



SAPIENZA
UNIVERSITÀ DI ROMA

Approccio di riconciliazione alla mortalità per causa: un'applicazione ai dati italiani

Facoltà di Ingegneria dell'Informazione, Informatica e Statistica
Corso di Laurea Magistrale in Scienze Attuariali e Finanziarie

Candidato

Giulia Burri

Matricola 1861582

Relatore

Prof.ssa Susanna Levantesi

Correlatore

Prof. Davide Biancalana

Anno Accademico 2022/2023

Tesi discussa il 21 Luglio 2023
di fronte a una commissione esaminatrice composta da:
Prof. Fabio Grasso (presidente)
Prof. Davide Biancalana
Prof.ssa Rita Laura D'Ecclesia
Prof. Massimo De Felice
Prof.ssa Susanna Levantesi
Prof. Giacomo Morelli
Prof.ssa Barbara Rogo

Approccio di riconciliazione alla mortalità per causa: un'applicazione ai dati italiani

Tesi di Laurea Magistrale. Sapienza – Università di Roma

© 2023 Giulia Burri. Tutti i diritti riservati

Questa tesi è stata composta con L^AT_EX e la classe Sapthesis.

Email dell'autore: giulia.burri@hotmail.it

Indice

1	Il longevity risk	4
1.1	Modellizzare l'incertezza insita nella dinamica della mortalità	6
1.2	Notazione	7
2	I modelli GAPC	9
2.1	Il modello Lee-Carter	11
2.1.1	Estensione di Brouhns et al.	18
2.2	Il modello Cairns-Blake-Dowd (M5)	19
2.3	I modelli con effetto coorte	21
2.3.1	Il modello Renshaw-Haberman	21
2.3.2	Il modello APC	23
2.3.3	Il modello Currie	23
2.3.4	Il modello Cairns-Blake-Dowd (M6-M7-M8)	24
2.3.5	Il modello Plat	25
2.4	Criteri di selezione del modello	27
2.4.1	Criteri qualitativi	27
2.4.2	Criteri quantitativi	28
3	Il metodo di riconciliazione dal basso verso l'alto	30
3.1	Un approccio gerarchico di riconciliazione	31
3.1.1	Notazione	34
3.1.2	Il metodo <i>MinT</i>	36
3.1.3	Coerenza delle previsioni	38
3.2	Indicatori di longevità e di variabilità	40
3.2.1	Aspettativa di vita, anni di vita persi, entropia	41
4	Riconciliazione dei tassi di mortalità	45
4.1	Dati	45
4.2	Il pacchetto <i>StMoMo</i>	47
4.3	Risultati preliminari	48

4.4	Analisi Age-Period-Cohort	55
4.5	Analisi Lee-Carter	62
4.6	Analisi degli indicatori di longevità e di variabilità	69
4.6.1	Aspettativa di vita alla nascita	72
4.6.2	Anni di vita persi	74
4.6.3	Entropia	76
5	Conclusioni	78
	Bibliografia	80

Introduzione

Tra i parametri epidemiologici che misurano i più svariati rischi per la salute umana, riveste fondamentale importanza il tasso di mortalità, che tra tutti è il più solido e che si presta perfettamente a confronti geografici e temporali: i dati di mortalità vengono raccolti e catalogati nei vari Paesi nel mondo, in modo esaustivo, dettagliato per territorio e con una lunghissima serie storica, a cura degli Istituti di statistica che li codificano e li diffondono sulla base di regole globalmente riconosciute (*International Classification of Diseases*).

La descrizione e l'analisi del fenomeno della mortalità costituisce infatti un elemento particolarmente rilevante per la conoscenza dello stato di salute e di benessere di una popolazione, fornendo indicazioni utili sull'allungamento dell'aspettativa di vita della stessa; tuttavia, tali informazioni devono tenere conto delle caratteristiche delle diverse cause di morte: una mortalità elevata può essere attribuita, per esempio, tanto alla diffusione su larga scala di una malattia, quanto a una sua trasmissione minore legata però a un elevato tasso di letalità. Pertanto, l'analisi della mortalità per causa di decesso può fornire indicazioni valide per la programmazione e per l'attivazione di adeguate misure preventive: infatti, analizzare e comprendere l'eterogeneità dell'esperienza di mortalità a livello nazionale è essenziale, in quanto può aiutare i responsabili politici, le autorità sanitarie e previdenziali e le comunità locali a formulare interventi e compiere decisioni atte a ridurre le disuguaglianze e le disparità nell'aspettativa di vita. Conseguentemente, modellare e prevedere la mortalità ha favorito un'attenzione sempre maggiore da parte di numerosi settori, come il sistema pensionistico pubblico e il settore assicurativo, nonché l'incremento di svariate ricerche in ambito attuariale, demografico ed epidemiologico.

Negli ultimi decenni, la riduzione dei tassi di mortalità è diventata un obiettivo fondamentale per molti paesi e organizzazioni internazionali. Tuttavia, sebbene siano stati compiuti significativi progressi in tale direzione, le disparità nella salute e nella longevità continuano a persistere, specialmente quando si considerano le diverse cause di decesso.

In un contesto simile, l'obiettivo del presente elaborato è quello di descrivere e di analizzare i risultati dell'applicazione di un nuovo metodo di aggregazione delle previsioni dei tassi di mortalità italiani distinti per causa di morte, seguendo un approccio emergente noto come *bottom-up reconciliation* (Han Li, Rob J. Hyndman), che effettua l'aggregazione delle previsioni dei tassi di mortalità per otto cause di morte distinte, poi per genere e infine determina il tasso di mortalità complessivo, impiegando specifici vincoli di aggregazione a ogni livello, avvalendosi sia del modello *Age-Period-Cohort* (APC) sia del modello Lee-Carter; si ricavano quindi come output le previsioni dei tassi di mortalità complessivi, per genere e per causa di morte, e si cerca di stabilire quale dei due modelli performi meglio. A tal fine, il metodo di riconciliazione dal basso verso l'alto si concentra sull'importanza di analizzare e affrontare separatamente le diverse cause di morte per ridurre le disuguaglianze nella mortalità, basandosi sull'idea che la comprensione delle specifiche cause di decesso possa consentire l'adozione di strategie di intervento mirate, che loro volta conducano a miglioramenti significativi nelle politiche adottate in ambito di salute pubblica, di prevenzione, di diagnosi precoce e di trattamento di determinate malattie e condizioni patologiche.

Nello specifico, il **Capitolo 1** introduce e analizza il *longevity risk*, e gli ambiti in cui prevalentemente impatta, illustrando brevemente anche la notazione impiegata nei successivi capitoli dell'elaborato.

Il **Capitolo 2** analizza la conseguente necessità di modellare il fenomeno della mortalità attraverso una serie di modelli che rientrano nella famiglia GAPC (*Generalized Age-Period-Cohort*), cominciando con il modello Lee-Carter - considerato la pietra miliare dei modelli previsivi di natura stocastica nell'ambito delle tendenze sulla mortalità - e passandone in rassegna numerosi altri, tra cui il modello *Age-Period-Cohort* (APC), entrambi impiegati nell'applicazione del metodo di riconciliazione dal basso verso l'alto.

Il **Capitolo 3** si articola in due sezioni distinte ma complementari: la prima riporta un'analisi della letteratura scientifica e delle basi teoriche del metodo di *bottom-up reconciliation*, illustrandone le principali caratteristiche e proprietà; la seconda parte, invece, analizza l'indicatore di longevità per eccellenza - l'aspettativa di vita alla nascita - e due indicatori di variabilità tipicamente associati a una tavola di mortalità - gli anni di vita persi a causa della morte e l'entropia di Leser-Keyfitz - che saranno poi calcolati in relazione a tavole di mortalità costruite a partire da previsioni di tassi

di mortalità riconciliati ricavate sia con il modello APC sia con il modello Lee-Carter.

Anche il **Capitolo 4** è articolato in due sezioni distinte, che rappresentano le rispettive applicazioni di quanto illustrato a livello teorico nel capitolo precedente; in particolare, la prima parte concerne la procedura di riconciliazione dei tassi di mortalità portata avanti avvalendosi del pacchetto *StMoMo* (disponibile nell'ambiente R) ed effettuando previsioni tramite il modello APC e il modello Lee-Carter sia per tassi di mortalità riconciliati sia non riconciliati, in modo da poter effettuare confronti.

La seconda parte, invece, riguarda la procedura di costruzione di tre tavole di mortalità (a partire da tassi di mortalità osservati e da previsioni di tassi riconciliati ricavate dai modelli APC e Lee-Carter), e il relativo calcolo degli indicatori di longevità e di variabilità illustrati nel capitolo precedente.

Infine, nel **Capitolo 5** si riportano le considerazioni finali in merito alle analisi sviluppate e alle possibili evoluzioni degli studi in questo ambito, in modo da incentivare ulteriori ricerche e interventi volti ad affinare ed estendere le indagini effettuate, mantenendo come fine ultimo la salute e il benessere delle popolazioni.

Capitolo 1

Il longevity risk

Nel corso dell'ultimo secolo, l'aspettativa di vita alla nascita è aumentata considerevolmente in molti Paesi del mondo, uguagliando in alcuni e superando in altri la soglia degli 80 anni. In virtù di ciò, l'accuratezza di tale indicatore di longevità, nonché quella di una serie di indicatori di variabilità della durata di vita umana (tra tutti, gli anni di vita persi a causa della morte e l'indice di entropia di Leser-Keyfitz) riveste fondamentale importanza nell'ambito delle dinamiche del *longevity risk*: significativo fattore di rischio per i sistemi di previdenza (sia pubblici, sia complementari, sia individuali), esso si configura come il rischio che, in media, l'esistenza in vita dei soggetti che aderiscono ai suddetti sistemi si protragga oltre la speranza di vita media ipotizzata.

In Italia, i principali fattori che sono alla base dell'aumento dell'aspettativa di vita sono legati primariamente all'invecchiamento della popolazione, alla riduzione della mortalità infantile, all'aumento degli standard di vita, alla maggiore istruzione, ai notevoli progressi nella sanità e nella medicina e agli sviluppi tecnologici. Infatti, la speranza di vita alla nascita nel 2022 è stimata dall'ISTAT a 80,5 anni per gli uomini e a 84,8 anni per le donne. Pertanto, la qualità dei tassi di mortalità impiegati nel calcolo dei suddetti indicatori è un requisito fondamentale allo scopo di effettuare previsioni sugli stessi e derivare l'andamento della mortalità nel futuro.

Nonostante l'attuale e continua decelerazione dell'aumento dell'aspettativa di vita nei Paesi in sviluppo avanzato, nel 2019 l'Italia era la nazione con una delle più elevate aspettative di vita in Europa (seconda solo alla Spagna nell'Unione Europea, e di due anni al di sopra della media europea), e nel mondo.

Il progresso nella riduzione della mortalità dall'inizio del 1960 è al centro del miglioramento della longevità italiana ed è dovuto essenzialmente alla combinazione di un sistema sanitario nazionale che assicura una copertura universale e a uno stile di vita sano, che è concorso a migliorare la qualità della vita.

In Italia, l'analisi delle principali cause di morte mostra che le malattie cardiovascolari hanno contribuito in misura pari al 30% ai decessi registrati nel 2012, seguite da tumori maligni alla trachea, ai bronchi e ai polmoni. Gli incidenti dovuti ai trasporti e quelli sul lavoro si sono rivelati essere la causa preponderante di decesso per individui di età compresa tra i 15 e i 24 anni, soprattutto maschi. Inoltre, il numero di decessi tra persone di età compresa tra i 65 e gli 84 anni rappresenta circa il 50% della mortalità complessiva. In tal caso, le cause primarie sono la cardiopatia ischemica e le malattie cerebrovascolari, rispettivamente per maschi e per femmine. In corrispondenza di età più elevate (85 anni e oltre), le cause più frequenti sono le malattie al sistema circolatorio, specialmente al cuore.

In un contesto simile, si colloca naturalmente il *longevity risk*, prodotto essenzialmente dal cambiamento della popolazione in termini strutturali e rilevabile da un'accurata analisi dei trend demografici. Negli ultimi decenni, l'invecchiamento della popolazione, cioè l'aumento del peso della proporzione di anziani sul totale della popolazione, e l'evoluzione del fenomeno della mortalità hanno causato una consistente diminuzione dei decessi alle età adulte e più avanzate, provocando un notevole aumento della speranza di vita. Infatti, si è osservato un impatto sulla forma della curva dei sopravvissuti, la quale si è espansa e *rettangolarizzata*: la rettangolarizzazione consiste in una maggiore concentrazione dei decessi attorno alla moda della distribuzione (punto di Lexis, il quale a propria volta tende all'età estrema ω); l'espansione, invece, riguarda lo spostamento in avanti del punto di Lexis, cioè verso le età estreme.

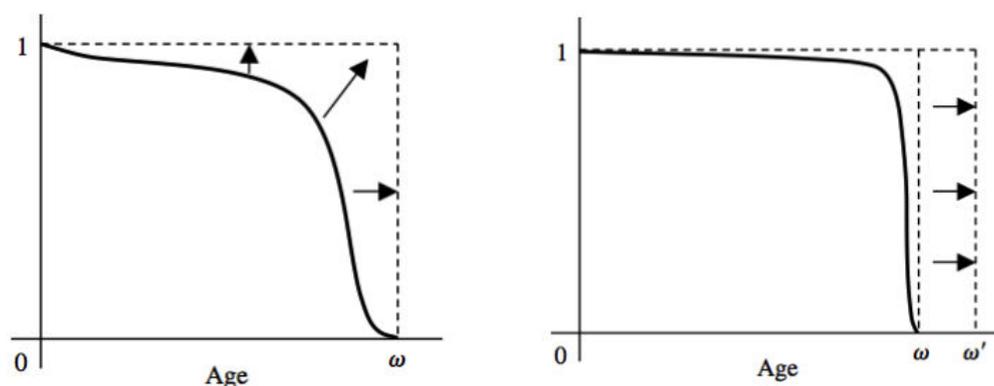


Figura 1.1. "Rettangolarizzazione" ed "espansione" della funzione di sopravvivenza (rispettivamente). Fonte: Pitacco E., *Matematica e Tecnica Attuariale delle assicurazioni sulla durata di vita*, Lint, Trieste, 2000.

Con l'aumento dell'aspettativa di vita e il rapporto sempre più sfavorevole tra popolazione attiva e non attiva, tenderà ad aumentare anche l'onere socio-economico correlato alla cura, all'assistenza e alle spese previdenziali destinate agli anziani, causando il cosiddetto *longevity shock*.

