté réside dans la nécessité de tester simultanément la rupture et la stationnarité du modèle. Tester la stationnarité avant de détecter les ruptures est problématique car ces dernières influencent les tests de stationnarité. Cependant, à ce jour, aucune méthode ne permet de réaliser simultanément ces deux types de tests de manière cohérente.

Pour surmonter ces obstacles, nous testons la présence de ruptures sous deux hypothèses distinctes : celle de la tendance stationnaire (modèle B, désigné comme « TS ») et celle de la stationnarité en différence (modèle D). Confronter les résultats issus de ces deux modèles nous offre un aperçu de la solidité temporelle et de la signification des ruptures de tendance. Plus précisément, si les conclusions des tests de stabilité se révèlent similaires lorsqu'ils sont menés en utilisant ces deux spécifications concurrentes, les résultats concernant la stabilité peuvent être considérés comme fiables.

Notons que, pour chaque test effectué, au moins l'une des équations TS ou DS présente une spécification erronée, étant donné que les deux formulations de non-stationnarité ne sont pas compatibles.

Chapitre 2

Tests des ruptures à des dates inconnues

Dans ce chapitre, nous évaluons la stabilité des paramètres d'un modèle de régression linéaire, tel que la composante déterministe de la décroissance de l'indice de mortalité dans les modèles précédents. Nous commençons par la statistique de Chow classique, puis examinons de nouvelles approches pour tester la stabilité face à des ruptures multiples, avec des dates inconnues.

Deux cadres se distinguent : les tests de fluctuation généralisés, ne requérant pas de modèle spécifique, et les tests de ruptures structurelles (ayant pour base la statistique de Chow) conçues pour une alternative spécifique, adaptées à la détection de ruptures à des dates précises.

Ces méthodes contribuent à mieux comprendre les ruptures potentielles dans notre contexte d'analyse.

2.1 Tests de fluctuations généralisées

Dans le test de fluctuation généralisée, un modèle est ajusté aux données et un processus empirique est créé pour capturer les variations, que ce soit dans les résidus ou dans les estimations des paramètres. Sous l'hypothèse nulle, ces processus sont gouvernés par des théorèmes limites centraux fonctionnels, comme décrit dans (Kuan, Hornik, 1995), et il est possible de déterminer des seuils franchis par les processus limites correspondants avec une probabilité fixe α sous l'hypothèse nulle. Sous l'hypothèse alternative, les fluctuations du processus sont généralement amplifiées. De plus, la trajectoire du processus donne souvent des indications sur le type de divergence par rapport à l'hypothèse nulle, comme la datation des ruptures structurelles. Il existe divers types de tests de fluctuation, et nous illustrons l'approche utilisant une somme cumulative de résidus à titre d'exemple.

Le premier genre de processus de fluctuations empiriques calculables est le processus de sommes cumulatives de résidus (CUSUM), qui englobe les sommes cumulées de résidus standardisés. Ces sommes peuvent être calculées de manière itérative ou en employant la méthode des moindres carrés ordinaires. (Brown et al., 1975) ont avancé l'idée de se pencher sur les sommes cumulatives de résidus récursifs :

$$W_n(t) = \frac{1}{\hat{\sigma}\sqrt{\eta}} \sum_{i=k+1}^{k+[t_\eta]} \tilde{u}_i, \quad (2.1)$$

où $\eta = n - k$ désigne le nombre de résidus récursifs et $[t_\eta]$ représente la partie entière de t_η . Dans cette approche, en supposant l'hypothèse nulle, le processus limite du processus de fluctuations empiriques $W_n(t)$ est le mouvement brownien standard $W(t)$. Plus précisément, le théorème limite centrale fonctionnel entre en jeu : $W_n \Rightarrow W$ lorsque $n \rightarrow \infty$, où \Rightarrow exprime la convergence faible des mesures de probabilité correspondantes. Sous l'alternative, si un unique point de changement structurel se situe à t_0 , les résidus récursifs ne possèdent qu'une moyenne nulle jusqu'à t_0 . Par conséquent, la trajectoire

du processus devrait conserver une proximité avec 0 jusqu'à t_0 avant de s'en éloigner.

L'approche alternative suggérée par (Ploberger, Krämer, 1992) repose sur l'utilisation des moindres carrés ordinaires et se fonde sur les sommes cumulées de résidus pour réaliser un test de rupture structurelle. Par conséquent, le processus de fluctuations empiriques est caractérisé par l'équation suivante :

$$W_n^0(t) = \frac{1}{\hat{\sigma}\sqrt{n}} \sum_{i=1}^{[nt]} \tilde{u}_i. \quad (2.2)$$

Un autre test utilisé ci-dessous est le test de fluctuation ou d'estimations récursives (RE) de (Ploberger et al., 1989), qui compare les estimations récursives des coefficients de régression avec les estimations de l'échantillon complet. Si la régression ne comprend qu'une ordonnée à l'origine, c'est-à-dire $x_i = 1$, elle est équivalente au test CUSUM basé sur les MCO (2,2).

2.2 Tests de ruptures structurelles

Un test de rupture structurelle, également appelé test de changement structurel, est une méthode statistique utilisée pour déterminer s'il y a un changement significatif dans la relation entre deux variables au fil du temps. Ce test est couramment utilisé en économétrie pour analyser des données de séries chronologiques et peut aider à identifier des événements ou des changements importants susceptibles d'avoir affecté la relation entre les variables analysées. Le test consiste à comparer les paramètres de deux ou plusieurs modèles de régression pour déterminer s'il existe une différence significative dans la relation entre les variables avant et après un certain moment.

2.2.1 Test de détection d'un unique changement structurel

Les différentes formules de cette partie sont proposées dans l'article (Bai, Perron, 1998a)

Évaluer la validité d'un changement revient à vérifier la stabilité de l'équation (1.1) ou (1.2) dans notre contexte. Dans le cas où l'alternative consiste en une unique rupture ($m = 1$) à une date précise et connue T_1 . Dans notre cas, la statistique du test est exprimée comme suit :

$$F_T^{\text{Chow}}(T_1) = \frac{(T - 2q - p)}{q} \left(\frac{SSR_{1,T} - SSR_{AT_1}}{SSRA_{T_1}} \right)$$

Les notations $SSR_{1,T}$ et $SSRA_{T_1}$ représentent respectivement la somme des carrés des résidus pour le modèle sans rupture estimé pour les périodes allant de 1 à T , et pour le modèle autorisant une rupture sur un ou plusieurs paramètres à la date T_1 ; le paramètre q indique le nombre de paramètres sujets à rupture, et p est le nombre de paramètres supposés constants. Dans la suite, nous utilisons la forme de test de Chow basée sur le critère de Wald, qui est valable sous des hypothèses moins restrictives. Cette forme repose sur la statistique $F = qF^{\text{Chow}}$ et est donc exprimée par :

$$F_T \left(\frac{T_1}{T} \right) = (T - 2q - p) \left(\frac{SSR_{1,T} - SSR_{AT_1}}{SSRA_{T_1}} \right) \quad (2.3)$$

Une formulation numériquement équivalente à l'équation (2.1) pour la statistique de test est la suivante :

$$F \left(\frac{T_1}{T} \right) = \frac{(T - 2q - p)}{T} \hat{\delta}' R' \left[R' \hat{V} \left(\hat{\delta}' \right) R' \right]^{-1} R \hat{\delta} \quad (2.4)$$

Ici, $\hat{\delta}$ représente le vecteur des paramètres estimés, R est une matrice telle que, sous l'hypothèse nulle de stabilité, la condition $R\delta = 0$ est satisfaite. La valeur estimée de la variance de $\hat{\delta}$ est désignée par $\hat{V}(\hat{\delta})$. Pour le cas où les erreurs sont indépendantes et identiquement distribuées (i.i.d.), la formule

$\hat{V}(\hat{\delta}) = \hat{\sigma}^2 (X'X)^{-1}$ est utilisée, où $\hat{\sigma}^2$ représente l'estimation de la variance des résidus u_t et X est la matrice des variables explicatives empilées. Un exemple concret se trouve dans le modèle B (équation (1.4)), où la matrice X est constituée des vecteurs ligne $x'_t = (1, t, (t - T_1) .I(t > T_1))$, $\delta = (\mu_1, \beta_1, \gamma)'$ et $R = (0, 0, -1)$. Un avantage notable de l'expression (2.2) réside dans sa capacité à traiter les erreurs autocorrélées. Lorsque ce cas se présente, $\hat{V}(\hat{\delta})$ est calculée en appliquant une méthode de calcul de la matrice de variance-covariance robuste prenant en compte l'autocorrélation. Cette variance est formulée comme $\hat{V}(\hat{\delta}) = (X'X)^{-1} \hat{S} (X'X)$, où \hat{S} correspond à une estimation de la variance à long terme du vecteur $x_t u_t$.

En cas d'incertitude quant à la date de rupture T_1 , une approche intuitive consiste à calculer la statistique F_T pour différentes valeurs potentielles de T_1 , et à choisir celle qui génère la plus grande valeur de F_T . Cette démarche revient à opter pour la date de rupture qui minimise la somme des carrés des résidus¹. Cette statistique spécifique est désignée sous le nom de "SupF" :

$$SupF = \max_{T_1=T_{\min} \dots T_{\max}} F \left(\frac{T_1}{T} \right) \quad (2.5)$$

Le calcul de la statistique SupF fournit ainsi un estimateur de la date de rupture T_1 la plus plausible. Toutefois, pour juger si la rupture identifiée est significative, la distribution usuelle du test de Chow (i.e. la loi du Chi-deux sous la forme de Wald du test) n'est plus valide et doit être remplacée par une distribution non-standard tabulée par (Andrews, Ploberger, 1994). Les seuils critiques pour accepter l'hypothèse de rupture sont plus élevés que ceux fournis par la table statistique du Chi-deux usuelle (on rejettera moins facilement l'hypothèse de stabilité qu'avec les tables usuelles). En effet, par construction, la statistique SupF est supérieure (ou égale) à celle obtenue avec une date de rupture fixe quelconque. La sélection par balayage dans la date de rupture possible constitue un " pré-test". Utiliser la distribution usuelle, en ignorant le fait que la statistique est obtenue à l'issue de ce " pré-test " pourra conduire parfois à rejeter à tort l'hypothèse de stabilité. En d'autres termes les résultats obtenus en utilisant les valeurs critiques traditionnelles seront biaisés en faveur de l'hypothèse de rupture.