1.1 Modellizzare l'incertezza insita nella dinamica della mortalità

Le varie fonti di rischio all'origine delle deviazioni osservabili ex-post tra i valori teorici forniti dal modello adottato e i valori osservabili nella realtà sono imputabili a:

- Rischio di modello: determinato dall'inadeguatezza del modello di proiezione a rappresentare l'effettivo trend di mortalità;
- Rischio di parametro: originato dall'incertezza presente nei valori dei parametri stimati del modello di proiezione;
- Rischio di processo (o rischio di fluttuazioni casuali): generato dalla natura stocastica del processo temporale che governa l'evoluzione della mortalità e derivante dagli scostamenti aleatori tra i tassi di mortalità attesi e quelli osservati, che non derivano da scostamenti sistematici ma sono insiti nella natura stocastica della mortalità.

Alla luce delle precedenti osservazioni, è risultato opportuno l'utilizzo di un approccio dinamico per lo studio del fenomeno della mortalità, considerandolo come funzione sia dell'età x sia dell'anno di calendario t .

La letteratura statistico-demografica ha elaborato numerosi modelli estrapolativi, che consentono di ricavare le eventuali regolarità e di identificare l'andamento futuro di una data grandezza partendo da una serie storica di osservazioni della stessa, cioè basati quindi sui trend storici della mortalità; all'interno di questi ultimi, si collocano i modelli stocastici di proiezione della mortalità, nei quali i tassi di mortalità osservati sono estrazioni di variabili casuali che rappresentano la mortalità passata, mentre i tassi di mortalità proiettati sono stime di variabili casuali che rappresentano la mortalità futura.

Pertanto, nel contesto di un modello che lega la struttura probabilistica del processo stocastico a un campione osservato, dai valori osservati della frequenza casuale della mortalità si passa a una possibile rappresentazione futura della stessa, definendo un

insieme di ipotesi riguardo alla mortalità e un legame tra osservazioni e proiezioni. Un simile modello stocastico, pertanto, fa sì che i risultati delle proiezioni forniscano sia stime puntuali sia intervalli di confidenza dei futuri tassi di mortalità, ed è per questo motivo che detti modelli sono ampiamente impiegati nelle valutazioni attuariali.

Infatti, proiettando i futuri tassi di mortalità, è possibile desumere l'evoluzione del trend della mortalità e il suo rapporto con il *longevity risk*, che si traduce nella rappresentazione della mortalità tramite un opportuno modello di proiezione e che può definirsi tanto a livello individuale quanto a livello aggregato. A livello individuale, esso consiste nel rischio che la popolazione possa vivere più a lungo di quanto previsto; a livello aggregato, esso rappresenta il rischio che l'insieme dei percettori di rendita vivano in media di più di quanto assunto in fase di *pricing* e pertanto influenza significativamente le rendite assicurative/pensionistiche, facendo sì che possa estendersi il periodo di pagamento delle rendite e che possano incrementarsi le passività tecnico-attuariali. Infatti, non è possibile ridurre il rischio di longevità per diversificazione, cioè aumentando semplicemente il numero di contratti nel portafoglio. In un contesto pensionistico, tale rischio influenza tanto gli enti previdenziali, che erogano prestazioni previdenziali di base in forma di capitale o di rendita (eventualmente comprensive della reversibilità), quanto i fondi pensione chiusi (negoziali) e i fondi pensione aperti, che erogano le medesime prestazioni.

1.2 Notazione

Si indichi con $D_{x,t}$ la variabile aleatoria che rappresenta il numero dei decessi in una popolazione all'età x nell'anno di calendario t . Sia $d_{x,t}$ il numero di decessi osservato, $E_{x,t}^c$ l'esposizione centrale al rischio all'età x nell'anno di calendario t , e sia $E_{x,t}^0$ la corrispondente esposizione iniziale al rischio. Allora, la probabilità di morte mono-annuale per un individuo di età x nell'anno di calendario t , ossia $q_{x,t}$, può essere stimata come segue:

$$\hat{q}_{x,t} = \frac{d_{x,t}}{E_{x,t}^0}$$

La forza di mortalità e il tasso centrale di mortalità sono indicati, rispettivamente, da $\mathbf{m}_{x,t}$ e da $m_{x,t}$; la stima empirica di quest'ultimo è costituita da:

$$\hat{m}_{x,t} = \frac{d_{x,t}}{E_{x,t}^c}$$

Sotto l'ipotesi che la forza di mortalità $\mathbf{m}_{x,t}$ sia costante per ogni anno di età x e per ogni anno di calendario t , cioè dall'età x all'età $x+1$, la forza di mortalità $\mathbf{m}_{x,t}$ e il

tasso di mortalità $m_{x,t}$ coincidono.

Invece, con $\mu_{x,t}$ si indicherà il logaritmo del tasso centrale di mortalità e con $L_{x,t}$ il numero atteso di individui viventi all'età x nell'anno di calendario t in una data popolazione.

Nel pacchetto *StMoMo* e nel seguito, si assume che i decessi $d_{x,t}$, le esposizioni centrali al rischio $E_{x,t}^c$ o le esposizioni iniziali al rischio $E_{x,t}^0$, siano disponibili in un formato di allineamento rettangolare che comprende le età $x = x_1, x_2, \dots, x_n$ (sulle righe), e gli anni di calendario $t = t_1, t_2, \dots, t_n$ (sulle colonne).

Quando sono disponibili solo le esposizioni centrali al rischio e sono richieste le esposizioni iniziali (o viceversa), è possibile approssimare le esposizioni iniziali aggiungendo la metà del numero dei decessi riferito alle esposizioni centrali, cioè:

$$E_{x,t}^0 \approx E_{x,t}^c + \frac{1}{2}d_{x,t}$$

Quando il contesto è chiaro, è possibile scrivere $E_{x,t}$ per riferirsi a $E_{x,t}^0$ oppure a $E_{x,t}^c$.

Capitolo 2

I modelli GAPC

Data la molteplicità di modelli stocastici per proiettare la mortalità disponibili nella letteratura, Hunt e Blake (2015) hanno proposto una classificazione che ne ricomprende la maggior parte; in particolare, la letteratura statistico-demografica ha identificato una macro classe di modelli stocastici per la previsione della mortalità, all'interno della quale è possibile includere quelli più noti sulla base dei parametri che compaiono nell'espressione del tasso di log-mortalità. Detti modelli sono noti come *Generalized Age-Period-Cohort* (GAPC), cioè modelli stocastici di mortalità generalizzati per età-coorte; essi si identificano sulla caratterizzazione di una serie di elementi, riconducibili a quattro componenti fondamentali:

1. La *componente casuale*: il numero di decessi $D_{x,t}$ ha distribuzione di tipo Poisson¹ o di tipo Binomiale².

In particolare, si ha:

$$D_{x,t} \sim \text{Poisson}(E_{x,t}^c \cdot \mu_{x,t})$$

Oppure:

$$D_{x,t} \sim \text{Binomiale}(E_{x,t}^0 \cdot q_{x,t})$$

¹La distribuzione di Poisson è una distribuzione di probabilità discreta con funzione di massa di probabilità data da:

$$P_\lambda(n) = \frac{\lambda^n}{n!} e^{-\lambda}, \quad \forall n \in \mathbb{N}.$$

dove λ è il numero medio di eventi per intervallo di tempo, mentre n è il numero di eventi per intervallo di tempo di cui si cerca la probabilità.

²La distribuzione Binomiale è una distribuzione di probabilità discreta che descrive il numero di successi in un processo di Bernoulli, ovvero la variabile aleatoria $S_n = X_1 + X_2 + \dots + X_n$ che somma n variabili aleatorie indipendenti di uguale distribuzione di Bernoulli. La funzione di massa di probabilità è data da:

$$P(k) = \binom{n}{k} p^k q^{n-k}$$

cioè ogni successione con k successi e $(n-k)$ insuccessi ha probabilità $p^k q^{n-k}$, mentre il numero di queste successioni, pari al numero di combinazioni in cui possono disporsi i k successi nelle n prove, è dato dal coefficiente binomiale.

dove $\mathbb{E}\left(\frac{D_{x,t}}{E_{x,t}^c}\right) = \mu_{x,t}$ e dove $\mathbb{E}\left(\frac{D_{x,t}}{E_{x,t}^0}\right) = q_{x,t}$, rispettivamente.

2. La *componente sistematica*: secondo Hunt e Blake (2015), gli effetti dell'età x , dell'anno di calendario t e dell'anno di nascita della coorte $c = t - x$ sono catturati da un predittore $\eta_{x,t}$, la cui espressione generale è la seguente:

$$\eta_{x,t} = \alpha_x + \sum_{i=1}^N \beta_x^{(i)} \kappa_t^{(i)} + \beta_x^{(0)} \gamma_{t-x} \quad (2.1)$$

dove:

- α_x : funzione statica dell'età che descrive l'andamento della mortalità al variare dell'età x ;
- $N \geq 0$: numero intero che indica il numero di termini di *age-period* che riproducono l'andamento della mortalità;
- $\kappa_t^{(i)}$: spiega la variazione della mortalità nel tempo, $i = 1, \dots, N$;
- $\beta_x^{(i)}$: descrive, per ogni età x , come la mortalità reagisce al variare del parametro temporale $\kappa_t^{(i)}$, $i = 1, \dots, N$;
- γ_{t-x} : parametro che cattura l'effetto coorte;
- $\beta_x^{(0)}$: descrive, per ogni età x , come la mortalità reagisce al variare dell'effetto coorte.

Perciò, al variare di i nella 2.1, si ottengono il modello Lee-Carter, l'estensione di Brouhns et al., il modello Cairns et al., e così via con numerosi altri modelli stocastici di mortalità appartenenti alla nota famiglia GAPC.

I parametri $\beta_x^{(i)}$, $i = 1, \dots, N$, possono essere funzioni predefinite dell'età x , come nel modello di Cairns et al., oppure possono essere termini non parametrici senza alcuna struttura da stimarsi, come nel modello Lee-Carter.

Nella famiglia dei modelli GAPC, si assume che gli indici temporali $\kappa_t^{(i)}$, $i = 1, \dots, N$, e il parametro di coorte γ_{t-x} siano dei processi stocastici; proprio quest'ultima è la caratteristica chiave che consente di ricavare le proiezioni stocastiche nei modelli GAPC e quindi la produzione di previsioni probabilistiche dei tassi di mortalità futuri.

3. L'utilizzo di una *link function* g , che associa la componente sistematica a quella casuale, definita come segue:

$$g\left(\mathbb{E}\left(\frac{D_{x,t}}{E_{x,t}}\right)\right) = \eta_{x,t}$$

Nonostante siano disponibili diverse *link functions*, in tal caso si associa la distribuzione di Poisson con la *log-link function* e la distribuzione Binomiale con la *logit-link function*.

4. L'insieme di *vincoli sui parametri*: la maggior parte dei modelli stocastici di mortalità necessita di vincoli sui parametri, che consentano agli stessi di essere calibrati e di essere identificati. Naturalmente, il numero e l'entità di tali vincoli variano in base ai parametri presenti nell'espressione 2.1, anche se in alcuni casi il modello può essere identificabile a meno di vincoli (cfr. modello Cairns et al.).

Detti vincoli sui parametri sono applicabili tramite una funzione di vincolo v che associa un vettore arbitrario di parametri:

$$\boldsymbol{\theta} := \left(\alpha_x, \beta_x^{(1)}, \dots, \beta_x^{(N)}, \kappa_t^{(1)}, \dots, \kappa_t^{(N)}, \beta_x^{(0)}, \gamma_{t-x} \right)$$

a un vettore di parametri trasformati:

$$v(\boldsymbol{\theta}) = \tilde{\boldsymbol{\theta}} = \left(\tilde{\alpha}_x, \tilde{\beta}_x^{(1)}, \dots, \tilde{\beta}_x^{(N)}, \tilde{\kappa}_t^{(1)}, \dots, \tilde{\kappa}_t^{(N)}, \tilde{\beta}_x^{(0)}, \tilde{\gamma}_{t-x} \right)$$

soddisfacendo i vincoli del modello senza alcun effetto sul predittore $\eta_{x,t}$, poiché $\boldsymbol{\theta}$ e $\tilde{\boldsymbol{\theta}}$ producono lo stesso $\eta_{x,t}$.

La maggior parte dei modelli di mortalità proposti nella letteratura appartiene alla famiglia dei modelli GAPC; tra essi, si segnalano la versione originale del modello Lee-Carter (1992), l'estensione del modello Lee-Carter di Brouhns et al. (2002), il modello CBD originale (2006), il modello Renshaw-Haberman (2006), il modello APC (2006), le versioni seguenti del modello CBD (2009), il modello Plat (2009), e numerosi altri.

Nel seguito, si descrivono nel dettaglio i suddetti modelli, con un focus particolare sul modello Lee-Carter, considerato la "pietra miliare" del relativo filone letterario, e sottolineando come essi si collocano all'interno della famiglia GAPC.

2.1 Il modello Lee-Carter

Nel 1992 Ronald D. Lee e Lawrence R. Carter pubblicarono un articolo sul *Journal of the American Statistical Association* in cui proposero quello che poi divenne il principale modello per la mortalità nella letteratura statistico-demografica; la prima versione è stata sviluppata dagli autori utilizzando dati sulla mortalità della popolazione degli Stati Uniti nel periodo che va dal 1933 al 1987.

Trattandosi di un modello stocastico (a tempo discreto), i risultati delle proiezioni forniscono sia stime puntuali sia intervalli di confidenza per i futuri tassi di mortalità. Il modello si fonda su una combinazione di metodi applicati alle serie storiche e su un approccio semplificato sulla distribuzione per età della mortalità, che viene suddivisa in due componenti: una componente relativa all'età, indipendente dal tempo, e un'altra componente che è il prodotto tra un parametro variabile con il tempo (che riflette il livello generale di mortalità) e di un fattore relativo all'età, che descrive quanto rapidamente o lentamente la mortalità a ogni età varia al variare del livello generale di mortalità.

Nella sua formulazione originale, gli autori hanno proposto un puro metodo estrapolativo che non cercasse di incorporare influenze mediche, comportamentali e sociali nel fenomeno della mortalità; in particolare, esso si basa sull'assunzione che l'evoluzione della mortalità osservata nel passato si ripeterà anche nel futuro in termini di trend: infatti, il punto di forza della procedura è che combina un ricco ma parsimonioso modello demografico con metodi statistici sulle serie storiche.