(Andrews, 1993) a développé la distribution des statistiques SupF pour des régresseurs dépourvus de tendance déterministe et stationnaires. Dans le contexte i.i.d, Vogelsang (1997) a exploré le scénario de régresseurs incluant des tendances déterministes. De manière générale, (Bai, Perron, 1998a) suggère que les mêmes seuils critiques peuvent être employés indépendamment de la présence ou de l'absence de tendance déterministe parmi les régresseurs.

Divers autres tests de stabilité ne présupposant pas de date préalable ont été développés. Par exemple, (Andrews, Ploberger, 1994) ont introduit et préconisé, en raison de leurs propriétés optimales, les statistiques ExpF et AvgF.

Les lois asymptotiques des statistiques ExpF et AvgF sont établies par (Andrews, Ploberger, 1994), et elles offrent des tests plus puissants que la statistique SupF. Cependant, la statistique SupF demeure significative en raison de son lien direct avec la détermination des dates de rupture, un aspect central de notre étude. De plus, elle a été généralisée pour prendre en compte les ruptures multiples.

2.2.2 Test de ruptures structurelles multiples

Les tests F et SupF mentionnées précédemment peuvent être étendues au cas de ruptures multiples, sous l'hypothèse que le nombre de ruptures est connu (Bai, Perron, 1998a), (Bai, Perron, 1998b). Cependant, lorsque le nombre de ruptures est inconnu, son estimation devient une problématique complexe.

1. En effet, pour un ensemble de données donné, la somme des carrés des résidus sous l'hypothèse nulle (SSR1,T) demeure constante. Par conséquent, l'équation (2.3) démontre que la statistique F décroît en fonction de la somme des carrés des résidus (SSRAT1) obtenue en admettant une rupture.

Actuellement, l'approche la plus avancée en univarié est proposée par Bai et Perron [1995,1998, 2003a, 2003b, 2003c]. Nous examinerons le principe de leurs tests et le cadre mathématique sous-jacent à leur description est présenté en annexe 3.2.4.

2.2.3 Ruptures multiples en nombre connu

Lorsque à la fois le nombre et les instants de possibles ruptures sont identifiés, il est possible d'appliquer le test de Chow conventionnel en ajustant de façon appropriée les équations (2.1) et (2.2). L'expression de la statistique de Wald pour m ruptures aux moments T_1, \dots, T_m est formulée comme suit :

$$F(m) = \frac{(T - (m + 1)q - p)}{Tm} \hat{\delta}' R' \left[R' \hat{V} \left(\hat{\delta}' \right) R \right]^{-1} R \hat{\delta} \quad (2.6)$$

Bai et Perron (1998a et b) ainsi que Bai (1999) ont traité les ruptures multiples à des moments inconnus. Ils ont généralisé les tests SupF et présenté plusieurs statistiques de test. La statistique $\text{Sup } F(m)$ sélectionne la valeur maximale parmi toutes les statistiques testant l'hypothèse de stabilité ($m = 0$) par rapport à l'hypothèse de m ruptures. Un autre test, basé sur $\text{sup } F(m + 1 | m)$, implique de fixer m dates de rupture à l'avance et considère l'hypothèse nulle avec exactement m ruptures. Cette statistique $\text{sup } F(m + 1 | m)$ représente la valeur maximale des statistiques de Wald qui testent le modèle à m ruptures par rapport à chaque modèle permettant $m + 1$ ruptures, en conditionnant sur les m premières dates de rupture. Ces statistiques suivent des distributions non usuelles, décrites dans Bai et Perron (1998a et b).

2.2.4 Nombre de ruptures inconnu : l'approche séquentielle

Dans le contexte le plus général, où une connaissance a priori minimale est supposée, on se penche sur la situation où le nombre exact de ruptures est inconnu. Bai et Perron (1998a et b) ont développé une approche séquentielle pour estimer ce nombre. Tout d'abord, l'hypothèse de stabilité du modèle est soumise à un test pour détecter la présence d'une rupture. En cas de rejet de la stabilité, une rupture est introduite. Ensuite, on teste l'hypothèse nulle d'une seule rupture par rapport à l'hypothèse alternative de deux ruptures en utilisant la statistique $\text{sup } F(m + 1 | m)$. Cette procédure est itérée avec une valeur croissante de m , et elle s'interrompt dès que l'hypothèse de stabilité, compte tenu de m ruptures, ne peut plus être rejetée.

Il existe deux variantes de cette procédure de test séquentiel pour le nombre de ruptures. La première (Bai et Perron, 1998a et 1998b) se base sur l'identification séquentielle des points de rupture, tandis que la seconde (Bai, 1999) adopte une approche simultanée pour les points de rupture. Dans la première approche, la date de rupture déterminée à la première étape de la procédure est maintenue lors du test pour une éventuelle seconde rupture. Cette approche repose sur une propriété théorique énoncée par Bai (1996) : l'estimation séquentielle des ruptures permet une convergence dans l'estimation des dates de rupture.

La deuxième approche repose sur l'estimation simultanée de toutes les dates de rupture. Dans cette méthode, pour chaque nombre fixé de ruptures m , les m dates de ruptures (T_1, \dots, T_m) sont choisies de manière libre. Bai (1999) propose un test basé sur le rapport des vraisemblances entre les modèles avec m et $m + 1$ ruptures. Cependant, la distribution de cette statistique n'est déterminée que pour des résidus indépendants et identiquement distribués. Nous nous limiterons à l'estimation simultanée de toutes les dates de ruptures.

2.2.5 Nombre de ruptures inconnu : l'approche par le Critère d'Information Bayésien

Une approche plus directe pour estimer le nombre de ruptures se base sur le critère d'information BIC (Bayesian Information Criterion). Cette méthode, proposée par (Yao, 1988) et (Kim, 1997), im-

plique l'estimation du modèle pour différentes valeurs de nombre et de dates de ruptures potentielles, afin de sélectionner le modèle qui présente le plus faible critère BIC. Pour chaque modèle considéré,

$$BIC = \ln \left(\frac{SSR}{T} \right) + [(m+1)q + m + p] \frac{\ln(T)}{T} \quad (2.7)$$

dans lequel m indique le nombre de ruptures, q dénote le nombre de paramètres impactés par une rupture, et enfin p représente le nombre de paramètres non affectés par une rupture.

Le critère BIC combine la somme des carrés des résidus d'un modèle avec une pénalité en fonction du nombre de ruptures. Cette pénalité compense l'effet de l'introduction de ruptures supplémentaires dans un modèle, ce qui peut réduire automatiquement la somme des carrés des résidus. (Yao, 1988) a apporté des bases statistiques à ce critère en montrant qu'il offre une estimation convergente du nombre de ruptures. Toutefois, ces résultats sont basés sur des hypothèses restrictives, notamment la normalité et l'absence d'autocorrélation des résidus, qui peuvent être contraignantes pour nos applications.

Par ailleurs, Bai et Perron montrent que l'approche séquentielle SupF pour sélectionner le nombre de ruptures surpasse systématiquement l'approche du critère BIC en termes de performance.

Dans notre contexte, des résultats préliminaires (non rapportés) suggèrent que le critère BIC peut tendre à suggérer un nombre élevé de ruptures pour des modèles sans retards, tels que (1.4), et inversement, tend à suggérer zéro rupture pour des modèles autorégressifs comme (1.7).

Les résultats de ces différents tests seront exposés dans l'étude pratique à venir.

2.3 Intervalles de confiance

Après avoir rejeté la stabilité du modèle et déterminé le nombre de ruptures à l'aide des méthodes évoquées précédemment, il devient possible de considérer les dates de rupture (une ou plusieurs) comme des paramètres à estimer. À cet égard, (Bai, 1997) a adopté une approche visant à établir un intervalle de confiance autour de la date de rupture estimée. Bai (1997) se penche plus particulièrement sur le modèle impliquant une seule rupture :

$$\begin{aligned} y_t &= x_t' \beta + \varepsilon_t, & t = 1, \dots, T_1 \\ y_t &= x_t' \beta + z_t' \delta + \varepsilon_t, & t = T_1 + 1, \dots, T \end{aligned}$$

ici, les variables indépendantes z_t constituent une sélection des variables x_t dont les paramètres sont influencés par la rupture (tous les paramètres sont affectés par la rupture si $z_t = x_t$). Pour aborder le cas plus général, incluant l'autocorrélation et l'hétéroscédasticité des résidus, ainsi qu'une rupture unique, la démarche est la suivante.

Soit $\hat{Q}_1 = \frac{1}{T_1} \sum_{t=1}^{T_1} z_t z_t'$ et $\hat{\Omega}_1$ un estimateur de la variance de long terme du vecteur $\varepsilon_t z_t$ pour les observations de $t = 1$ à T_1 , construit de la même façon que \hat{S} dans (2.5) ci-dessus.