Nello specifico, il modello Lee-Carter ipotizza un andamento esponenziale del tasso centrale di mortalità per ogni età x , definito come rapporto tra decessi di età x nell'anno di calendario t e numero medio di sopravvissuti, cioè a metà del periodo considerato:

$$m_{x,t} = \frac{D_{x,t}}{\frac{l_{x,t} + l_{x,t+1}}{2}} \quad (2.2)$$

In particolare, nella formula 2.2 è implicita l'ipotesi di sviluppo lineare della popolazione, ossia che i decessi $D_{x,t}$ seguano una distribuzione uniforme nel generico anno di calendario t .

Dal punto di vista formale, sia $m(x,t)$ il tasso centrale di mortalità per l'età x , $x = x_1, \dots, x_n$ e per l'anno di calendario $t = t_1, \dots, t_n$ definito secondo la seguente relazione log-bilineare:

$$\ln m(x,t) = \alpha_x + \beta_x \kappa_t + \epsilon_{x,t} \quad (2.3)$$

Oppure, equivalentemente:

$$m(x,t) = e^{\alpha_x + \beta_x \kappa_t + \epsilon_{x,t}} \quad (2.4)$$

dove:

- α_x : parametro che descrive l'andamento (crescente) della curva di mortalità al variare dell'età x e che rappresenta la media aritmetica rispetto al tempo del logaritmo di ogni tasso di mortalità;

- β_x : parametro (tipicamente decrescente) che esprime come la mortalità reagisce al variare di κ_t per ogni età x , cioè indica quali probabilità di morte variano più o meno rapidamente di altre in risposta alle variazioni dell'indice κ_t ;
- κ_t : parametro (tipicamente decrescente) che rappresenta un indice di variazione della mortalità, ossia esprime informazioni sulla evoluzione della stessa nel tempo e quindi sul suo livello generale;
- $\epsilon_{x,t}$: termine di errore normalmente distribuito (con media nulla e varianza σ_ϵ^2), che riflette particolari influenze storiche nel profilo per età x non catturate dal modello; gli errori sono ipotizzati indipendenti e identicamente distribuiti. Si noti che l'ipotesi di omoschedasticità degli stessi risulta poco realistica, soprattutto per età elevate.

Quindi, la struttura del predittore proposta da Lee e Carter prevede di assumere che esista una funzione statica dell'età, α_x , un unico termine non parametrico di age-period ($N = 1$) e nessun effetto coorte. In particolare, l'espressione del predittore è identificata da:

$$\eta_{x,t} = \ln m_{x,t} = \alpha_x + \beta_x \kappa_t$$

Detto modello viene implementato eseguendo in primis la fase di stima dei parametri, al fine di adeguarlo al set di tassi di mortalità osservati; in seguito, si procede alla seconda fase di proiezione della mortalità stimata.

Osservati con cadenza annuale, nel corso di un determinato periodo, i tassi di decesso relativi a una certa popolazione, si procede alla costruzione della matrice dei logaritmi naturali degli stessi, di righe pari al numero di fasce di età considerate e di colonne pari agli anni di calendario esaminati; tale matrice $M_{x,t}$ ha come generico elemento $\ln m(x, t) = \mu_{x,t}$, noto come tasso di log-mortalità.

Al fine di stimare il modello per una data matrice di tassi di mortalità $m(x, t)$, occorre risolvere l'equazione 2.3; tuttavia, la soluzione risulta indeterminata poiché la parametrizzazione non è unica, in quanto invariante rispetto alle seguenti trasformazioni:

$$\left(\alpha_x, \beta_x, \kappa_t \right) \rightarrow \left(\alpha_x + c_1 \beta_x, \frac{1}{c_2} \beta_x, c_2 (\kappa_t - c_1) \right)$$

dove $c_1, c_2 \neq 0$ sono costanti reali.

Pertanto, ai fini della calibrazione del modello, è necessario imporre i seguenti due

vincoli sui parametri, in modo da ovviare al problema di identificabilità degli stessi:

$$\sum_x \beta_x = 1 \quad (2.5)$$

$$\sum_t \kappa_t = 0 \quad (2.6)$$

Tali vincoli possono essere impostati scegliendo:

$$c_1 = \frac{1}{n} \sum_t \kappa_t, \quad c_2 = \sum_x \beta_x$$

La condizione 2.6 implica che la stima del parametro α_x sia costituita dalla media nel tempo dei tassi di log-mortalità $\mu_{x,t}$ per ogni gruppo di età x , ovvero:

$$\hat{\alpha}_x = \frac{1}{t_n} \sum_{t=t_1}^{t_n} \mu_{x,t}$$

e tale espressione è valida se e solo se $t_1 = 1$.

Allo stesso risultato si perviene utilizzando la scomposizione in valori singolari (SVD, dall'acronimo inglese di *Singular Value Decomposition*), definendo innanzitutto una funzione obiettivo da minimizzare tramite il metodo dei minimi quadrati ordinari (OLS):

$$\text{OLS}(\alpha, \beta, \kappa) = \sum_{x=x_1}^{x_n} \sum_{t=t_1}^{t_n} (\hat{\mu}_{x,t} - \alpha_x - \beta_x \kappa_t)^2$$

dove $\hat{\mu}_{x,t}$ rappresentano i tassi di log-mortalità osservati.

Uguagliando a zero la derivata parziale rispetto ad α_x della suddetta funzione, si ottiene quanto segue:

$$\sum_{t=t_1}^{t_n} \hat{\mu}_{x,t} = (t_n - t_1 + 1) \alpha_x + \beta_x \sum_{t=t_1}^{t_n} \kappa_t$$

Per effetto del vincolo 2.6, risulta che:

$$\hat{\alpha}_x = \frac{1}{t_n - t_1 + 1} \sum_{t=t_1}^{t_n} \hat{\mu}_{x,t}$$

I parametri β_x e κ_t si ottengono effettuando la scomposizione in valori singolari del primo termine della matrice centrata $\widehat{M}_{x,t} = M_{x,t} - \hat{\alpha}_x$, dove $\widehat{M}_{x,t}$ ha come generico elemento $\hat{\mu}_{x,t} = \mu_{x,t} - \hat{\alpha}_x$ e dove $M_{x,t}$ rappresenta la matrice contenente i tassi di mortalità centrali.

Nello specifico si ha, rispettivamente:

$$\mathbf{M} = \begin{pmatrix} m_{x_1, t_1} & \cdots & m_{x_1, t_n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ m_{x_n, t_1} & \cdots & m_{x_n, t_n} \end{pmatrix}$$

$$\mathbf{Z} = \ln M - \hat{\alpha} = \begin{pmatrix} \hat{\mu}_{x_1, t_1} - \hat{\alpha}_{x_1} & \cdots & \hat{\mu}_{x_1, t_n} - \hat{\alpha}_{x_1} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \hat{\mu}_{x_n, t_1} - \hat{\alpha}_{x_n} & \cdots & \hat{\mu}_{x_n, t_n} - \hat{\alpha}_{x_n} \end{pmatrix}$$

Allora, i parametri β_x e κ_t sono tali da minimizzare la seguente funzione:

$$\mathbf{OLS}(\beta, \kappa) = \sum_{x=x_1}^{x_n} \sum_{t=t_1}^{t_n} (z_{x,t} - \beta_x \kappa_t)^2$$

e occorre trovare gli autovettori e gli autovalori della matrice \mathbf{Z} .

Per la relazione 2.3 e per l'ipotesi di normalità degli errori, risulta che:

$$\mu_{x,t} - \alpha_x = \beta_x \kappa_t + \epsilon_{x,t} \sim N(\beta_x \kappa_t, \sigma_x^2) \quad (2.7)$$

Come precedentemente riportato, gli autori optano per il metodo di decomposizione dei valori singolari, sebbene non sia sempre disponibile nei pacchetti dei software statistici; in alternativa, è possibile applicare il metodo di stima di massima verosimiglianza alla matrice centrata $\widehat{M}_{x,t}$, al fine di stimare il prodotto $\beta_x \kappa_t$.

In aggiunta a ciò, per la normalità degli errori e per il vincolo 2.5, l'indice κ_t può essere stimato attraverso la somma degli elementi della t -esima colonna della matrice centrata $\widehat{M}_{x,t}$, cioè:

$$\hat{\kappa}_t = \sum_{x=x_1}^{x_n} \hat{\mu}_{x,t}$$

Inoltre, considerando la condizione 2.7, il parametro β_x può essere stimato tramite un modello di regressione lineare su κ_t separatamente per ogni gruppo di età x , ossia:

$$\hat{\mu}_{x,t} = \beta_x \hat{\kappa}_t$$

Per ogni valore di κ , il modello stimato definisce un insieme di tassi centrali di decesso, che possono essere utilizzati per derivare una tavola di mortalità secondo la seguente relazione:

$$q_{x,t} \approx \frac{2m_{x,t}}{2 + m_{x,t}} \quad (2.8)$$

Oppure, equivalentemente:

$$q_{x,t} \approx 1 - e^{-m_{x,t}}$$

Tale procedura può essere portata avanti ricercando un range di valori di κ ammissibili; infatti, non è possibile ricavare una soluzione analitica dato che le stime di $\hat{\beta}_x$ e di $\hat{\kappa}_t$ non garantiscono che il numero di decessi stimati \hat{D}_t sia uguale o approssimativamente uguale al numero di decessi osservati nel tempo D_t . Inoltre, l'ipotesi di normalità degli errori e quindi di normalità dei tassi centrali di log-mortalità potrebbe non avere un effettivo riscontro pratico a livello campionario.

Dunque, gli autori suggeriscono di utilizzare una procedura iterativa che, fissati $\hat{\alpha}_x$ e $\hat{\beta}_x$, consenta di ricercare il valore di $\hat{\kappa}_t$ che soddisfi la condizione $\hat{D}_t = D_t$. Tuttavia, tale metodo non ammette una soluzione unica e, in caso di molteplici soluzioni oppure di nessuna soluzione, il modello Lee-Carter diventa inconsistente.

Alla luce delle precedenti considerazioni, è possibile identificare tre principali limiti del modello Lee-Carter, cioè:

- Il modello ha bisogno di due vincoli sui parametri β_x e κ_t per poter essere calibrato, altrimenti pone problemi di identificabilità degli stessi;
- Il parametro β_x potrebbe essere negativo per alcune età, indicando che la mortalità per quelle età tende ad aumentare, mentre tende a diminuire per età differenti;
- Il modello potrebbe non essere efficace per età molto avanzate a causa dell'esigua disponibilità di dati osservati.

Invece, tra i principali vantaggi derivanti dall'utilizzo del modello Lee-Carter si segnalano:

- Il numero esiguo di parametri e il loro semplice significato demografico;
- Il suo utilizzo tanto nella letteratura accademica quanto nelle applicazioni pratiche, che ha fatto sì che il modello venisse considerato nel settore uno dei *benchmark* di riferimento;
- Il fatto che per un dato valore del parametro κ_t venga definito un set di probabilità di morte che consente la derivazione di un'intera tavola di mortalità.

Dopo aver sviluppato e stimato i parametri del modello demografico, è possibile ricavare le previsioni dei futuri tassi di mortalità; in particolare, Lee e Carter impiegano un procedimento estrapolativo al fine di produrre le proiezioni della mortalità della popolazione statunitense, avanzando l'ipotesi che anche i tassi centrali di mortalità futuri soddisfino l'equazione 2.4.

Stimati i parametri $\hat{\alpha}_x$ e $\hat{\beta}_x$ e ipotizzati invarianti nel futuro, il passo successivo è quello di identificare un modello di serie storiche ARIMA appropriato per l'indice di mortalità κ_t , unico parametro oggetto di previsione, che segue lo stesso processo stocastico descritto dai suoi valori stimati $\hat{\kappa}_t$. Il modello di serie storiche adeguato a tal fine risulta essere un processo ARIMA(0,1,0), cioè un modello autoregressivo a media mobile integrato con intercetta³.

Nel caso in esame, si assume che l'andamento dell'indice di mortalità κ_t segua una *random walk* con *drift*, il cui parametro intercetta per unità di tempo viene stimato sulla base dell'evoluzione passata con il metodo di massima verosimiglianza, che produce il seguente risultato:

$$\begin{aligned}\hat{c} &= \frac{1}{t_n - t_1} \sum_{t=t_2}^{t_n} (\hat{\kappa}_t - \hat{\kappa}_{t-1}) \\ &= \frac{\hat{\kappa}_{t_n} - \hat{\kappa}_{t_1}}{t_n - t_1}\end{aligned}$$

La varianza del processo risulta essere:

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{1}{t_n - t_1} \sum_{t=t_2}^{t_n} (\hat{\kappa}_t - \hat{\kappa}_{t-1} - \hat{c})^2$$

Dunque, il modello stimato dagli autori è identificato dalla seguente equazione, per ogni t :

$$\kappa_t = \kappa_{t-1} + c + u_t$$

dove c , termine di *drift*, riproduce la variazione media annua di κ , che conduce le previsioni di variazione di lungo periodo della mortalità.

Invece, u_t rappresenta il termine di errore nel tempo, normalmente distribuito con media nulla e varianza pari a σ_u^2 ; in particolare, quest'ultimo riflette l'incertezza della proiezione annua dell'indice di mortalità κ_t .

³In generale, i modelli di serie storiche ARIMA(p,d,q) sono descritti dalla seguente equazione:

$$\nabla^d Y_t = \delta + \phi_1 \nabla^d Y_{t-1} + \dots + \phi_p \nabla^d Y_{t-p} + \epsilon_t + \theta_1 \epsilon_{t-1} + \dots + \theta_q \epsilon_{t-q}$$

dove:

- p= ordine autoregressivo;
- d=ordine di differenziazione;
- q=ordine di media mobile;
- δ = deriva del processo (*drift*);
- ϵ_t =errori del processo con distribuzione normale e i.i.d.

Alla luce di ciò, la previsione dell'indice di mortalità proiettato al tempo $t_n + h$, con $h = 1, 2, \dots$, e calcolato con i dati disponibili fino al tempo t_n è la seguente:

$$\kappa_{t_n+h} = \hat{\kappa}_t + hc + \sum_{j=1}^h u_{t_n+j}$$

che, in virtù dell'ipotesi di indipendenza e di identica distribuzione degli errori u_t diventa:

$$\kappa_{t_n+h} = \hat{\kappa}_t + hc + \sqrt{h}u_t \quad (2.9)$$

Utilizzando le condizioni 2.4 e 2.9, è possibile ricavare le previsioni dei futuri tassi di mortalità per ogni età x e per ogni epoca h , ovvero:

$$m_{x,t_n+h} = e^{\hat{\alpha}_x + \hat{\beta}_x(\hat{\kappa}_{t_n} + hc + \sqrt{h}u_{t_n}) + \epsilon_{x,t_n+h}} \quad (2.10)$$

Risulta opportuno sottolineare che nella 2.10 sono presenti tanto un errore di proiezione quanto un errore derivante dal fitting dei dati, dovuto alla natura essenzialmente estrapolativa non solo delle proiezioni ma anche del modello in esame.

Al modello Lee-Carter sono succedute numerose estensioni e generalizzazioni, che tuttavia soffrono di analoghe problematiche anche se aggiungono nuovi parametri, effetti coorte e altri effetti di periodo, oppure se assumono distribuzioni diverse da quella Normale per il termine di errore.

Nel seguito, si presentano un' estensione particolarmente significativa del modello Lee-Carter, ossia quella proposta da Brouhns et al., che sarà utilizzata anche nell'applicazione presente nel **Capitolo 4**, e si illustrano ulteriori modelli appartenenti alla famiglia GAPC.

2.1.1 Estensione di Brouhns et al.

Il modello Lee-Carter assume implicitamente che i termini di errori casuali $\epsilon_{x,t}$ siano omoschedastici, cioè che siano caratterizzati dalla stessa varianza al cambiare dell'età x e dell'anno di calendario t . Naturalmente, tale ipotesi risulta essere poco realistica per età elevate, in corrispondenza delle quali è presente una maggiore variabilità dovuta essenzialmente all'esiguo numero di decessi, che tipicamente conduce al cosiddetto problema di "chiusura della tavola".

Una soluzione a tale inconveniente consiste nella versione del modello Lee-Carter proposta da Brouhns et al. nel 2002, che prevede di implementare lo stesso avanzando l'ipotesi secondo la quale i decessi siano distribuiti come una variabile aleatoria di

tipo Poisson (in luogo del termine di errore additivo $\epsilon_{x,t}$), ossia:

$$D_{x,t} \sim \text{Poisson}(E_{x,t} \cdot m_{x,t})$$

dove $E_{x,t}$ rappresenta il numero di esposti al rischio all'età x nell'anno di calendario t , cioè:

$$E_{x,t} = \frac{l_{x,t} + l_{x+1,t}}{2}$$

ricavato quindi come semi-somma dei sopravvissuti di età x al 1° gennaio dell'anno di calendario t , ossia $l_{x,t}$.

I parametri κ_t devono essere tali da massimizzare la funzione di log-verosimiglianza, rispetto a ζ , ricavata dall'ipotesi distributiva secondo Poisson, cioè:

$$\sum_{x=x_1}^{x_n} \left(D_{x,t} \cdot \ln(E_{x,t} \cdot e^{(\hat{\alpha}_x + \hat{\beta}_x \zeta)}) \right) - (E_{x,t} \cdot e^{(\hat{\alpha}_x + \hat{\beta}_x \zeta)})$$

Alternativamente, è possibile minimizzare la devianza come segue:

$$\mathcal{D} = 2 \sum_{x=x_1}^{x_n} \left(D_{x,t} \cdot \ln \left(\frac{D_{x,t}}{\hat{D}_{x,t}} \right) \right) - (D_{x,t} - \hat{D}_{x,t})$$

dove $D_{x,t}$ sono i decessi osservati mentre $\hat{D}_{x,t}$ quelli stimati, dati da:

$$\hat{D}_{x,t} = (E_{x,t} \cdot e^{(\hat{\alpha}_x + \hat{\beta}_x \zeta)})$$

Dunque, rispetto alla versione originale del modello Lee-Carter, la proposta di Brouhns et al. risulta essere più aderente alla realtà in quanto la variazione casuale del numero di decessi segue una distribuzione di tipo Poisson; ciò rende il modello maggiormente adeguato in corrispondenza di età elevate in quanto in grado di catturare le variazioni casuali del fenomeno nonostante la scarsità di dati in concomitanza di tali età.

2.2 Il modello Cairns-Blake-Dowd (M5)

Nel modello Cairns-Blake-Dowd (M5) proposto nel 2006, le analisi empiriche sui dati di mortalità hanno suggerito agli autori che il logaritmo naturale degli *odds*, ossia $\ln \left(\frac{q_{x,t}}{p_{x,t}} \right)$, assumesse un andamento lineare rispetto all'età x per un periodo di tempo pari a t anni di calendario.

In particolare, gli autori hanno sviluppato il seguente modello a due fattori temporali:

$$\ln \left(\frac{q_{x,t}}{p_{x,t}} \right) = \kappa_t^{[1]} + \kappa_t^{[2]} x \quad (2.11)$$

dove, in luogo di x , spesso viene utilizzata la variabile centrata, ossia $(x - \bar{x})$ e dove la funzione $\ln\left(\frac{q_{x,t}}{p_{x,t}}\right)$ è nota come funzione *logit*.

In tal caso, la struttura del predittore ha due termini che catturano l'effetto periodo ($N = 2$), $\beta_x^{(1)} = 1$ e $\beta_x^{(2)} = (x - \bar{x})$, funzione non statica dell'età, e nessun effetto coorte.

Dalla 2.11 si trova che:

$$q_{x,t} = \frac{e^{\kappa_t^{[1]} + \kappa_t^{[2]}x}}{1 + \kappa_t^{[1]} + \kappa_t^{[2]}x}$$

dove $\kappa_t^{[1]}$ e $\kappa_t^{[2]}$ costituiscono due processi stocastici che rappresentano una serie temporale bivariata e governano la proiezione dei tassi di mortalità. Nello specifico, $\kappa_t^{[1]}$ misura la variazione del livello della mortalità nel tempo, mentre $\kappa_t^{[2]}$ determina la variazione della pendenza della mortalità nel tempo.

In genere, $\kappa_t^{[1]}$ decresce nel tempo come nel modello Lee-Carter, mostrando come i tassi di mortalità si riducano nel tempo per tutte le età x ; invece, $\kappa_t^{[2]}$ aumenta nel tempo se durante il periodo di osservazione dei dati gli incrementi di mortalità sono più elevati in corrispondenza di età giovanili rispetto alle età più anziane.

Il modello di Cairns et al. non pone alcun problema di identificabilità dei parametri, motivo per cui non è necessario imporre vincoli. Inoltre, rispetto al modello Lee-Carter, mostra cambiamenti dei tassi di mortalità non perfettamente correlati con le età.

Al fine di stimare i parametri del modello, è possibile seguire la procedura sperimentata da Renshaw e Haberman (2011) e assumere una distribuzione Binomiale del numero dei decessi, utilizzando una *log-link function*.

In particolare, la stima dei parametri del modello di Cairns et al. si esegue con il metodo dei minimi quadrati ordinari; si consideri il seguente modello di regressione lineare:

$$\ln\left(\frac{\hat{q}_{x,t}}{\hat{p}_{x,t}}\right) = \kappa_t^{[1]} + \kappa_t^{[2]}x + \epsilon_{x,t}$$

con termini di errore indipendenti e identicamente distribuiti come una variabile aleatoria Normale a media nulla e varianza σ_ϵ^2 . Occorre definire una funzione obiettivo da minimizzare, che fornisce la stima dei parametri temporali:

$$\Theta_t(\kappa) = \sum_{x=x_1}^{x_n} \left(\ln\left(\frac{\hat{q}_{x,t}}{\hat{p}_{x,t}}\right) - \kappa_t^{[1]} + \kappa_t^{[2]}x \right)^2$$

Per produrre le previsioni sulla mortalità, occorre innanzitutto calibrare il modello parametrico sulla matrice dei dati di mortalità organizzati per età x e per anno di

calendario t ; in seguito, bisogna utilizzare un opportuno modello di serie storiche di tipo ARIMA(1,1,0) con intercetta per proiettare detti parametri.

A tal fine, per il modello di Cairns et al. si assume la seguente dinamica per i parametri $\kappa_t^{[1]}$ e $\kappa_t^{[2]}$:

$$\begin{cases} \kappa_t^{[1]} &= \kappa_{t-1}^{[1]} + c_1 + v_t^{[1]} \\ \kappa_t^{[2]} &= \kappa_{t-1}^{[2]} + c_2 + v_t^{[2]} \end{cases}$$

con v_t^i termini di errore normalmente distribuiti e i.i.d. e c_i termini di *drift*, per $i = 1, 2$.

In seguito, occorre costruire la matrice di varianze e covarianze:

$$\Sigma = \begin{pmatrix} \sigma_1^2 & \sigma_{1,2} \\ \sigma_{1,2} & \sigma_2^2 \end{pmatrix}$$

i cui generici elementi sono costituiti da:

$$\hat{\sigma}_i^2 = \frac{1}{t_n - t_1} \sum_{t=t_2}^{t_n} \left(\hat{\kappa}_t^{[i]} - \hat{\kappa}_{t-1}^{[i]} - d_i \right)^2$$

$$\hat{\sigma}_{1,2} = \frac{1}{t_n - t_1} \sum_{h=t_1}^{t_n-1} \sum_{t=t_1}^{t_n-1} \left(\hat{\kappa}_{h+1}^{[1]} - \hat{\kappa}_h^{[1]} - \hat{d}_1 \right) \left(\hat{\kappa}_{t+1}^{[2]} - \hat{\kappa}_t^{[2]} - \hat{d}_2 \right)$$

Quindi, la stima del parametro di *drift* del processo ARIMA(1,1,0) risulta essere:

$$\hat{d}_i = \frac{\hat{\kappa}_{t_n}^{[i]} - \hat{\kappa}_{t_1}^{[i]}}{t_n - t_1}, \quad i = 1, 2$$

2.3 I modelli con effetto coorte

2.3.1 Il modello Renshaw-Haberman

In alcuni Paesi sono stati osservati tassi di mortalità che sembrano essere influenzati non solo dall'età x e dall'anno di calendario t , ma anche dall'anno di nascita $c=t-x$ della coorte, cioè della generazione oggetto di studio.

Al fine di considerare tale effetto, noto come effetto coorte, congiuntamente all'effetto periodo (*APC: Age-Period-Cohort*), Renshaw e Haberman hanno proposto una estensione del modello Lee-Carter, risalente al 2006.

Quest'ultima è caratterizzata dall'esistenza di un predittore $\eta_{x,t}$ del tasso centrale di mortalità modellato come segue:

$$\eta_{x,t} = \ln m_{x,t} = \alpha_x + \beta_x \kappa_t + \beta_x^{(0)} \gamma_{t-x}$$

dove:

- α_x : parametro che descrive l'andamento (crescente) della curva di mortalità al variare dell'età x e che rappresenta la media aritmetica rispetto al tempo del logaritmo di ogni tasso di mortalità;
- β_x : parametro (tipicamente decrescente) che esprime come la mortalità reagisce al variare di κ_t per ogni età x , cioè indica quali probabilità di morte variano più o meno rapidamente di altre in risposta alle variazioni dell'indice κ_t ;
- κ_t : parametro (tipicamente decrescente) che rappresenta un indice di variazione della mortalità, ossia esprime informazioni sulla evoluzione della stessa nel tempo e quindi sul suo livello generale;
- $\beta_x^{(0)}$: parametro che descrive, per ogni età x , come la mortalità reagisce al variare dell'effetto coorte;
- γ_{t-x} : parametro che rappresenta l'effetto coorte, dove la differenza tra l'anno di calendario t e l'età x racchiude tale effetto poiché indica l'anno di nascita.

Per tale modello, le proiezioni della mortalità nel tempo si ottengono tramite l'utilizzo di processi univariati di tipo ARIMA, sotto l'ipotesi di indipendenza tra l'effetto periodo e l'effetto coorte.

Per stimare il modello, Renshaw e Haberman ipotizzano che la componente casuale dei decessi sia distribuita come una variabile aleatoria di tipo Poisson e utilizzano una funzione *log-link* per ottenere il tasso centrale di log-mortalità $\mu_{x,t}$.

Come nel modello Lee-Carter, il predittore $\eta_{x,t}$ risulta essere invariante rispetto alle seguenti trasformazioni:

$$\left(\alpha_x, \beta_x, \kappa_t, \beta_x^{(0)}, \gamma_{t-x}\right) \rightarrow \left(\alpha_x + c_1 \beta_x + c_2 \beta_x^{(0)}, \frac{1}{c_3} \beta_x, c_3 (\kappa_t - c_1), \frac{1}{c_4} \beta_x^{(0)}, c_4 (\gamma_{t-x} - c_2)\right) \quad (2.12)$$

dove $c_1, c_2, c_3, c_4 \neq 0$ sono costanti reali.

Inoltre, l'identificabilità dei parametri del modello è garantita dall'utilizzo dei seguenti vincoli sugli stessi:

$$\sum_x \beta_x = 1, \quad \sum_t \kappa_t = 0, \quad \sum_x \beta_x^{(0)} = 1, \quad \sum_{c=t_1-x_k}^{t_n-x_1} \gamma_c = 0$$

cioè imponendo nella 2.12:

$$c_1 = \frac{1}{n} \sum_t \kappa_t, \quad c_2 = \frac{1}{n+k-1} \sum_{c=t_1-x_k}^{t_n-x_1} \gamma_c, \quad c_3 = \sum_x \beta_x, \quad c_4 = \sum_x \beta_x^{(0)}$$

2.3.2 Il modello APC

Un'altra versione comune del modello Renshaw-Haberman è il cosiddetto modello *Age-Period-Cohort* (APC), che si ottiene ponendo $\beta_x = 1$ e $\beta_x^{(0)} = 1$, ossia:

$$\eta_{x,t} = \ln m_{x,t} = \alpha_x + \kappa_t + \gamma_{t-x}$$

Tipicamente, tale proposta viene impiegata in ambito medico e demografico (cfr. Clayton e Schifflers (1987), Hobcraft et al. (1982), Osmond (1985)), ma non è mai stata ampiamente utilizzata in campo attuariale finché non fu presa in considerazione da Currie (2006), che la estese ulteriormente.

Il modello APC risulta essere invariante rispetto alle seguenti due trasformazioni:

$$\left(\alpha_x, \kappa_t, \gamma_{t-x}\right) \rightarrow \left(\alpha_x + \phi_1 - \phi_2 x, \kappa_t + \phi_2 t, \gamma_{t-x} - \phi_1 - \phi_2(t-x)\right) \quad (2.13)$$

$$\left(\alpha_x, \kappa_t, \gamma_{t-x}\right) \rightarrow \left(\alpha_x + c_1, \kappa_t - c_1, \gamma_{t-x}\right) \quad (2.14)$$

dove c_1, ϕ_1, ϕ_2 sono costanti reali.