Les matrices \hat{Q}_2 ainsi que $\hat{\Omega}_2$ sont construites de manière similaire pour les observations comprises entre $t = T_1 + 1$ et T . En outre, on introduit également les nombres suivants :

$$\hat{L} = \frac{(\hat{\delta}' \hat{Q}_1 \hat{\delta})^2}{(\hat{\delta}' \hat{\Omega}_1 \hat{\delta})}, \quad \xi = \frac{\hat{\delta}' \hat{Q}_2 \hat{\delta}}{\hat{\delta}' \hat{Q}_1 \hat{\delta}} \quad \text{et} \quad \phi = \frac{\hat{\delta}' \hat{\Omega}_2 \hat{\delta}}{\hat{\delta}' \hat{\Omega}_1 \hat{\delta}}$$

Une marge de confiance à 90 % autour de la date de rupture peut être établie de la manière suivante :

$$\left[T_1 - \left[c_2 / \hat{L} \right] - 1, T_1 + \left[c_1 / \hat{L} \right] + 1 \right]$$

Dans cette approche, c_1 et c_2 représentent les quantiles correspondant respectivement aux niveaux de confiance de 5 % et 95 %, extraits d'une distribution caractérisée par les paramètres ξ et ϕ , tels qu'évoqués dans l'étude de (Bai, 1997). Cette démarche n'impose pas une symétrie particulière à l'intervalle de confiance. De plus, elle suppose que tous les régresseurs sont stationnaires, ce qui exclut les scénarios impliquant une tendance linéaire.

Pour le modèle incluant une tendance segmentée (équation (1.4)), (Perron, Zhu, 2005) démontre que la distribution de la date de rupture estimée suit une distribution normale :

$$\frac{\hat{T}_1 - T_1^0}{\sqrt{T}} \rightarrow N \left(0, \frac{2\sigma^2}{15(\gamma)^2} \right)$$

Ici, T_1^0 est la date de rupture, $\gamma = \beta_2 - \beta_1$, et σ^2 est l'estimation de la variance à long terme des résidus obtenue par la méthode de Newey-West. Cette distribution permet de construire un intervalle de confiance pour la date de rupture dans ce modèle. Dans la partie application, nous verrons comment obtenir ces intervalles de confiance.

Chapitre 3

Application des tests de ruptures structurels à l'indice de mortalité

Au travers des parties I et II, nous avons vu qu'après la Deuxième Guerre Mondiale, la plupart des pays développés ont observé une diminution significative de leurs taux de mortalité, ce qui s'est traduit par une forte augmentation de la durée de vie moyenne. Un ralentissement de l'amélioration de la mortalité a été observé dans un certain nombre de ces pays au début du XXI^e siècle. Nous souhaitons à présent savoir s'il s'agit d'un simple aléa ou d'une rupture de tendance.

Pour répondre à cette question, nous avons opté pour des méthodes de détection de changements structurels (décrite au chapitre 2 de la présente partie) sur l'indice de mortalité issu du modèle de Lee-Carter de 2000 à 2020.

Ensuite, nous calibrons le modèle de Lee Carter de 1950 à 2000, puis nous comparons les projections des logarithmes des taux à l'âge 65 ans avec et sans prise en compte des ruptures sur la période 2000-2020.

Les données que nous avons utilisées sont les mêmes que dans la deuxième partie de ce mémoire et proviennent de la Base de données sur la Mortalité Humaine. Il s'agit du nombre de décès $D_{x,t}$ et de l'exposition aux décès $E_{x,t}$ pour les individus âgés de x ans à leur dernier anniversaire pendant l'année t .

3.1 Détection de rupture de tendance de l'indice de mortalité de 2000-2020

(Zeileis et al., 2003) ont développé le paquet R "strucchange" qui inclut toutes les procédures décrites dans les chapitres 1 et 2 de la partie 2 traitant des ruptures structurelles.

La première étape consiste à identifier la stationnarité de la série temporelle.

La figure 53, représente l'indice de mortalité de la population française de 2000-2020.

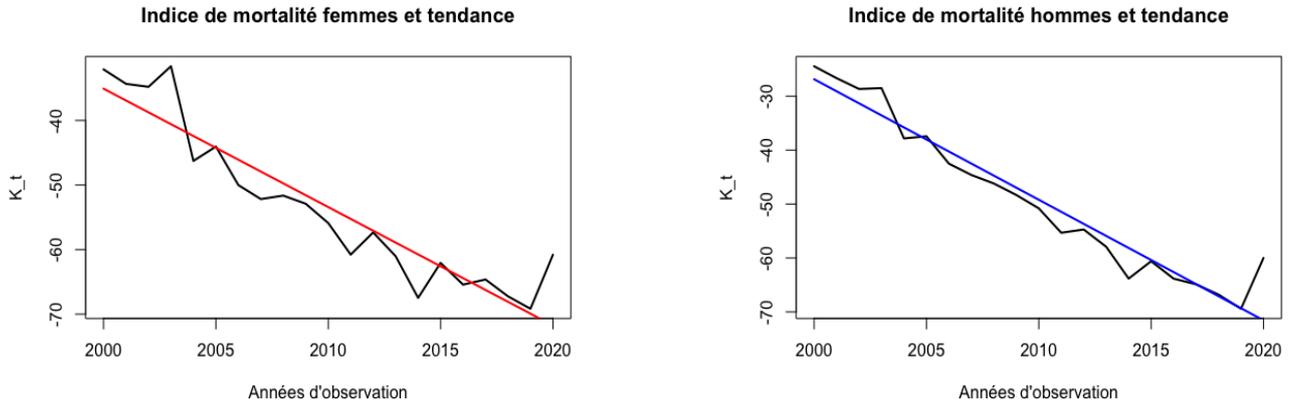


FIGURE 53 – Indice de mortalité de la population française de 2000-2020.

Source : Données de la Human Mortality Database .

Les séries temporelles semblent être non stationnaires de type TS en raison d'une tendance à la baisse(droite en bleue et en rouge).

Nous optons pour une régression linéaire sur le temps pour nos deux échantillons, soit :

$$k_t = \mu + \beta t + v_t \tag{3.1}$$

où v_t désigne les résidus du modèle de régression.

Nous obtenons les équations suivantes :

$$\text{Femmes : } k_t = -1.83t + 3633.34 + v_t$$

$$\text{Hommes : } k_t = -2.23t + 4442.9 + v_t$$

Nous testons ensuite la stationnarité et l'autocorrélation des résidus v_t .

Femmes		Hommes	
KPSS Test for Level Stationarity		KPSS Test for Level Stationarity	
data : fit_f\$residuals		data : fit_h\$residuals	
KPSS Level	0.19138	KPSS Level	0.18894
Truncation lag parameter	2	Truncation lag parameter	2
p-value	0.1	p-value	0.1

TABLE 16 – Stationnarité des résidus du modèle de régression linéaire

Femmes		Hommes	
Box-Pierce test		Box-Pierce test	
data : fit_f\$residuals		data : fit_h\$residuals	
X-squared	1.0008	X-squared	0.79458
Truncation lag parameter	1	Truncation lag parameter	1
p-value	0.3171	p-value	0.3727

TABLE 17 – Autocorrélation des résidus

Les tableaux 16 et 17 montrent que les résidus sont stationnaires et non corrélés.

Nous pouvons conclure que les indices de mortalité homme et femme, sont des séries temporelles non stationnaires de type TS (*trend stationary*)

La deuxième étape consiste à effectuer les tests de fluctuations généralisés.

Pour tester les changements structurels, nous utilisons le test de fluctuation (test RE) et la statistique F avec un paramètre de réduction de $h = 0,15$. Les deux processus sont ajustés et représentés dans le code ci-dessous et les résultats sont illustrés à la figure 54.

```

RE.data_h <- -efp(data_h ~ x_h, type = "RE")
plot(RE.data_h, col = "blue", lwd = 2)

fs.data_h <- -Fstats(data_h ~ x_h)
plot(fs.data_h, col = "blue", lwd = 2, main = "SupFtest(hommes)")
    
```

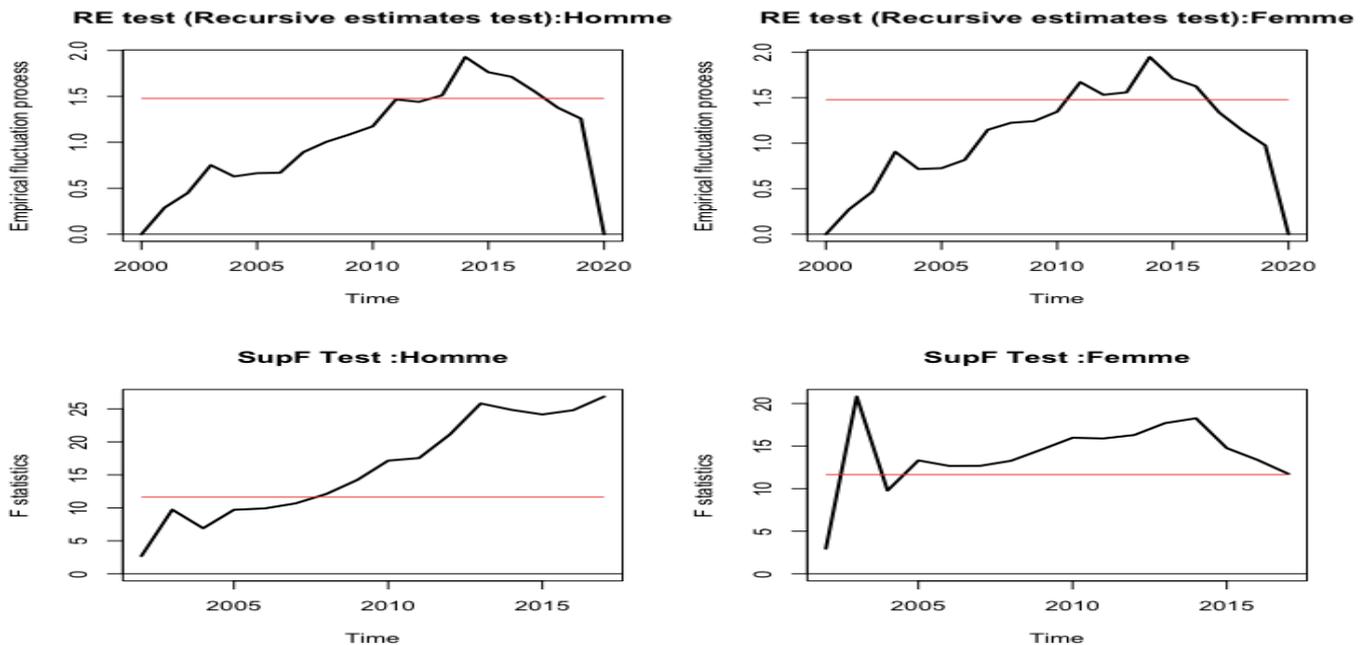


FIGURE 54 – Tests de changements structurel

Pour les deux échantillons, les deux processus (RE et SupF) présentent des écarts significatifs par rapport à la valeur critique à un niveau de 5 % (droite rouge), qui indique au moins une rupture dans les données.