Tuttavia, come nei casi precedenti, è possibile assicurare l'identificabilità dei parametri del modello imponendo il seguente set di vincoli:

$$\sum_t \kappa_t = 0, \quad \sum_{c=t_1-x_k}^{t_n-x_1} \gamma_c = 0, \quad \sum_{c=t_1-x_k}^{t_n-x_k} c\gamma_c = 0$$

dove gli ultimi due vincoli implicano che l'effetto coorte tende a zero con un trend lineare non identificabile.

Secondo Renshaw e Haberman (2011), i vincoli sull'effetto coorte possono essere imposti applicando alla 2.13 le costanti ϕ_1 e ϕ_2 ottenute regredendo γ_{t-x} su $(t-x)$, cioè:

$$\gamma_{t-x} = \phi_1 + \phi_2(t-x) + \epsilon_{t-x}, \quad \epsilon_{t-x} \sim N(0, \sigma^2) \text{ i.i.d.}$$

Il vincolo sull'indice di periodo, invece, può essere imposto applicando alla 2.14 quanto segue:

$$c_1 = \frac{1}{n} \sum_t \kappa_t$$

2.3.3 Il modello Currie

Partendo dall'equazione che descrive il modello Renshaw-Haberman e ponendo $\beta_x^{(0)} = 1$, si ottiene l'estensione che identifica il modello Currie (2006), individuato

dalla seguente struttura del predittore:

$$\eta_{x,t} = \ln m_{x,t} = \alpha_x + \beta_x \kappa_t + \gamma_{t-x}$$

che è stata suggerita come caso più semplice in grado di risolvere i problemi di stabilità del modello originale.

Il significato dei parametri presenti nella precedente equazione è il medesimo del modello Renshaw-Haberman, anche se i vincoli da imporre si riducono come segue:

$$\sum_{x,t} \gamma_{t-x} = 0, \quad \sum_t \kappa_t = 0$$

2.3.4 Il modello Cairns-Blake-Dowd (M6-M7-M8)

Cairns et al. (2009) hanno esteso il modello CBD originale (M5) aggiungendo l'effetto coorte e un effetto età di ordine quadratico (estensione M6 e M7), ottenendo il seguente predittore:

$$\eta_{x,t} = \ln \left(\frac{q_{x,t}}{p_{x,t}} \right) = \kappa_t^{(1)} + (x - \bar{x}) \kappa_t^{(2)} + ((x - \bar{x})^2 - \hat{\sigma}_x^2) \kappa_t^{(3)} + \gamma_{t-x} \quad (2.15)$$

dove $\hat{\sigma}_x^2$ è il valore medio di $(x - \bar{x})^2$.

Tale modello, noto come M7, non è identificabile a meno delle seguenti trasformazioni sui parametri:

$$\left(\kappa_t^{(1)}, \kappa_t^{(2)}, \kappa_t^{(3)}, \gamma_{t-x} \right) \rightarrow \left(\kappa_t^{(1)} + \phi_1 + \phi_2(t - \bar{x}) + \phi_3((t - \bar{x})^2 + \hat{\sigma}_x^2), \right. \quad (2.16)$$

$$\left. \kappa_t^{(2)} - \phi_2 - 2\phi_3(t - \bar{x}), \kappa_t^{(3)} + \phi_3, \gamma_{t-x} - \phi_1 - \phi_2(t - x) - \phi_3(t - x)^2 \right)$$

dove ϕ_1, ϕ_2 e ϕ_3 sono costanti reali.

Per rendere il modello identificabile, Cairns et al. hanno imposto i seguenti vincoli sui parametri:

$$\sum_{c=t_1-x_k}^{t_n-x_1} \gamma_c = 0, \quad \sum_{c=t_1-x_k}^{t_n-x_1} c \gamma_c = 0, \quad \sum_{c=t_1-x_k}^{t_n-x_1} c^2 \gamma_c = 0$$

che assicurano che l'effetto coorte tenda a zero e che non segua alcun trend lineare o quadratico.

Secondo Haberman e Renshaw (2011), tali vincoli possono essere impostati applicando alla 2.16 le costanti ϕ_1, ϕ_2 e ϕ_3 ottenute regredendo γ_{t-x} su $(t - x)$ e su $(t - x)^2$,

cioè:

$$\gamma_{t-x} = \phi_1 + \phi_2(t-x) + \phi_3(t-x)^2 + \epsilon_{t-x}, \quad \epsilon_{t-x} \sim N(0, \sigma^2) \text{ i.i.d.}$$

Cairns et al. (2009) hanno anche considerato due diverse strutture per il predittore della 2.15, semplificandole nei seguenti modi:

$$\eta_{x,t} = \ln\left(\frac{q_{x,t}}{p_{x,t}}\right) = \kappa_t^{(1)} + (x - \bar{x})\kappa_t^{(2)} + \gamma_{t-x}$$

$$\eta_{x,t} = \ln\left(\frac{q_{x,t}}{p_{x,t}}\right) = \kappa_t^{(1)} + (x - \bar{x})\kappa_t^{(2)} + (x_c - x)\gamma_{t-x}$$

dove x_c è un parametro costante da stimare.

Le suddette strutture del predittore $\eta_{x,t}$ sono note come modelli M6 e M8, rispettivamente.

2.3.5 Il modello Plat

Plat (2009) combina il modello Cairns et al. con alcune caratteristiche del modello Lee-Carter, al fine di produrre un modello che si adatti bene a tutte le età e che sia in grado di catturare adeguatamente l'effetto coorte.

La struttura del predittore proposta da Plat assume l'esistenza di una funzione statica dell'età α_x , di tre termini che descrivono l'effetto periodo ($N = 3$) con parametri predefiniti dipendenti dall'età ($\beta_x^{(1)} = 1, \beta_x^{(2)} = (\bar{x} - x), \beta_x^{(3)} = (\bar{x} - x)^+$), e di un termine che cattura l'effetto coorte.

Perciò, il predittore è dato da:

$$\eta_{x,t} = \ln(m_{x,t}) = \alpha_x + \kappa_t^{(1)} + (\bar{x} - x)\kappa_t^{(2)} + (\bar{x} - x)^+\kappa_t^{(3)} + \gamma_{t-x}$$

dove:

$$(\bar{x} - x)^+ = \max(0, \bar{x} - x)$$

La stima dei parametri del modello Plat viene effettuata assumendo una distribuzione di probabilità di tipo Poisson per il numero dei decessi (cfr. estensione di Brouhns et al.).

Le seguenti trasformazioni dei parametri lasciano il predittore invariato:

$$\begin{aligned} (a_x, \kappa_t^{(1)}, \kappa_t^{(2)}, \kappa_t^{(3)}, \gamma_{t-x}) &\rightarrow (\alpha_x + \phi_1 - \phi_2 x + \phi_3 x^2, \kappa_t^{(1)} + \phi_2 t + \phi_3 (t^2 - 2\bar{x}t), \\ &\kappa_t^{(2)} + 2\phi_3 t, \kappa_t^{(3)}, \gamma_{t-x} - \phi_1 - \phi_2(t-x) - \phi_3(t-x)^2) \end{aligned} \quad (2.17)$$

$$\begin{aligned} (a_x, \kappa_t^{(1)}, \kappa_t^{(2)}, \kappa_t^{(3)}, \gamma_{t-x}) &\rightarrow (\alpha_x + c_1 + c_2(\bar{x} - x) + c_3(\bar{x} - x)^+, \kappa_t^{(1)} - c_1, \\ &\kappa_t^{(2)} - c_2, \kappa_t^{(3)} - c_3, \gamma_{t-x}) \end{aligned} \quad (2.18)$$

dove $c_1, c_2, c_3, \phi_1, \phi_2, \phi_3$ sono costanti reali.

Il seguente set di vincoli sui parametri deve essere impostato affinché sia garantita la loro identificabilità:

$$\begin{aligned} \sum_t \kappa_t^{(1)} = 0, \quad \sum_t \kappa_t^{(2)} = 0, \quad \sum_t \kappa_t^{(3)} = 0 \\ \sum_{c=t_1-xk}^{t_n-x_1} \gamma_c = 0, \quad \sum_{c=t_1-xk}^{t_n-x_1} c\gamma_c = 0, \quad \sum_{c=t_1-xk}^{t_n-x_1} c^2\gamma_c = 0 \end{aligned}$$

I primi tre vincoli assicurano che gli indici di periodo siano centrati attorno allo zero, mentre gli ultimi tre garantiscono che l'effetto coorte tenda a zero e che non segua alcun trend lineare o quadratico.

Secondo Haberman e Renshaw (2011), i vincoli sull'effetto coorte possono essere imposti applicando alla 2.17 le costanti ϕ_1, ϕ_2, ϕ_3 ottenute regredendo γ_{t-x} su $(t-x)$ e su $(t-x)^2$, cioè:

$$\gamma_{t-x} = \phi_1 + \phi_2(t-x) + \phi_3(t-x)^2 + \epsilon_{t-x}, \quad \epsilon_{t-x} \sim N(0, \sigma^2) \text{ i.i.d.}$$

I vincoli sugli indici di periodo possono impostarsi applicando la seguente trasformazione alla 2.18:

$$c_i = \frac{1}{n} \sum_t \kappa_t^{(i)}, \quad i = 1, 2, 3.$$

Nel caso in cui soltanto le età più elevate siano di interesse, Plat (2009) suggerisce

di eliminare il terzo termine di periodo dal predittore, ottenendo quindi:

$$\eta_{x,t} = \ln(m_{x,t}) = \alpha_x + \kappa_t^{(1)} + (\bar{x} - x)\kappa_t^{(2)} + \gamma_{t-x}$$

Il modello Plat costruito in tal modo ha gli stessi problemi di identificabilità del modello completo, con l'omissione delle trasformazioni e dei vincoli che coinvolgono il parametro $\kappa_t^{(3)}$ e c_3 .

2.4 Criteri di selezione del modello

2.4.1 Criteri qualitativi

Secondo Cairns et al. (2008), è possibile identificare una serie di criteri qualitativi al fine di selezionare il miglior modello di proiezione della mortalità, in termini di:

- Produzione di tassi di mortalità positivi;
- Coerenza del modello con i dati storici;
- Dinamiche future a lungo termine del modello biologicamente ragionevoli;
- Stime dei parametri robuste rispetto al periodo di riferimento dei dati e rispetto agli intervalli di età impiegati;
- Previsioni del modello robuste rispetto al periodo di riferimento dei dati e rispetto agli intervalli di età impiegati;
- Livelli di previsione dell'incertezza e traiettorie centrali plausibili e coerenti con le tendenze storiche e con la variabilità dei dati di mortalità;
- Ragionevole parsimonia del modello;
- Semplicità di esecuzione del modello mediante metodi analitici o rapidi algoritmi numerici;
- Integrazione da parte del modello dell'incertezza dei parametri nelle simulazioni;
- Utilizzo del modello per generare percorsi campione e per calcolare intervalli di previsione;
- Assorbimento da parte del modello di un effetto stocastico di coorte (almeno per alcuni paesi).

2.4.2 Criteri quantitativi

Secondo Cairns et al. (2008), è possibile identificare anche una serie di criteri quantitativi al fine di selezionare il miglior modello di proiezione della mortalità, tra cui:

1. Diagnostica del modello in base ai residui, solitamente standardizzati;
2. Dinamica del modello in base ai parametri temporali;
3. Indicatori di bontà del fitting del modello.

Riguardo al primo criterio, è possibile definire diverse tipologie di residui rispetto alle seguenti quantità:

- Logaritmi dei tassi:

$$r_{x,t} = \log(m_{x,t}) - \log(\hat{m}_{x,t})$$

- Tassi:

$$r_{x,t} = m_{x,t} - \hat{m}_{x,t}$$

- Decessi:

$$r_{x,t} = D_{x,t} - \hat{D}_{x,t}$$

- Decessi standardizzati:

$$Z_{x,t} = \frac{D_{x,t} - E_{x,t} \cdot \hat{m}_{x,t}}{\sqrt{E_{x,t} \cdot \hat{m}_{x,t}}}$$

Pertanto, nel modello Lee-Carter i residui hanno la seguente forma:

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

Invece, nel caso del modello Cairns et al., i residui sono pari a:

$$r_{x,t} = \ln \left(\frac{\hat{q}_{x,t}}{\hat{p}_{x,t}} \right) - (\hat{\kappa}_t^{[1]} + \hat{\kappa}_t^{[2]} x)$$

In generale, se i residui presentano forma regolare, il modello non è in grado di descrivere appropriatamente il fenomeno analizzato; infatti, l'eventuale presenza di un trend contravviene all'ipotesi di indipendenza e di omoschedasticità.

In merito al secondo criterio, risulta opportuno operare una scelta del modello di serie storiche ARIMA(p,d,q) con una adeguata analisi dell'ACF plot e del PACF

plot, in cui vengono riportate, rispettivamente, le funzioni di autocorrelazione e le funzioni di autocorrelazione parziali.

Infine, tra gli indicatori di bontà del modello, è possibile annoverare innanzitutto il *Bayes Information Criterion* (BIC), secondo il quale il criterio obiettivo di selezione del modello si basa sulla qualità statistica del fitting con i dati, identificata dalla seguente espressione:

$$BIC = l(\hat{\rho}) - 0.5K \cdot \ln(N)$$

dove:

- ρ = insieme dei parametri da stimare con la funzione di verosimiglianza;
- $\hat{\rho}$ = stima di massima verosimiglianza del vettore dei parametri ottenuta dal modello;
- $l(\hat{\rho})$ = logaritmo della funzione di verosimiglianza nel punto corrispondente alla stima dei parametri ottenuta;
- N = vettore del numero di osservazioni;
- K = numero effettivo di parametri stimati.

Perciò, nel caso dell'estensione del modello Lee-Carter proposta da Brouhns et al., la funzione di log-verosimiglianza con ipotesi distributiva dei decessi secondo Poisson risulta essere:

$$l(\rho, D, E_{x,t}) = \sum_{x,t} \left(D_{x,t} \ln[E_{x,t} \cdot m_{x,t}(\rho)] - E_{x,t} \cdot m_{x,t}(\rho) - \ln(D_{x,t}!) \right)$$

In aggiunta al BIC, è possibile utilizzare anche l'*Akaike Information Criterion* (AIC) come criterio di scelta del modello, definito come segue:

$$AIC = l(\hat{\rho}) - K$$

le cui quantità hanno significato analogo a quelle presenti nell'espressione del BIC. In particolare, il modello è tanto migliore quanto il BIC (o l'AIC) è basso.

Si noti che nel BIC la penalizzazione per parametri aggiuntivi è più forte di quella nell'AIC.

Capitolo 3

Il metodo di riconciliazione dal basso verso l'alto

L'aspettativa di vita è nettamente aumentata in tutto il mondo a partire dalla seconda metà del XX secolo; da ciò è scaturito un notevole interesse e un considerevole sviluppo nei riguardi dei modelli di previsione della mortalità, essendo aumentata l'attenzione verso numerosi campi di applicazione, come il sistema pensionistico pubblico, il settore assicurativo, l'ambito attuariale, demografico ed epidemiologico. Infatti, si è avvertita la necessità di comprendere al meglio i pattern sottesi all'aumento della speranza di vita e alla riduzione della mortalità, e di analizzarli accuratamente al fine di proiettare i tassi di mortalità nel futuro ed effettuare previsioni.

In un simile contesto, lo studio comparato dell'esperienza di mortalità aggregata e di quella derivante dall'analisi dei tassi di mortalità distinti per causa di morte non solo fornisce informazioni più dettagliate, ma aiuta a comprendere al meglio il miglioramento continuo del fenomeno. Tuttavia, quando si implementano modelli di mortalità per cause di decesso, è importante assicurare la coerenza delle previsioni: le previsioni dei tassi di mortalità distinti per causa di morte dovrebbero essere in linea con le previsioni dei tassi di mortalità aggregati; infatti, incorporando sia i tassi di mortalità per causa (disaggregati) sia quelli aggregati, è possibile ottenere migliori risultati in termini di previsioni per entrambi, nonché la coerenza delle previsioni ottenute.

Al fine di raggiungere tale obiettivo, si impiega un approccio emergente noto come *bottom-up reconciliation*, ossia un metodo di riconciliazione previsionale che procede dal basso verso l'alto, e che diventa uno strumento atto a ridurre la discrepanza che deriva da previsioni contrastanti.

Lo studio del fenomeno della mortalità in termini di tassi di mortalità distinti per cause di morte è incentrato sull'identificazione degli elementi chiave che determinano miglioramenti della mortalità futura e che conducono le previsioni demografiche, basate sulle analisi di scenario.

Conclusa la procedura di riconciliazione dal basso verso l'alto e determinate le proiezioni dei tassi di mortalità riconciliati, si prosegue con la costruzione di tre tavole di mortalità (a partire da tassi di mortalità osservati, da tassi di mortalità proiettati con modello APC e riconciliati, e da tassi di mortalità proiettati con modello Lee-Carter e riconciliati), e con il calcolo di tre indicatori di longevità e di variabilità particolarmente significativi per ogni tavola, ossia l'aspettativa di vita alla nascita, gli anni di vita persi a causa della morte e l'entropia di Leser-Keyfitz, in modo da inquadrare ulteriormente l'esperienza di mortalità italiana e il *longevity risk*.

3.1 Un approccio gerarchico di riconciliazione

La riconciliazione delle previsioni si riferisce al processo di adeguamento delle previsioni gerarchiche di serie temporali in modo tale da soddisfare determinati vincoli di aggregazioni sottostanti.

Negli ultimi anni, la letteratura afferente a tale ambito è in rapida crescita (cfr. Athanasopoulous et al. (2009), Hyndman et al. (2011), Wickramasuriya (2019)).

I principali vantaggi derivanti dall'utilizzo dei metodi di riconciliazione delle previsioni sono tre:

1. Il processo di riconciliazione assicura la coerenza delle previsioni ottenute, che aiuta gli individui a compiere decisioni allineate e omogenee. In realtà, è quasi impossibile che le previsioni proiettate indipendentemente a diversi livelli si sommino in modo coerente con la struttura gerarchica sottostante, perciò la riconciliazione diventa uno strumento utile a ridurre la discrepanza derivante da previsioni contrastanti;
2. La riconciliazione delle previsioni può eludere la necessità di modelli congiunti eccessivamente parametrizzati e probabilmente non correttamente specificati. Questa è una proprietà desiderabile del metodo, poiché lo rende meno soggetto a problemi associati all'elevata dimensionalità;
3. Incorporando le informazioni a tutti i livelli nel processo di previsione, alcuni metodi di riconciliazione possono migliorare l'accuratezza complessiva delle

previsioni delle serie temporali gerarchiche (cfr. Capistràn et al. (2010), Borges et al. (2013), Syntetos et al. (2016)).

É fondamentale prevedere sia i tassi di mortalità aggregati sia i tassi di mortalità per causa specifica, ma il migliore approccio di previsione da impiegare può differire per ogni serie temporale specifica, in modo che sia garantita la coerenza delle previsioni ma anche, e soprattutto, la loro accuratezza.

La tecnica di riconciliazione dal basso verso l'alto si può affiancare al metodo *MinT* (*Minimum Trace*), proposto da Wickramasuriya, Athanasopoulos e Hyndman (2019). Dunque, la *bottom-up reconciliation* riconcilia il numero dei decessi e gli esposti al rischio in un ambiente gerarchico. Nel caso in esame, sono prese in considerazione otto cause di morte mutualmente esclusive, in modo che il numero totale dei decessi sia uguale alla somma del numero dei decessi per ogni causa di morte; inoltre, ogni tasso di mortalità distinto per causa di morte ha la stessa esposizione al rischio, cioè lo stesso denominatore.

Perciò, per una data età x , il tasso di mortalità totale deve essere pari alla somma dei tassi di mortalità distinti per causa di decesso; dunque, in questo contesto si può parlare di serie temporali gerarchiche. Quando si tenta di prevedere tali strutture, è opportuno (se non necessario) ottenere previsioni coerenti, cioè le previsioni aggregate dovrebbero essere uguali alla somma delle corrispondenti previsioni disaggregate; in tal modo, le previsioni dovrebbero riprodurre le proprietà dei dati reali e generare un output adeguato.

Graficamente, si ha:

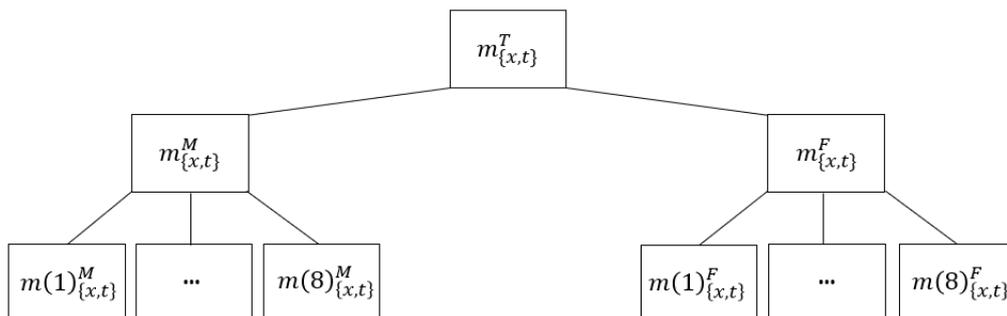


Figura 3.1. Albero gerarchico su tre livelli per i tassi di mortalità.

In generale, considerando una simile gerarchia dall'alto verso il basso, il livello 0 indica la serie temporale completamente aggregata, il livello 1 contiene il primo livello

di disaggregazione, fino al livello K , che contiene le serie temporali maggiormente disaggregate. In tal caso, $K = 3$ e la gerarchia è articolata su tre livelli.

Infatti, come si nota dalla figura 3.1, i tassi di mortalità formano naturalmente una struttura gerarchica articolata in tre gradi distinti. Al livello più alto (livello 0), sussistono i tassi di mortalità totali, $m_{x,t}^T$, che possono essere distinti nei tassi di mortalità maschili, $m_{x,t}^M$, e femminili, $m_{x,t}^F$, che identificano congiuntamente il livello 1. Infine, al livello 2, è possibile individuare i tassi di mortalità distinti per otto cause di morte mutualmente esclusive per entrambi i generi, ossia $m(i)_{x,t}^M$ e $m(i)_{x,t}^F$, per $i = 1, \dots, 8$.

Si assuma che le osservazioni siano registrate al tempo $t = t_1, \dots, t_n$ e che si sia interessati a prevedere ogni serie temporale su ogni livello al tempo $t = t_{n+1}, \dots, t_{n+h}$. Sia n_l il numero totale di serie temporali al livello l , per $l = 0, 1, \dots, K$; quindi, $n_l > n_{l-1}$ e il numero complessivo di serie temporali nella gerarchia è pari a $n = n_0 + n_1 + \dots + n_K$. Nel caso in esame, $n_0 = 1$, $n_1 = 2$, $n_2 = 16$ e $n = 19$.

A questo punto, sono possibili due tipi di approcci:

1. Approccio *top-down*: partendo dall'alto, si prevede la mortalità totale e si distribuisce verso il basso tra le varie cause di decesso, avvalendosi a tal fine di proporzioni storiche (o previsioni);
2. Approccio *bottom-up*: partendo dal basso, si prevede la mortalità specifica per causa e si aggrega verso l'alto.

Il limite comune dei due tipi di metodi risiede nel fatto che nessuno dei due utilizza tutte le informazioni disponibili nel processo di riconciliazione. Infatti, nel caso dell'approccio *bottom-up*, nel processo di previsione vengono considerate solo le serie temporali di livello inferiore, da cui deriva l'ulteriore svantaggio che i dati di livello più basso sono i più disaggregati e quindi sono le serie temporali più *noisy* della gerarchia; in tal caso, eventuali errori di previsione dal livello inferiore saranno trainati e amplificati ai livelli superiori. Inoltre, sommando semplicemente le previsioni di livello inferiore, l'approccio *bottom-up* non tiene necessariamente conto della struttura di dipendenza tra le serie disaggregate.

In aggiunta a ciò, considerando tale approccio, occorre sottolineare che a parte in casi eccezionali non è garantito che la somma delle previsioni della mortalità distinta per cause sia uguale alle previsioni sulla mortalità complessiva; naturalmente, un inconveniente del genere può condurre a compiere decisioni che non siano in linea con

le aspettative. Perciò, occorre essere consapevoli che l'obiettivo delle previsioni deve rispettare determinati vincoli, in modo da non scartare informazioni fondamentali.

Al fine di ovviare a tali problemi, è stato introdotto un metodo di combinazione ottimale (noto come metodo OLS) per riconciliare le serie temporali gerarchiche (cfr. Hyndman et al. (2011)); tale metodo combina le previsioni a tutti i livelli per ottenere una maggiore precisione complessiva delle previsioni, mostrando ottime prestazioni rispetto ai metodi di riconciliazione tradizionali e rispetto alle previsioni non riconciliate.

Wickramasuriya et al. (2019) hanno migliorato il metodo di riconciliazione OLS proponendo un approccio di riconciliazione con minimizzazione della traccia della matrice dei residui (metodo *MinT*). Infatti, la matrice di varianze e covarianze utilizzata nell'approccio OLS è generalmente sconosciuta o non identificabile e l'approccio *MinT* fornisce una soluzione pratica a questo problema.

In questo studio, viene applicato il metodo di riconciliazione dal basso verso l'alto per riconciliare le previsioni di mortalità a livello complessivo, partendo da quelle distinte per otto cause di morte diverse.

3.1.1 Notazione

Come mostrato nella figura 3.1, è possibile inserire i tassi di mortalità in un contesto gerarchico; tuttavia, occorre notare che, a differenza delle tradizionali applicazioni di riconciliazione delle previsioni, le regole di aggregazione e riconciliazione dei tassi di mortalità non sono così semplici in un contesto di serie temporali gerarchiche.

In virtù della struttura gerarchica descritta nella figura 3.1, per ogni età x , per ogni anno di calendario t e considerando i cause di morte distinte, per $i = 1, \dots, 8$, si hanno i seguenti vincoli di aggregazione:

$$m_{x,t}^M \cdot \frac{E_{x,t}^M}{E_{x,t}} + m_{x,t}^F \cdot \frac{E_{x,t}^F}{E_{x,t}} = m_{x,t}^T \quad (3.1)$$

$$\sum_{i=1}^8 \frac{E^{(i)M}_{x,t}}{E_{x,t}^M} \cdot m^{(i)M}_{x,t} = m_{x,t}^M \quad (3.2)$$

$$\sum_{i=1}^8 \frac{E^{(i)F}_{x,t}}{E_{x,t}^F} \cdot m^{(i)F}_{x,t} = m_{x,t}^F \quad (3.3)$$

dove, nel caso in esame, $\frac{E^{(i)M}_{x,t}}{E_{x,t}^M} = \frac{E^{(i)F}_{x,t}}{E_{x,t}^F} = 1$, poiché gli esposti al rischio maschi e le esposte al rischio femmine per la generica causa i , per $i = 1, \dots, 8$, sono uguali agli

esposti al rischio totali maschili e alle esposte al rischio totali femminili, rispettivamente.

In seguito, occorre esprimere i suddetti vincoli di aggregazione in forma matriciale; formalmente, bisogna definire:

$$\mathbf{y}_{x,t} = \left(m_{x,t}^T, m_{x,t}^M, m_{x,t}^F, m(1)_{x,t}^M, \dots, m(8)_{x,t}^M, m(1)_{x,t}^F, \dots, m(8)_{x,t}^F \right)'$$

che è il vettore composto di $n = n_2 + n_1 + n_0 = (8 \cdot 2) + 2 + 1 = 19$ elementi, che contiene i tassi di mortalità osservati all'età x nell'anno di calendario t per tutti i livelli della gerarchia, e:

$$\mathbf{b}_{x,t} = \left(m(1)_{x,t}^M, \dots, m(8)_{x,t}^M, m(1)_{x,t}^F, \dots, m(8)_{x,t}^F \right)'$$

che è il vettore composto di $n_2 \cdot 2 = 8 \cdot 2 = 16$ elementi, che contiene i tassi di mortalità osservati all'età x nell'anno di calendario t del solo livello più basso della gerarchia, e quindi distinti per causa di morte (e per genere).

I suddetti vincoli sui due vettori possono essere collegati dalla seguente equazione:

$$\mathbf{y}_{x,t} = \mathbf{S}_{x,t} \mathbf{b}_{x,t} \quad (3.4)$$

dove $\mathbf{S}_{x,t}$ è la cosiddetta *summing-matrix*, ossia una matrice di righe pari a $n_2 + n_1 + n_0 = (8 \cdot 2) + 2 + 1 = 19$ e colonne pari a $n_2 \cdot 2 = 8 \cdot 2 = 16$, che aggrega i tassi di mortalità distinti per causa di morte e genere, ai tassi di mortalità di livello superiore, costruendo dunque il livello più alto della gerarchia a partire dal livello maggiormente disaggregato.