Nous observons que :

- Chez les hommes, la courbe RE traverse pour la première fois la droite rouge en 2011, atteint le pic en 2014 et repasse à travers la ligne rouge en 2017. La courbe SupF, coupe la ligne rouge en 2008, preuve d’une instabilité à partir de ce moment et atteint deux pics en 2014 et probablement en 2017.
- Chez les femmes, la courbe RE, traverse la ligne rouge pour la première fois en 2010 et atteint un premier pic en 2011 et un second en 2014 et retraverse la ligne rouge, en 2017. La courbe SupF atteint deux pics, un en 2003 et un autre en 2014.

La troisième étape consiste à effectuer le test de ruptures multiples. Pour tenir compte de tous les changements structurels dans le modèle de régression (3.1), nous utilisons la commande ci-dessous, qui détermine les dates de ruptures.

```
data.break_h <- -breakpoints(data_h x_h, h = 0.15)
summary(data.break_h)
```

La figure suivante donne le résumé de l'algorithme de détection de rupture multiple par l'approche simultanée (méthode de Bai et Perron) pour la détection de changements structurels dans l'indice de mortalité de la population française masculine de 2000 à 2020.

L'algorithme indique pour un nombre de ruptures donné les dates associées.

Nous retrouvons également le RSS qui est la somme des carrés des résidus (les estimateurs des dates de ruptures sont les minimums globaux du RSS) et le BIC qui est le Critère d'information Bayésien.

Les dates de ruptures trouvées par l'approche simultanée sur la période d'étude sont : 2003 (la canicule), 2008, 2011, 2014 et 2017.

```
Optimal (m+1)-segment partition:
Call:
breakpoints.formula(formula = data_f ~ x_f, h = 0.15)
Breakpoints at observation number:
m = 1  4
m = 2  4    14
m = 3  4    14 18
m = 4  4    12 15 18
m = 5  4  9 12 15 18
Corresponding to breakdates:
m = 1  2003
m = 2  2003    2013
m = 3  2003    2013 2017
m = 4  2003    2011 2014 2017
m = 5  2003 2008 2011 2014 2017
Fit:
m  0    1    2    3    4    5
RSS 377.19 169.58 91.56 68.89 52.05 44.25
BIC 129.38 121.73 117.92 121.08 124.32 130.05

Optimal (m+1)-segment partition:
Call:
breakpoints.formula(formula = data_h ~ x_h, h = 0.15)
Breakpoints at observation number:
m = 1    18
m = 2  4    18
m = 3  4    14 18
m = 4  4    12 15 18
m = 5  4  9 12 15 18
Corresponding to breakdates:
m = 1    2017
m = 2  2003    2017
m = 3  2003    2013 2017
m = 4  2003    2011 2014 2017
m = 5  2003 2008 2011 2014 2017
Fit:
m  0    1    2    3    4    5
RSS 252.46 97.82 58.05 44.43 36.04 33.83
BIC 120.95 110.17 108.35 111.87 116.61 124.41
```

FIGURE 55 – Résultat de l'approche par détection simultanée des dates de ruptures sur l'indice de mortalité français entre 2000 et 2020

La commande suivante permet de visualiser le BIC et le RSS

```
plot(cusum.data_h, lwd = 2)
```

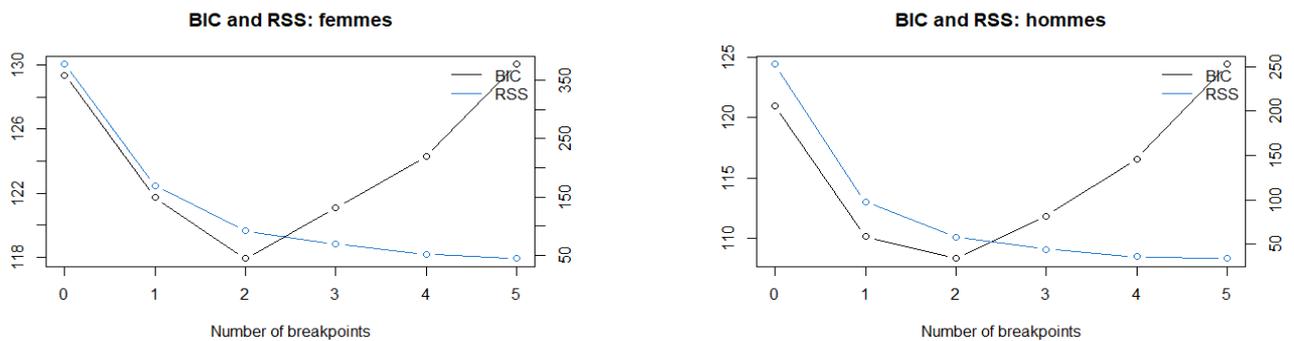


FIGURE 56 – Critère d'information bayésien pour les modèles avec 5 points de ruptures

Pour les indices de mortalité hommes et femmes, la figure 56 montre que le BIC sélectionne un modèle avec $m = 2$ points de rupture.

La RSS mesure à quel point les prédictions du modèle s'éloignent des données réelles. Ainsi plus il y a de ruptures, plus les segments sont proches des observations et par conséquent le RSS va diminuer.

La commande suivante permet d'afficher les dates de ruptures significatives suivant le BIC.

```
breakdates(data.breakh, breaks = 2)
```

Nous trouvons pour l'indice masculin 2003 (canicule) et 2017. En remplaçant *data.break_h* par les données de l'indice de mortalité féminine, nous trouvons les dates 2003 (canicule) et 2013 (structure de la population).

Selon l'INSEE ([Le nombre de décès de nouveau très élevé](#)), en 2013, on observe une hausse du nombre de décès, principalement en raison de l'atteinte des âges où la mortalité est élevée par les cohortes importantes issues du baby-boom, dépassant ainsi les niveaux antérieurs. Les tranches d'âge les plus touchées par ces décès sont de 87 ans pour les hommes et de 92 ans pour les femmes.

Pour résumer nos résultats, nous utilisons les lignes de code suivantes :

```
plot(datah)
lines(fitted(data.breakh, breaks = 2), col = 4)
lines(confint(datah.breakh, breaks = 2))
```

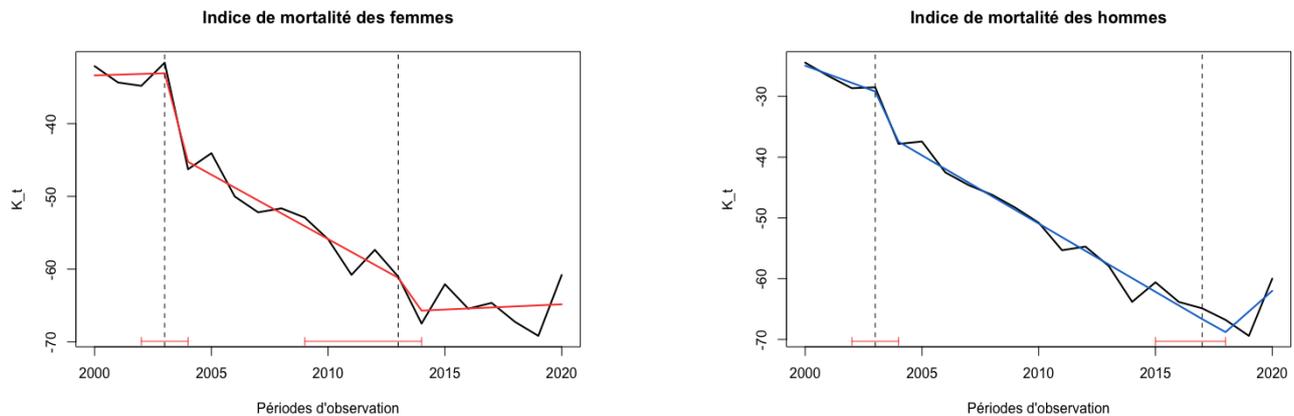


FIGURE 57 – Rupture de tendance sur l'indice de mortalité de la population française de 2000-2020

Ces lignes de code génèrent le graphique 57, nous avons en noir l'indice de mortalité, des lignes représentant les valeurs ajustées du modèle de régression avec 2 ruptures structurelles (en rouge pour les femmes et en bleu pour les hommes), ainsi que des intervalles de confiance des dates de ruptures estimées. Cela permet de visualiser comment le modèle segmenté s'ajuste aux données et comment les intervalles de confiance varient le long des segments.

Les lignes de codes suivantes nous donnent les coefficients des segments définis par les dates de ruptures trouvées

```
coef(data.breakh, breaks = 2)
coef(data.breakf, breaks = 2)
```

Les tableaux ci dessous donnent les différents coefficients des droites de régressions définies par chaque point de rupture.

Femmes		
Périodes	Ordonnée à l'origine	Pente
2000-2003	-230.63	0.098
2004-2013	3503.58	-1.77
2014-2020	-354.89	0.144

Hommes		
Périodes	Ordonnée à l'origine	Pente
2000-2003	2809.656	-1.417
2004-2017	4462.343	-2.245
2018-2020	-6917.747	3.394

3.2 Rupture de tendance sur l'indice de mortalité de 1950-2000 et impact sur la projection

Dans cette section, nous montrons que la prise en compte des dates de ruptures identifiées sur l'indice de mortalité du modèle de Lee-Carter, produit des prévisions plus précises.