Dunque, in generale la *summing-matrix* è una matrice di dimensioni $n \times n_K$ e il suo rango è pari a n_K . È chiaro che detta matrice può essere partizionata sulla base dei livelli della gerarchia: la prima riga è un vettore di lunghezza n_K , la sezione inferiore è costituita una matrice identità di dimensioni $n_K \times n_K$ e la parte centrale è composta da matrici diagonali rettangolari.

Nel caso in esame, la matrice $\mathbf{S}_{x,t}$ è data da:

$$\mathbf{S} = \begin{pmatrix} \frac{E_{x,t}^M}{E_{x,t}} & \frac{E_{x,t}^M}{E_{x,t}} & \cdots & \frac{E_{x,t}^M}{E_{x,t}} & \frac{E_{x,t}^F}{E_{x,t}} & \frac{E_{x,t}^F}{E_{x,t}} & \cdots & \frac{E_{x,t}^F}{E_{x,t}} \\ 1 & 1 & \cdots & 1 & 0 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & 0 & \cdots & 0 & 1 & 1 & \cdots & 1 \end{pmatrix}$$

\mathbf{I}_{16}

dove \mathbf{I}_{16} indica una matrice identità di dimensioni 16×16 .

Perciò, i vincoli di aggregazione 3.1, 3.2, 3.3, sono espressi dalle prime tre righe della matrice $\mathbf{S}_{x,t}$.

Sebbene l'equazione 3.4 valga per tutti i valori osservati, è improbabile che valga per previsioni ottenute indipendentemente nella gerarchia.

Sia $\hat{\mathbf{y}}_{x,t_n+h}$ il vettore di previsioni all'epoca h non riconciliate su tutti i livelli della gerarchia e sia $\tilde{\mathbf{y}}_{x,t_n+h}$ il vettore che contiene le corrispondenti previsioni all'epoca h che soddisfa tutti i vincoli di aggregazione.

Allora, qualsiasi metodo di riconciliazione lineare, secondo Wickramasuriya et al. (2019), può essere espresso come segue:

$$\tilde{\mathbf{y}}_{x,t_n+h} = \mathbf{S}_{x,t_n+h} \mathbf{P} \hat{\mathbf{y}}_{x,t_n+h} \quad (3.5)$$

dove \mathbf{P} , la cosiddetta *reconciliation-matrix*, è una matrice di dimensioni 16×19 opportunamente individuata; la scelta di \mathbf{P} non è unica e rappresenta un passaggio chiave delle previsioni riconciliate. Infatti, l'idea alla base del metodo di riconciliazione delle previsioni è di assegnare un dato insieme di previsioni a un dato insieme di previsioni riconciliate: il ruolo della matrice \mathbf{P} è quindi quello di mappare le previsioni base al livello più basso della gerarchia di previsioni disaggregate, che sono poi sommate dalla matrice \mathbf{S} . Ciò significa che il metodo coinvolge combinazioni lineari delle previsioni di base; tali combinazioni lineari sono poi riconciliate nel senso che il livello più basso delle previsioni viene sommato al fine di restituire il livello più alto delle previsioni.

Dunque, il ruolo della matrice \mathbf{P} è di estrarre e combinare gli elementi rilevanti del vettore delle previsioni di base, $\hat{\mathbf{y}}_{x,t_n+h}$, che sono sommate dalla matrice \mathbf{S} per ottenere le previsioni gerarchiche finali, cioè il vettore $\tilde{\mathbf{y}}_{x,t_n+h}$.

3.1.2 Il metodo *MinT*

Come precedentemente menzionato, il metodo di riconciliazione dal basso verso l'alto aggrega le previsioni di livello più basso (in tal caso, il livello 2) al fine di produrre previsioni di livello alto (in tal caso, il livello 0) nella gerarchia, e garantisce la coeren-

za delle previsioni a ogni livello (Dangerfield e Morris (1992), Zellner e Tobias (2000)).

Nel caso dell'approccio di riconciliazione di tipo *bottom-up*, la matrice \mathbf{P} è scelta come segue:

$$\mathbf{P} = \left[\mathbf{0}_{n_K \times (n-n_K)} \mid \mathbf{I}_{n_K} \right] \quad (3.6)$$

dove, nel caso in esame, $\mathbf{0}_{16 \times 3}$ è una matrice di zeri di dimensioni 16×3 , mentre \mathbf{I}_{16} è una matrice identità di dimensioni 16×16 . In tal caso, la matrice \mathbf{P} estrae solo il livello più basso delle previsioni dal vettore $\hat{\mathbf{y}}_{t_n+h}$.

Nel caso dell'approccio di riconciliazione di tipo *top-down*, la matrice \mathbf{P} è scelta come segue:

$$\mathbf{P} = \left[\mathbf{p} \mid \mathbf{0}_{n_K \times (n-1)} \right] \quad (3.7)$$

dove, nel caso in esame, $\mathbf{0}_{16 \times 18}$ è una matrice di zeri di dimensioni 16×18 , mentre $\mathbf{p} = [p_1, p_2, \dots, p_{16}]'$ è un vettore di lunghezza n_K di proporzioni che somma a uno. In tal caso, il ruolo della matrice \mathbf{P} è di distribuire le previsioni dal livello aggregato al livello più basso della serie temporale, per esempio utilizzando proporzioni storiche. Naturalmente, diversi metodi di previsione nell'approccio *top-down* conducono a vettori \mathbf{p} proporzionalmente differenti.

Nel caso dell'approccio *bottom-up*, è semplice verificare che:

$$\tilde{\mathbf{y}}_{x,t_n+h} = \mathbf{S}_{x,t_n+h} \hat{\mathbf{b}}_{x,t_n+h}$$

dove $\hat{\mathbf{b}}_{x,t_n+h}$ è un vettore che contiene le previsioni (non riconciliate) all'epoca h del livello più basso della gerarchia.

Perciò, le previsioni riconciliate dei tassi di mortalità per età e per genere sono date da:

$$\tilde{m}_{x,t_n+h}^M = \sum_{i=1}^8 \frac{E(i)_{x,t_n+h}^M}{E_{x,t_n+h}^M} \cdot \hat{m}(i)_{x,t_n+h}^M$$

$$\tilde{m}_{x,t_n+h}^F = \sum_{i=1}^8 \frac{E(i)_{x,t_n+h}^F}{E_{x,t_n+h}^F} \cdot \hat{m}(i)_{x,t_n+h}^F$$

dove, nel caso in esame, $\frac{E(i)_{x,t_n+h}^M}{E_{x,t_n+h}^M} = \frac{E(i)_{x,t_n+h}^F}{E_{x,t_n+h}^F} = 1$.

Analogamente, le previsioni riconciliate dei tassi di mortalità per età al livello più

alto sono ottenute come segue:

$$\tilde{m}_{x,t_n+h}^T = \tilde{m}_{x,t_n+h}^M \cdot \frac{E_{x,t_n+h}^M}{E_{x,t_n+h}} + \tilde{m}_{x,t_n+h}^F \cdot \frac{E_{x,t_n+h}^F}{E_{x,t_n+h}}$$

Hyndman et al. (2011) hanno sviluppato un metodo per stimare la matrice \mathbf{P} utilizzando tutte le informazioni disponibili, in modo che le previsioni riconciliate fossero non distorte, sapendo che quelle non riconciliate fossero anch'esse non distorte. Wickramasuriya et al. (2019) hanno esteso il metodo OLS proponendo uno stimatore alternativo per la matrice \mathbf{P} , selezionandola in modo che fosse la matrice che minimizzasse la traccia della matrice di covarianza degli errori di previsioni riconciliate. Perciò, tale metodo è stato denominato "metodo di minimizzazione (della traccia)".

Basandosi sull'approccio *MinT*, la matrice di riconciliazione \mathbf{P} è data da:

$$\mathbf{P} = (\mathbf{S}'_{x,t_n+h} \mathbf{W}_h^{-1} \mathbf{S}_{x,t_n+h})^{-1} \mathbf{S}'_{x,t_n+h} \mathbf{W}_h^{-1}$$

dove \mathbf{W}_h rappresenta la matrice di covarianza degli errori di previsione non riconciliati all'epoca h , cioè $\text{VAR}[\mathbf{y}_{x,t_n+h} - \hat{\mathbf{y}}_{x,t_n+h} | \mathbf{y}_{x,1}, \mathbf{y}_{x,2}, \dots, \mathbf{y}_{x,t}]$.

Wickramasuriya et al. (2019) hanno anche dimostrato che le previsioni riconciliate sono tanto precise quanto lo sono quelle non riconciliate. Inoltre, il processo di riconciliazione tiene conto della struttura di dipendenza tra i diversi livelli della gerarchia; si tratta di un aspetto particolarmente rilevante quando la dipendenza è ignorata nel processo di ottenimento delle previsioni non riconciliate per ogni serie temporale individuale.

Nel nostro caso di studio, il livello più basso della gerarchia contiene 16 serie temporali dei tassi di mortalità, che rendono oneroso applicare un approccio di modellizzazione congiunta per produrre le corrispondenti previsioni.

3.1.3 Coerenza delle previsioni

Al fine di discutere la coerenza delle previsioni, è opportuno introdurre innanzitutto la definizione di un sottospazio coerente.

Un sottospazio coerente è un sottospazio lineare q -dimensionale di \mathbb{R}^n generato dalle colonne della *summing-matrix* \mathbf{S} , per il quale valgono alcuni vincoli lineari per ogni $y \in \mathfrak{s}$ cioè:

$$\mathfrak{s} = \text{span}(\mathbf{S})^4$$

⁴Siano V uno spazio vettoriale definito su un campo K e $v_1, v_2, \dots, v_n \subseteq V$ un insieme di vettori di V . Si dice Span o sottospazio generato dai vettori v_1, v_2, \dots, v_n l'insieme di tutte le loro possibili combinazioni lineari.

Una serie temporale gerarchica è una serie temporale multivariata n-dimensionale tale che tutti i suoi valori osservati, y_1, \dots, y_{t_n} e tutti i suoi valori futuri, $y_{t_n+1}, y_{t_n+2}, \dots$ giacciono nel sottospazio coerente, i.e.:

$$y_t \in \mathfrak{s}, \quad \forall t$$

Allora, una previsione puntuale coerente è una qualsiasi previsione che giace nel sottospazio lineare \mathfrak{s} ; inoltre, al variare della matrice \mathbf{S} , \mathfrak{s} rimane lo stesso.

Sia $\hat{y} \in \mathbb{R}^n$ una previsione non coerente e sia $\varphi(\cdot)$ una funzione tale che $\varphi: \mathbb{R}^n \rightarrow \mathfrak{s}$.

Allora, una previsione puntuale

$$\tilde{y}_{t_n+h} = \varphi(\hat{y}_{t_n+h})$$

"riconcilia" la previsione di base \hat{y}_{t_n+h} rispetto a $\varphi(\cdot)$. La suddetta definizione è piuttosto generica, ma il caso particolare in cui $\varphi(\cdot)$ è una proiezione ortogonale gode di proprietà interessanti.

Per esempio, se le previsioni di livello base sono non distorte, allora la riconciliazione, con l'utilizzo della proiezione, preserva la non distorsione.

Inoltre, la riconciliazione tramite proiezione ortogonale garantisce che le previsioni riconciliate siano sempre più vicine a quelle target rispetto alle previsioni di base.

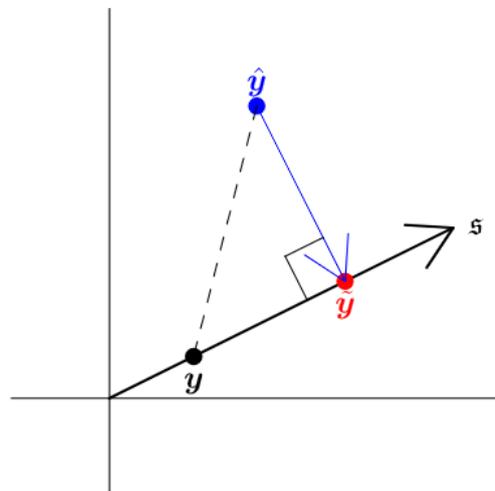


Figura 3.2. Proiezione ortogonale di \hat{y} su \mathfrak{s} , che restituisce la previsione riconciliata \tilde{y} .
(Fonte: Panagiotelis A., Athanasopoulos G., Gamakumara P., Hyndman R. J. (2021)).

Dunque, attraverso la riconciliazione tramite proiezioni ortogonali si raggiungono due obiettivi fondamentali:

1. La riconciliazione aggiusta la previsione di base il meno possibile, cioè la previsione di base e la previsione riconciliata dovrebbero essere "vicine" (in

termini di distanza euclidea);

2. La riconciliazione dovrebbe migliorare l'accuratezza delle previsioni e, in generale le previsioni riconciliate dovrebbero essere "vicine" ai valori target.

Formalmente, sia:

$$\hat{\mathbf{e}}_{t_n+h} = \mathbf{y}_{t_n+h} - \hat{\mathbf{y}}_{t_n+h}$$

l'errore di previsione al livello base all'epoca h tale che $\mathbb{E}[\hat{\mathbf{e}}_{t_n+h} | \mathbf{I}_{t_n}] = 0$, dove $\mathbf{I}_{t_n} = y_1, y_2, \dots, y_{t_n}$ indica l'insieme informativo al tempo t_n . Ciò implica che le previsioni base siano non distorte (corrette), cioè:

$$\mathbb{E}[\hat{\mathbf{y}}_{t_n+h} | \mathbf{I}_{t_n}] = \mathbb{E}[y_{t_n+h} | \mathbf{I}_{t_n}]$$

Perciò, se si assume che le previsioni di base siano non distorte e se occorre verificare che le previsioni gerarchiche riconciliate siano anch'esse non distorte, allora bisogna imporre che:

$$\mathbb{E}[\tilde{\mathbf{y}}_{t_n+h}] = \mathbb{E}[\mathbf{y}_{t_n+h}] = \mathbf{S} \mathbb{E}[y_{t_n+h,2}]$$

dove il pedice 2 indica il livello più basso della serie temporale gerarchica (in tal caso il secondo, poiché si parte da 0).