Pour cela, nous allons d'abord détecter les ruptures de tendance sur la période 1950-2000 et à l'aide d'une régression segmentée nous projeterons l'indice de mortalité de 2001 à 2020 pour obtenir les taux de mortalité estimés pour cette période.

Ensuite, nous comparerons les taux de mortalité estimés pour la période de 2001-2020 avec ruptures, mais également sans ruptures (calculés dans la partie II, chapitre 2) aux taux observés afin d'évaluer les erreurs d'estimation.

3.2.1 Détection des ruptures de tendance sur l'indice de mortalité sur la période 1950-2000

Pour tenir compte des ruptures, nous commençons par extraire la composante temporelle du modèle de Lee Carter calibré entre 1950-2000. Nous lui appliquons les procédures de détections vues ci-dessus. Un résumé graphique est proposé à la figure 58 :

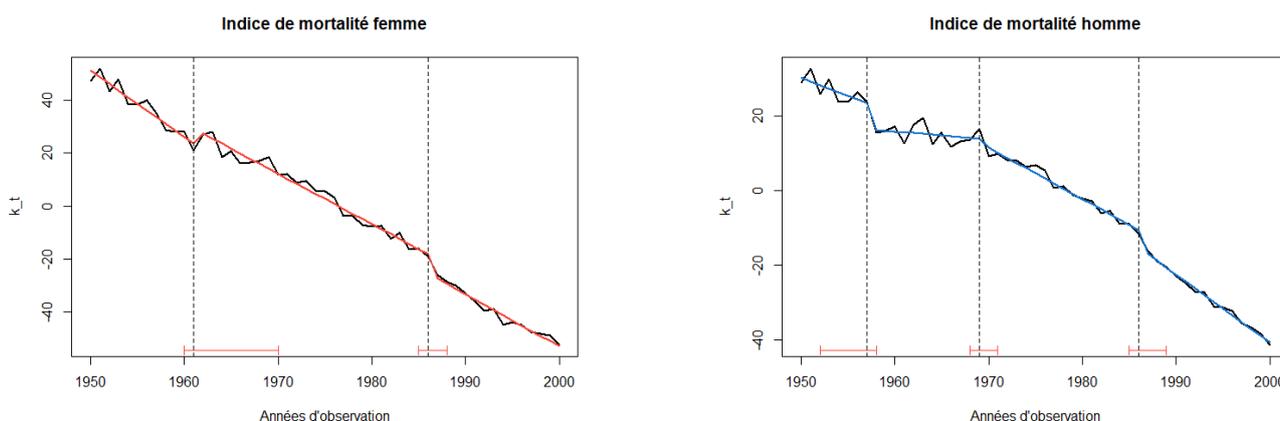


FIGURE 58 – Indice de mortalité du modèle de Lee Carter Modifié pour la population française de 1950-2000

Les dates de ruptures identifiées sont :

- Pour l'indice de mortalité masculin : 1957,1969 et 1986.
- Pour l'indice de mortalité féminin : 1961 et 1986.

Les coefficients des droites de régression, définies par ces dates, sont consignés dans les tableaux ci-dessous :

Femmes		
Périodes	Ordonnée à l'origine	Pente
1950-1961	4929,877	-2.502
1962-1986	3757.38	-1.901
1987-2000	3890.837	-1.972

Hommes		
Périodes	Ordonnée à l'origine	Pente
1950-1957	1901.529	-0.959
1958-1969	415.458	-0.204
1970-1986	2727.175	-1.378
1987-2000	3605.9561	-1.823

3.2.2 Extrapolation de l'indice de mortalité de 2000 à 2020 avec rupture de tendance

À partir des points de ruptures identifiés, nous ajustons un modèle de régression segmentée à l'aide de la fonction *segmented* du package "segmented" de R. À partir de ce modèle, nous pouvons prédire les valeurs futures de l'indice de mortalité pour les années allant de 2000 à 2020.

La figure 59 montre la qualité de l'ajustement de régression segmentée aux données de l'indice de mortalité

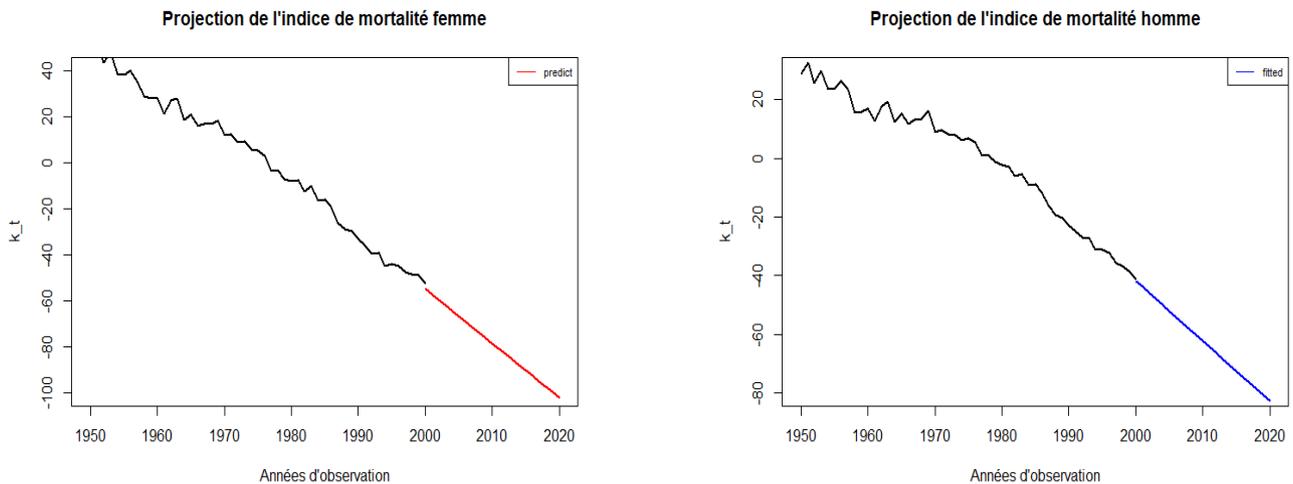


FIGURE 59 – Projection de l'indice de mortalité du modèle de Lee-Carter, par régressions segmentées (avec ruptures)

3.2.3 Comparaison des erreurs entre les taux de mortalité projetés avec et sans ruptures et ceux observés

Dans cette partie, nous comparerons les taux de mortalité projetés pour la période 2001-2020 des modèles avec et sans ruptures structurelles aux taux observés de la même période en utilisant différentes mesures d'erreur :

- E_1 est la moyenne des erreurs standardisées et reflète le biais global dans les projections.

$$E_1 = \frac{1}{X_1 - X_2 + 1} \sum_{x=X_1}^{X_2} \sum_{t=1}^T \frac{\text{projection}(m_{x,t}) - \text{observés}(m_{x,t})}{\text{projection}(m_{x,t})},$$

• E_2 est la moyenne de la valeur absolue des erreurs standardisées et reflète l'amplitude des différences entre les taux réels et projetés.

$$E_2 = \frac{1}{X_1 - X_2 + 1} \sum_{x=X_1}^{X_2} \sum_{t=1}^T \left| \frac{\text{projection}(m_{x,t}) - \text{observés}(m_{x,t})}{\text{projection}(m_{x,t})} \right|,$$

• E_3 est la racine carrée de la moyenne des erreurs standardisées au carré,

$$E_3 = \sqrt{\frac{1}{X_1 - X_2 + 1} \sum_{x=X_1}^{X_2} \sum_{t=1}^T \left(\frac{\text{projection}(m_{x,t}) - \text{observés}(m_{x,t})}{\text{projection}(m_{x,t})} \right)^2}.$$

où :

- $m_{x,t}$ est le taux central de mortalité à l'âge x et à l'année t ;
- X_1 et X_2 sont respectivement l'âge minimal et maximal.

Le tableau ci-dessous reprend les mesures des erreurs du modèle de Lee-Carter, avec et sans prise en compte des ruptures structurelles dans les données.

	Lee-Carter(avec ruptures)	Lee-Carter (sans rupture)
E_1	0.91	2.60
E_2	3.44	3.65
E_3	1.34	1.08

3.2.4 Comparaison des taux de mortalité projetés avec et sans ruptures à ceux observés

Pour finir, nous comparons les prévisions des logarithmes des taux de mortalité à un an, faites à partir du modèle de Lee-Carter, sans prise en compte des ruptures (en bleu) et avec prise en compte des ruptures(en rouge) et pour l'âge 65 ans.

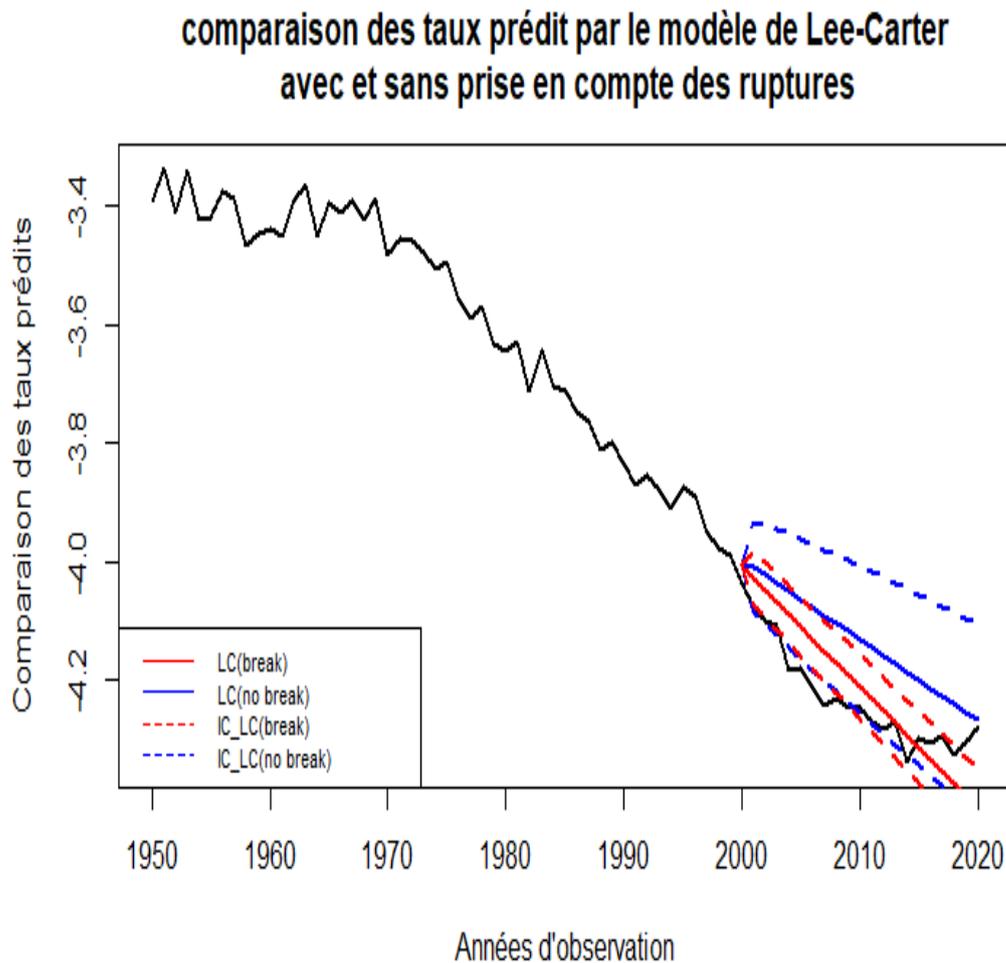


FIGURE 60 – Logarithme des taux de mortalité observés et prévus avec et sans ruptures par le modèle de Lee-Carter

Nous observons que la projection des taux de mortalité à 1 an des personnes âgées de 65 ans avec prise en compte des ruptures est beaucoup plus près des valeurs des taux observés à un an pour les personnes du même âge. Mais la tendance prolongée est en rupture avec la courbe des taux observés en 2017.

Nous concluons aux regards de ces résultats que lorsqu'une rupture structurelle est présente, sa prise en compte produit des prévisions significativement différentes.

Conclusion

L'objectif de ce mémoire est d'analyser si le récent ralentissement observé dans l'amélioration de la mortalité de la population française est un simple aléa ou une rupture de tendance.

Pour savoir si ces ruptures de tendances observées sont statistiquement significatives, nous avons fait le choix de l'analyse de l'indice de mortalité, la composante temporelle du modèle de Lee Carter, puisque sa variation peut être étudiée par une analyse univariée.

L'analyse a impliqué la réalisation de tests de fluctuations généralisées pour confirmer la présence de ruptures, ainsi que des tests de ruptures structurelles pour déterminer le nombre et la date des ruptures.

Lors de la détection des ruptures sur la période 2000-2020 nous constatons une tendance de l'indice de mortalité qui est à la baisse sur la période, avec une stagnation pour les femmes à partir de 2015 et une hausse pour les hommes à partir de 2019.

Pour les hommes, sur la période 2000-2020, les ruptures les plus significatives selon le Critère d'Information Bayésien (BIC) sont observées pour les années 2003 et 2017, relatives respectivement à la canicule et à l'épidémie de grippe. Pour les femmes, les ruptures les plus pertinentes sont celles de 2003 et 2013, relatives respectivement à la canicule et au changement de la structure de la population, puisque la génération baby-boom était plus importante aux âges de forte mortalité.

Par la suite, nous avons vu que la prise en compte des dates de ruptures lors de la projection du logarithme des taux de mortalité à 65 ans sur la période de 2000 à 2020 avec le modèle de Lee-Carter, donne des prévisions avec des variations légèrement supérieures par rapport aux projections effectuées sans prise en compte des ruptures.

Un assureur qui commercialise les produits de rentes viagères est exposé au risque de longévité, a contrario celui qui commercialise les produits décès est sensible au risque de mortalité. Si l'assureur ne prend pas en compte les ruptures de tendance dans la mortalité, il peut sous-estimer le risque de décès dans le cadre de la vente des produits de décès et surestimer la mortalité de sa population assurée, dans le cadre de la vente des rentes viagères, ce qui peut entraîner des pertes financières importantes. Par ailleurs, une tarification trop prudente peut rendre les produits d'assurance moins compétitifs sur le marché. Si les tarifs ne sont pas ajustés en conséquence, l'assureur peut perdre des clients au profit de concurrents offrant des primes plus abordables. Enfin, les fluctuations importantes de mortalité peuvent avoir un impact sur la rentabilité globale de l'assureur, si les pertes dues à des décès inattendus sont importantes, cela peut affecter la solidité financière de l'entreprise.

Les pistes d'amélioration de l'approche de détection de ruptures structurelles sur une série univariée comme l'indice de mortalité restent nombreuses. L'une d'elles consiste à explorer leur application dans un contexte multivarié, offrant ainsi une prise en compte directe des taux de mortalité.

Annexes

Annexe 1 : Rappels sur la décomposition en valeurs singulières

Soit M une matrice carrée $\mathbf{n} \times \mathbf{n}$.

On appelle **vecteur propre** de M associé à la **valeur propre** λ , le vecteur u , qui vérifie $Mu = \lambda u$. On dit que M est **diagonalisable** si elle est semblable à la matrice diagonale de ses valeurs propres, i.e. s'il existe une matrice diagonale D et une matrice P inversible telles que :

$$M = PDP^{-1}. \quad (2)$$

P est alors la matrice des vecteurs propres de M . On parle pour la relation précédente de **décomposition en valeurs propres**.

Soit M une matrice quelconque $\mathbf{m} \times \mathbf{n}$.

On dit que σ est une valeur singulière de M si et seulement s'il existe deux vecteurs unitaires u et v respectivement vecteurs singuliers à gauche et à droite tels que :

$$Mv = \sigma u \quad (3)$$

$$M'u = \sigma v \quad (4)$$

En notant Σ la matrice diagonale des valeurs singulières, U la matrice des vecteurs singuliers à gauche et V celle des vecteurs singuliers à droite, on montre en effet que l'on peut réécrire M sous la forme :

$$M = U\Sigma V' \quad (5)$$

U et V constituant des bases orthonormées. On parle de **décomposition en valeurs singulières (SVD)**.

On peut remarquer qu'il y a une similitude entre ces deux décompositions, notamment entre les valeurs propres et les valeurs singulières, dans le cas particulier où M est une matrice hermitienne (matrice carrée complexe qui est égale à sa transposée) semi-définie positive ($x'Mx \geq 0$, pour tout vecteur x non nul. Une conséquence est que toutes valeurs propres sont positives).

Mais de façon générale, sur la base des relations suivantes :

$$M'M = (V\Sigma'U') (U\Sigma V') = V(\Sigma'\Sigma)V'$$

$$MM' = (U\Sigma V')(V\Sigma'U') = U(\Sigma'\Sigma)U'$$

On n'a que le carré de la valeur absolue de chaque valeur singulière non nulle de M correspond à la valeur absolue de la valeur propre correspondante de $M'M$ et MM' . Par ailleurs, on retrouve les vecteurs propres de MM' dans les colonnes de U , et ceux de $M'M$ dans celle de V .

Annexe 2 : Structure des résidus du modèle de Lee-Carter selon l'âge pour les Femmes

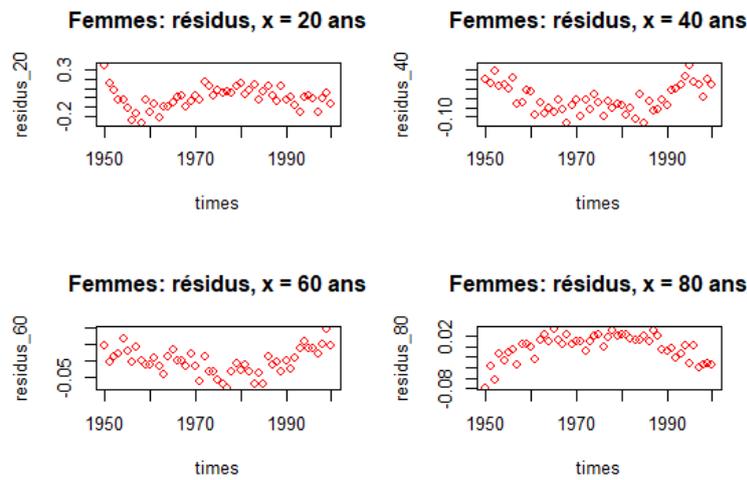


FIGURE 61 – Structure des résidus selon l'âge pour les Femmes.
Source : Propres calculs à partir des données H.M.D.

Annexe 3 : Sorties du test de Dickey Fuller Augmenté pour la série des (k_t) estimées par le modèle de LCM

ADF Test (Femmes)	ADF Test (Hommes)
data : kappa_f	data : kappa_h
Dickey-Fuller = -4.4503, Lag order = 4	Dickey-Fuller = -4.2864, Lag order = 4
p-value = 0.01	p-value = 0.01
alternative hypothesis : stationary	alternative hypothesis : stationary

TABLE 18 – Sorties du test de Dickey-Fuller Augmenté

Annexe 4 : Paramètres du modèle de Lee Carter Modifié, pour les femmes



FIGURE 62 – Valeurs estimées de α_x à gauche et β_x à droite.
Source : Propres calculs à partir des données H.M.D.

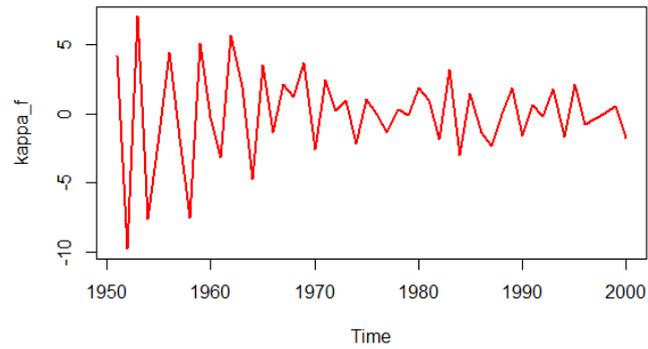


FIGURE 63 – Valeurs estimées de k_t .

Source : Propres calculs à partir des données H.M.D.

Annexe 5 : Structure des résidus du modèle LCM selon l'âge pour les femmes

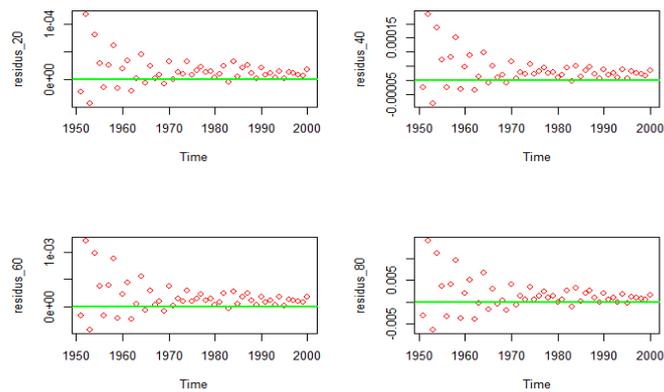


FIGURE 64 – Structure des résidus selon l'âge pour les Femmes.

Source : Propres calculs à partir des données H.M.D.

Annexe 6 : Comparaison entre les taux réels et les taux estimés par le modèle de Lee Carter et celui de Lee Carter Modifié

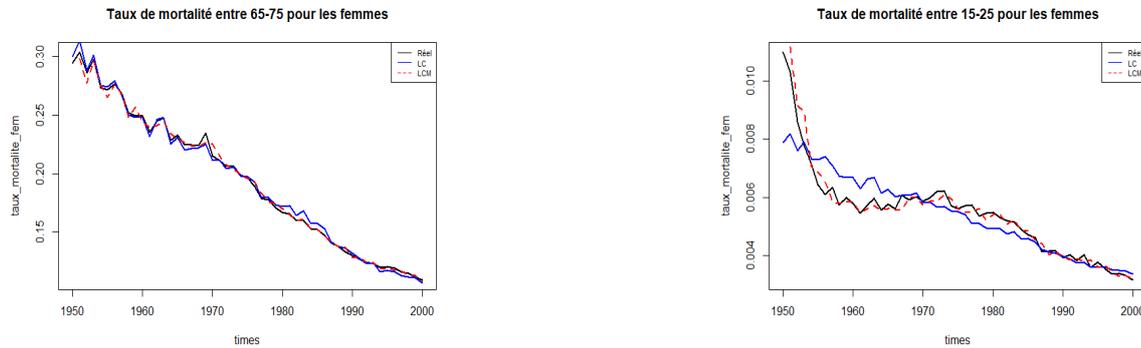


FIGURE 65 – Résultats de l'estimation du modèle de Lee-Carter et du modèle de Lee-Carter modifié pour la population féminine française, de 1950 à 2000.

Source : Propres calculs à partir des données H.M.D.

Annexe 7 : Résultat du calcul des RSSE des deux modèles pour la population féminine française de 1900-2000 et celle de 1950-2000

	Modèle de LC	Modèle de LCM
RSSE(1900-2000)	1.16	0.48
RSSE(1950-2000)	0.4457941	0.4416582

TABLE 19 – Comparaison de RSSE dans les deux modèles

Le modèle de Lee Carter Modifié est beaucoup plus précis que celui de Lee Carter, aussi bien sur les données sans sauts que sur les données avec sauts.

Annexe 8 : Processus de Lévy

Les processus de Lévy ont été nommés d'après le mathématicien français Paul Lévy (1886-1971) qui a introduit les processus qui sont devenus l'élément crucial de la théorie moderne des processus stochastiques appliqués à l'évaluation des actifs. La définition d'un processus de Lévy est présentée ci-dessous.

Définition

Un processus stochastique $(Y_t)_{t \geq 0}$ défini sur $(\Omega, \mathcal{F}, \mathcal{P})$ à valeur dans \mathcal{R}^d , tel que $X_0 = 0$ p.s est un processus de Lévy si les propriétés suivantes sont vérifiées :

1. Les accroissements sont indépendants : Pour toute suite croissante de temps, $0 \leq t_1 \leq t_2 \leq \dots \leq t_n$ les variables aléatoires $Y_{t_2} - Y_{t_1}, Y_{t_3} - Y_{t_2}, \dots, Y_{t_n} - Y_{t_{n-1}}$ sont indépendantes.
2. Les accroissements sont stationnaires : Pour tout $h \geq 0$ la loi de $Y_{t+h} - Y_t$ ne dépend pas de t .
3. La continuité stochastique : Pour tout $\epsilon > 0$ on a :

$$\lim_{h \rightarrow 0} P(|X_{t+h} - X_t| \geq \epsilon) = 0$$

On constate ainsi que le mouvement brownien est un processus de Lévy avec des trajectoires continues. Les processus de Lévy englobent également des processus de sauts purs, tels que les processus de

Poisson.

Dans la modélisation financière, le processus du prix des actions est généralement supposé être :

$$S_t = S_0 \exp(rt + Y_t)$$

où S_t : désigne le prix de l'action à l'instant t . r : taux sans risque. Y_t : Processus de Lévy.

Annexe 9 : Les fonctions de Bessel modifiées

L'équation de Bessel modifiée d'ordre ν (réel positif) est représentée comme suit

$$x^2 y'' + xy' - (x^2 + \nu^2) y = 0 \quad (6)$$

La solution de l'équation de Bessel modifiée d'ordre ν se présente comme suit

$$y = \alpha I_\nu(x) + \beta K_\nu, \quad x > 0$$

Où α et β sont des constantes arbitraires,

$$I_\nu(x) = \sum_{k=0}^{\infty} \frac{1}{k! \Gamma(\nu + k + 1)} \left(\frac{x}{2}\right)^{(2k+\nu)}$$

$$K_\nu = \frac{\pi}{2} \frac{I_{-\nu}(x) - I_\nu(x)}{\sin(\pi\nu)}$$

Avec :

— $\Gamma(\cdot)$ est la fonction gamma définie par :

$$\forall x > 0, \Gamma(x + 1) = x\Gamma(x)$$

$$\forall n \in \mathbb{N}^*, \Gamma(n) = (n - 1)!$$

— K_ν est la fonction de Bessel modifiée de troisième espèce d'ordre ν

— I_ν est la fonction de Bessel modifiée de première espèce d'ordre ν

Annexe 10 : Les fonctions de Bessel

L'équation de Bessel d'ordre ν (réel positif) est représentée comme suit

$$x^2 y'' + xy' + (x^2 - \nu^2) y = 0 \quad (7)$$

La solution de l'équation de Bessel d'ordre ν se présente comme suit

$$y = \gamma J_\nu(x) + \delta Y_\nu, \quad x > 0$$

Où γ et δ sont des constantes arbitraires,

$$J_\nu(x) = \sum_{k=0}^{\infty} \frac{(-1)^k}{k! \Gamma(\nu + k + 1)} \left(\frac{x}{2}\right)^{(2k+\nu)}$$

$$Y_\nu = \frac{J_\nu(x) \cos(\nu\pi) - J_{-\nu}(x)}{\sin(\nu\pi)}$$

Avec :

— J_ν est la fonction de Bessel de première espèce d'ordre ν .

— Y_ν est la fonction de Bessel de seconde espèce d'ordre ν .

Annexe 11 : Distribution ajustée de l'indice de mortalité de la population féminine française de 1950-2020

Paramètres	α	β	μ	δ
Valeurs	1.577468e-14	-1.275029e-14	6.392431e-01	2.514630

TABLE 20 – Valeurs estimées des paramètres de la loi NIG, par maximum de vraisemblance, pour la période allant de 1900-2000 pour la population féminine française.

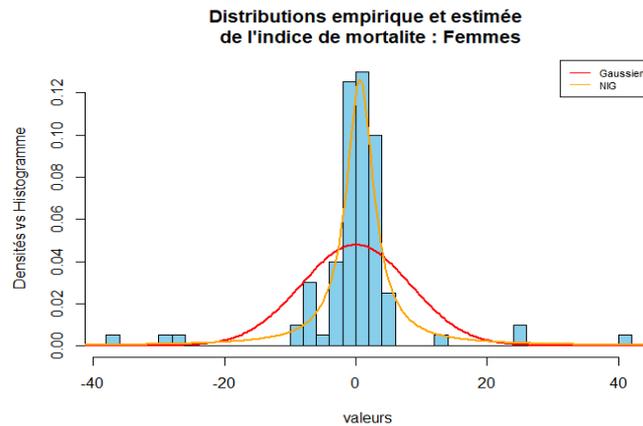


FIGURE 66 – Histogrammes des Valeurs estimées de k_t par le modèle LCM.

Source : Propres calculs à partir des données H.M.D.

Annexe 12 : Cadre mathématique pour la détermination des dates de ruptures

Nous considérons le modèle de changement structurel avec m ruptures ($m + 1$ régimes) :

$$y_t = \delta_j + u_t, t = T_{j-1} + 1, \dots, T_j$$

pour $j = 1, \dots, m + 1, T_0 = 0$ et $T_{m+1} = n, y_t$ est la variable observée, $\delta = (\delta_1, \dots, \delta_{m+1})'$ est le vecteur des coefficients avec $\delta_i \neq \delta_{i+1} (1 \leq i \leq m)$, et u_t est le terme d'erreur. Les dates de ruptures (T_1, \dots, T_m) sont considérées comme inconnues pour $i = 1, \dots, m$, et nous avons $\lambda_i = T_i/n$ les fractions de ruptures avec $0 < \lambda_1 < \dots < \lambda_m < 1$. Nous sommes dans le cas d'un modèle de changement structurel pur où tous les coefficients varient dans le temps. Bai et Perron(1998) imposent quelques restrictions sur les valeurs possibles des dates de ruptures, en effet, ils définissent un ensemble pour une certaine valeur arbitraire, petite et positive notée η tel que :

$\Lambda_\eta = \{(\lambda_1, \dots, \lambda_m); |\lambda_{i+1} - \lambda_i| \geq \eta, \lambda_1 \geq \eta, \lambda_m \leq 1 - \eta\}$ dans le but de contraindre les dates de ruptures d'être asymptotiquement différentes et limitées par les valeurs extrêmes de l'échantillon. La méthode d'estimation considérée est celle basée sur le principe des moindres carrés proposé par Bai et Perron (1998). Cette méthode est décrite comme suit ; pour chaque partition (T_1, \dots, T_m) , notée $\{T_j\}$, les estimations sont obtenues d'abord en minimisant la somme des carrés des résidus $RSS = \sum_{i=1}^{m+1} \sum_{j=T_{i-1}+1}^{T_i} (y_j - \delta_i t)^2$.

Soient $\hat{\delta}(\{T_j\})$ les estimations résultantes, en les substituant dans la fonction objective, nous aurons une somme notée Q_T :

$$\begin{aligned}
 Q_T(T_1, \dots, T_m) &= \min_{(\delta_1, \dots, \delta_{m+1})} \sum_{i=1}^{m+1} \sum_{j=T_{i-1}+1}^{T_i} (y_j - \hat{\delta}_i t)^2 \\
 &= \sum_{i=1}^{m+1} \sum_{j=T_{i-1}+1}^{T_i} (y_j - \bar{y}(T_{i-1}, T_i))^2
 \end{aligned}$$

où $\bar{y}(T_{i-1}, T_i) = \frac{1}{T_i - T_{i-1}} \sum_{j=T_{i-1}+1}^{T_i} y_j$.

Les estimations des dates de ruptures sont telles que :

$$(\hat{T}_1, \dots, \hat{T}_m) = \arg \min_{(T_1, \dots, T_m)} Q_T(T_1, \dots, T_m), \text{ avec } T_i - T_{i-1} \geq [\eta n],$$

ainsi les estimateurs des dates de ruptures sont les minimums globaux de la fonction objectif. Finalement les estimateurs des paramètres de régression sont associés aux dates de ruptures estimées c'est à dire $\hat{\delta} = \hat{\delta}(\{\hat{T}_i\})$. Pour le calcul, nous utilisons l'algorithme efficace développé par Bai et Perron (1996) et basé sur le principe de la programmation dynamique qui permet l'obtention des minimums globaux en utilisant un nombre de sommes des carrés des résidus d'ordre $O(n^2)$ pour tout $m \geq 2$.

Bai et Perron (1998) considèrent un algorithme efficace qui se base sur le principe de la programmation dynamique dans le but de calculer les estimations des points de ruptures comme des minimums globaux de la somme des carrés des résidus. L'algorithme utilise des opérations de moindres carrés d'ordre $O(n^2)$ au plus, pour toute valeur m , tout à fait différent d'une grille standard dont la procédure nécessite des opérations de moindres carrés d'ordre $O(n^m)$.

Bibliographie

Aillot Pierre. Séries temporelles. 2023.

Andrews Donald WK. Tests for parameter instability and structural change with unknown change point // *Econometrica : Journal of the Econometric Society*. 1993. 821–856.

Andrews Donald WK, Ploberger Werner. Optimal tests when a nuisance parameter is present only under the alternative // *Econometrica : Journal of the Econometric Society*. 1994. 1383–1414.

Bai Jushan. Estimation of a change point in multiple regression models // *Review of Economics and Statistics*. 1997. 79, 4. 551–563.

Bai Jushan. Likelihood ratio tests for multiple structural changes // *Journal of econometrics*. 1999. 91, 2. 299–323.

Bai Jushan, Lumsdaine Robin L, Stock James H. Testing for and dating common breaks in multivariate time series // *The Review of Economic Studies*. 1998. 65, 3. 395–432.

Computation and Analysis of Multiple Structural-Change Models. // . 1998a.

Bai Jushan, Perron Pierre. Estimating and testing linear models with multiple structural changes // *Econometrica*. 1998b. 47–78.

Bai Jushan, Perron Pierre. Computation and analysis of multiple structural change models // *Journal of applied econometrics*. 2003. 18, 1. 1–22.

Banerjee Anindya, Lumsdaine Robin L, Stock James H. Recursive and sequential tests of the unit-root and trend-break hypotheses : theory and international evidence // *Journal of Business & Economic Statistics*. 1992. 10, 3. 271–287.

Barndorff-Nielsen Ole E. Processes of normal inverse Gaussian type // *Finance and stochastics*. 1997. 2. 41–68.

Barndorff-Nielsen Ole Eiler. Normal\inverse Gaussian processes and the modelling of stock returns. 1995.

Blaesild Preben, Jensen J Ledet. Multivariate distributions of hyperbolic type. 1981.

Brockett Patrick L, MacMinn Richard D, Deng Yinglu. Longevity/Mortality Risk Modeling and Securities Pricing // *McCombs Research Paper Series No. IROM-05-10*. 2010.

Brown Robert L, Durbin James, Evans James M. Techniques for testing the constancy of regression relationships over time // *Journal of the Royal Statistical Society Series B : Statistical Methodology*. 1975. 37, 2. 149–163.

Canjels Eugene, Watson Mark W. Estimating deterministic trends in the presence of serially correlated errors // *Review of Economics and Statistics*. 1997. 79, 2. 184–200.

- Carr Peter, Wu Liuren.* The finite moment log stable process and option pricing // The journal of finance. 2003. 58, 2. 753–777.
- Chen Zhongwen, Shi Yanlin, Shu Ao.* Managing Mortality and Aging Risks with a Time-Varying Lee–Carter Model // Healthcare. 11, 5. 2023. 743.
- Deng Yinglu, Brockett Patrick L, MacMinn Richard D.* Longevity/mortality risk modeling and securities pricing // Journal of Risk and Insurance. 2012. 79, 3. 697–721.
- Kim In-Moo.* Detecting the number of structural breaks // Economics Letters. 1997. 57, 2. 145–148.
- Kuan Chung-Ming, Hornik Kurt.* The generalized fluctuation test : A unifying view // Econometric Reviews. 1995. 14, 2. 135–161.
- Lee Ronald D, Carter Lawrence R.* Modeling and forecasting US mortality // Journal of the American statistical association. 1992. 87, 419. 659–671.
- Li Nan, Lee Ronald, Gerland Patrick.* Extending the Lee-Carter method to model the rotation of age patterns of mortality decline for long-term projections // Demography. 2013. 50, 6. 2037–2051.
- Mitchell Daniel, Brockett Patrick, Mendoza-Arriaga Rafael, Muthuraman Kumar.* Modeling and forecasting mortality rates // Insurance : Mathematics and economics. 2013. 52, 2. 275–285.
- Mucchielli Laurent, Toubiana Laurent, Toussaint Jean-François.* Mortalité du Covid en France : ce que nous apprennent les chiffres // Journal International de Médecine (en ligne : jim. fr). 2020.
- Changing trends in mortality : an international comparison : 2000 to 2016. // . 2018.
- Newey W, West K.* A simple positive definite, heteroscedasticity and autocorrelation consistent covariance matrix estimator // Econometrica. 1987. 55. 103080.
- Perron Pierre.* Further evidence on breaking trend functions in macroeconomic variables // Journal of econometrics. 1997. 80, 2. 355–385.
- Perron Pierre, Zhu Xiaokang.* Structural breaks with deterministic and stochastic trends // Journal of Econometrics. 2005. 129, 1-2. 65–119.
- Ploberger Werner, Krämer Walter.* The CUSUM test with OLS residuals // Econometrica : Journal of the Econometric Society. 1992. 271–285.
- Ploberger Werner, Krämer Walter, Kontrus Karl.* A new test for structural stability in the linear regression model // Journal of Econometrics. 1989. 40, 2. 307–318.
- Prause Karsten, others .* The generalized hyperbolic model : Estimation, financial derivatives, and risk measures. 1999.
- Sanders Sophie.* Changing trends in mortality : A cross-UK comparison, 1981 to 2016 // Office for National Statistics. 2018.
- Schoutens Wim.* Lévy processes in finance : pricing financial derivatives. 2003.
- Toubiana L, Mucchielli L, Chaillot P, Bouaouda Jacques.* L'épidémie de Covid-19 a eu un impact relativement faible sur la mortalité en France // INSERM UMRS. 2021. 1142.
- Vermet Franck.* Les modèles prospectifs de durée. 2023.
- Wu Liuren, Black-Scholes Beyond.* Option pricing with time-changed Lévy processes. 2012.

-
- Yao Yi-Ching.* Estimating the number of change-points via Schwarz'criterion // *Statistics & Probability Letters.* 1988. 6, 3. 181–189.
- Zeileis A.* P values and alternative boundaries for CUSUM tests. *Adaptive Information Systems and Modeling in Economics and Management Science.* 2000.
- Zeileis Achim, Kleiber Christian, Krämer Walter, Hornik Kurt.* Testing and dating of structural changes in practice // *Computational Statistics & Data Analysis.* 2003. 44, 1-2. 109–123.
- Further evidence on the great crash, the oil-price shock, and the n. 3. // . 1992.