Sia:

$$\boldsymbol{\beta}_{t_n+h} = \mathbb{E}[\mathbf{y}_{t_n+h,2} | y_1, \dots, y_{t_n}]$$

il valore atteso delle previsioni future al livello più basso della serie temporale. Allora:

$$\mathbb{E}[\tilde{\mathbf{y}}_{t_n+h}] = \mathbf{SP} \mathbb{E}[\hat{\mathbf{y}}_{t_n+h}] = \mathbf{SPS} \boldsymbol{\beta}_{t_n+h}$$

Pertanto, la correttezza delle previsioni riconciliate è verificata ponendo:

$$\mathbf{SPS} = \mathbf{S}$$

La suddetta condizione è vera per il metodo di riconciliazione *bottom-up* se la matrice \mathbf{P} è scelta tramite la 3.6.

Tuttavia, utilizzando il metodo di riconciliazione *top-down* e scegliendo la matrice \mathbf{P} sulla base della 3.7, si trova che $\mathbf{SPS} \neq \mathbf{S}$ per ogni scelta di \mathbf{p} . Dunque, l'approccio *top-down* non produce *mai* previsioni non distorte, anche se le previsioni di base sono corrette.

3.2 Indicatori di longevità e di variabilità

Ricavate le previsioni dei tassi di mortalità con modello APC e con modello Lee-Carter, è possibile costruire tre tavole di mortalità a partire dalle stesse e dai tassi

di mortalità osservati, calcolando innanzitutto le corrispondenti probabilità di morte secondo la seguente relazione:

$$q_{x,t} \approx \frac{2m_{x,t}}{2 + m_{x,t}} \quad (3.8)$$

Oppure, equivalentemente:

$$q_{x,t} \approx 1 - e^{-m_{x,t}}$$

ottenendo dunque le relative probabilità di morte mono-annuali per un individuo di età x nell'anno di calendario t . Ricavate queste ultime, è ragionevole procedere alla costruzione di tre tavole di mortalità e al calcolo di una serie di indicatori sintetici di longevità e di variabilità, quali l'aspettativa di vita alla nascita, gli anni di vita persi a causa della morte e l'indice di entropia di Leser-Keyfitz.

3.2.1 Aspettativa di vita, anni di vita persi, entropia

La speranza di vita alla nascita è un importante indice sintetico che fornisce informazioni in merito alle condizioni generali di sopravvivenza di una determinata generazione, e quindi il numero di anni che ogni individuo della stessa ha a disposizione alla nascita; invece, la speranza di vita a ogni età x indica il numero medio di anni che restano da vivere a un individuo appartenente a una data coorte, cioè, per estensione, l'età media alla morte. Tuttavia, se l'aspettativa di vita all'età x rappresenta semplicemente una media che non spiega come la durata di vita si distribuisca tra i membri di una data generazione, gli anni di vita persi a causa della morte, invece, valutano quanto sia diversa (o dispersa) la lunghezza delle distribuzioni della durata di vita, cioè quantificano l'ammontare di disuguaglianza dell'aspettativa di vita esistente tra i decessi per età tra i membri di una data coorte. Sebbene l'aspettativa di vita sia un importante indicatore di longevità, l'indicatore anni di vita persi può risultare sostanziale in quanto riflette l'incertezza nel tempismo della morte a livello individuale ed evidenzia l'eterogeneità del benessere e della salute di una popolazione a livello aggregato. Dalla prospettiva del sistema sanitario pubblico, maggiore disuguaglianza nell'aspettativa di vita implica una crescente vulnerabilità a livello sociale e una conseguente inefficacia delle politiche atte a tutelare gli individui dai rischi del *lifecyle*. Pertanto, analizzare sia l'aspettativa di vita alla nascita sia gli anni di vita persi a causa della morte nel contesto dell'evoluzione della mortalità conferisce una visione globale dei mutamenti e delle evoluzioni del fenomeno della longevità.

Fonti recenti (cfr. Nigri, Aburto, Basellini, Bonetti (2022)) hanno mostrato sia che l'aspettativa di vita alla nascita in Italia è migliorata, sia che è stata accompagnata

da una riduzione degli anni di vita persi a causa della morte, come si può desumere dal grafico riportato alla pagina successiva.

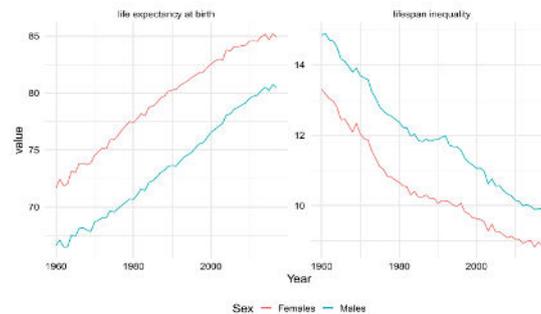


Figura 3.3. Aspettativa di vita alla nascita e anni di vita persi per genere dal 1960 al 2015. Fonte: Nigri A., Aburto J. M., Basellini U., Bonetti M., "Evaluation of Age-specific Causes of Death in the Context of the Italian Longevity Transition" (2022).

Come si evince dal grafico 3.3, in Italia le donne hanno sperimentato una diminuzione degli anni di vita persi e un aumento stabile dell'aspettativa di vita alla nascita nel periodo che va dal 1960 al 2015, passando da 71,7 anni a 84,7 anni. Riguardo agli uomini, l'incremento dell'aspettativa di vita alla nascita è stato sostenuto nello stesso periodo, aumentando da 66,7 anni a 80,2 anni, mentre il decremento degli anni di vita persi non si è osservato nel periodo che va dal 1983 al 1992, ma è stato seguito successivamente da una ripresa del declino del trend. In particolare, durante una simile stagnazione non si sono osservati cambiamenti nell'aumento del trend dell'aspettativa di vita. Alla luce di tali osservazioni, è possibile affermare che l'Italia sia una delle principali *performer* nel raggiungimento di elevati livelli di aspettativa di vita alla nascita e di bassi livelli di anni di vita persi a causa della morte.

Dal punto di vista formale, si consideri una variabile aleatoria non negativa X , che rappresenta la "durata tra il momento della nascita e il momento della morte", ed è nota come *lifecycle*; quest'ultima possiede una funzione di ripartizione identificata da $F(x) = \mathbb{P}(X \leq x)$ e una funzione di sopravvivenza identificata da $S(x) = \mathbb{P}(X \geq x)$, che indica la probabilità per un individuo di sopravvivere fino all'età x .

La distribuzione di probabilità di X è spesso espressa in termini della forza di mortalità $\mathbf{m}(x)$, definita come il tasso istantaneo di mortalità all'età x , condizionatamente alla sopravvivenza alla medesima età:

$$\mathbf{m}(x) = \lim_{\Delta x \rightarrow 0} \frac{\mathbb{P}(X \in [x, x + \Delta x] | X \geq x)}{\Delta x}$$

Si noti che il prodotto $\mathbf{m}(x)\Delta x$ può essere interpretato come la probabilità approssimata che un individuo di età x muoia nell'intervallo di tempo infinitesimale

$[x, x + \Delta x)$, condizionatamente alla sua sopravvivenza all'età x .

L'aspettativa di vita alla nascita è l'indicatore di salute e longevità più comunemente utilizzato e si riferisce all'età media attesa alla morte per una coorte di neo-nati, che sono soggetti al rischio di mortalità dal momento in cui nascono e per tutta la durata della loro vita. Seguendo metodi demografici standard, si definisce l'aspettativa di vita alla nascita come segue:

$$e(0, t) = \frac{\int_0^\infty S(y, t) dy}{S(x, t)}$$

Analogamente, l'aspettativa di vita residua di un individuo ancora in vita all'età x e al tempo t in una determinata popolazione è definita come segue:

$$e(x, t) = \frac{\int_x^\infty S(y, t) dy}{S(x, t)}$$

Si noti che essere in vita all'età x e al tempo t equivale ad essere nati nell'anno $t-x$ e in vita all'età x .

Nonostante il concetto di aspettativa di vita alla nascita sia ben noto, in esso sono tuttavia insite le variazioni nelle età alla morte, ossia i cosiddetti anni di vita persi a causa della morte. Quest'ultimo rappresenta un indicatore meno impiegato negli studi sulla mortalità, poiché spesso si preferisce utilizzare la deviazione standard, la varianza o l'indice di Gini sulla distribuzione delle età alla morte, ossia tutti indicatori altamente correlati tra loro. Dunque, in tale studio è stato impiegato l'indicatore di anni di vita persi a causa della morte all'età x e al tempo t , definito come segue da Vaupel e Canudas-Romo (2003):

$$e^\dagger(x, t) = \frac{\int_x^\infty e(a, t) \cdot d(a, t) da}{S(x, t)}$$

dove $e(a, t)$ indica l'aspettativa di vita residua e $d(a, t)$ rappresenta il numero di decessi. Tale indicatore di dispersione è quindi definito come la media dell'aspettativa di vita rimanente quando si muore. Per esempio, quando la mortalità è molto variabile, numerosi individui moriranno prima della loro età media alla morte prevista, contribuendo con molti anni di vita agli anni di vita persi. Invece, quando la sopravvivenza è altamente concentrata attorno alle età più elevate, la differenza tra l'età alla morte e l'età attesa residua si decrementa, e gli anni di vita persi a causa della morte diminuiscono.

In conclusione, l'indicatore di variabilità noto come entropia di Leser-Keyfitz (Nigri, Barbi, Levantesi (2022)), descrive l'elasticità dell'aspettativa di vita rispetto a

mutamenti del fenomeno della mortalità. Tale grandezza misura la variazione relativa della durata di vita rispetto all'aspettativa di vita alla nascita; la sua espressione è identificata da:

$$H(t) = -\frac{\int_0^{\infty} S(u, t) \ln S(u, t) du}{\int_0^{\infty} S(u, t) du}$$

dove $S(u, t)$ è la funzione di sopravvivenza all'età u al tempo t .

Haberman et al. (2011) hanno dimostrato come l'indice di entropia di una tavola di sopravvivenza rappresenti un indicatore fondamentale dell'impatto del *longevity risk* nel contesto dei pagamenti delle rendite assicurative. Dal punto di vista demografico, l'indice di Leser-Keyfitz descrive il processo di compressione della mortalità, che ha accompagnato tutti i Paesi in sviluppo avanzato nel corso della transizione demografica da livelli elevati di mortalità a livelli più bassi. Infatti, il valore minimo assunto da $H(t)$ è sintomo di minore eterogeneità tra gli individui che compongono una determinata popolazione; ciò corrisponde, dunque, al massimo livello di compressione della mortalità. Di conseguenza, l'entropia può essere considerata come un indicatore di compressione della mortalità.

Pertanto, attraverso il calcolo dei suddetti indicatori di longevità e di variabilità, è possibile comprendere al meglio la longevità italiana e analizzare i pattern sottesi all'aspettativa di vita alla nascita, agli anni di vita persi a causa della morte e all'indice di entropia. Infatti, la prima è notevolmente aumentata per entrambi i generi se paragonata all'evoluzione dell'aspettativa di vita negli altri Paesi del mondo; tale trend positivo è stato accompagnato da una sostanziale riduzione degli anni di vita persi a causa della morte. Ciò significa che la popolazione italiana non solo vive più a lungo, ma anche che gli anni di vita persi degli Italiani diventano prevedibili con maggiore facilità e precisione, fornendo in tal modo suggerimenti su questioni socio-economiche, come quando investire nell'istruzione o quando andare in pensione, per esempio.

Infatti, monitorare la disuguaglianza della longevità e come questa muta nel tempo è di primaria importanza per comprendere il processo di miglioramento della mortalità, per adottare politiche che intensifichino l'equità a livello sanitario e previdenziale e per formulare interventi mirati per cause specifiche di morte.

Capitolo 4

Riconciliazione dei tassi di mortalità

Questo studio esamina i tassi di mortalità italiani aggregati a partire da quelli distinti per otto cause di morte, modellando e prevedendo gli stessi sia tramite il modello APC sia tramite il modello Lee-Carter e mediante l'approccio di riconciliazione delle previsioni che procede dal basso verso l'alto; in seguito, procede alla costruzione di tre tavole di mortalità (a partire da tassi di mortalità osservati, da tassi di mortalità proiettati con modello APC e riconciliati e da tassi di mortalità proiettati con modello Lee-Carter e riconciliati), e al calcolo di un indicatore di longevità e di due indicatori di variabilità di fondamentale importanza, cioè, rispettivamente, la speranza di vita alla nascita, gli anni di vita persi a causa della morte e l'entropia di Leser-Keyfitz, ciascuno per ogni tavola di mortalità.

4.1 Dati

Le analisi sono state effettuate utilizzando dati resi disponibili dall'Organizzazione Mondiale della Sanità (OMS-WHO), e sono relativi alla mortalità italiana distinta per genere, per età (da 0 a 100 anni) e per otto diverse cause di decesso, per un totale di 46 864 osservazioni per i maschi e altrettante per le femmine; gli anni di calendario presi in esame vanno dal 1960 al 2021 e per effettuare previsioni riconciliate e non riconciliate dei tassi di mortalità si considerano le età da 0 a 85 anni.

In particolare, della classificazione **ICD**⁵ si considerano otto diverse malattie che

⁵Dall'inglese International Classification of Diseases, essa consiste in una classificazione internazionale delle malattie e dei problemi correlati, stilata dall'Organizzazione Mondiale della Sanità (OMS-WHO) e ampiamente utilizzata per gli studi statistici ed epidemiologici, nonché valido strumento di gestione di salute e di igiene pubblica.

hanno provocato il decesso degli individui considerati, ossia:

- Malattie infettive (malattie intestinali, tubercolosi, malattie batteriche trasmesse da animali, infezioni a trasmissione sessuale, infezioni al sistema nervoso centrale, febbri virali, ...);
- Cancro (che colpisce soggetti fumatori);
- Cancro (che colpisce soggetti non fumatori);
- Malattie cardiovascolari (cardiopatie, ictus, aneurisma aortico, pericardite, embolia polmonare, arresto cardiaco, ...);
- Malattie respiratorie (influenza, polmonite, sinusite, bronchite, asma, ...);
- Malattie dell'apparato digerente (gastrite, appendicite, ernia, esofagite, peritonite, ...);
- Malattie esterne (accidenti da trasporto, cadute, annegamento, contatto con animali e piante velenose, autolesione intenzionale, ...);
- Altre malattie (categoria residuale).

Tra le operazioni preliminari effettuate sul dataset, si segnala che il numero di decessi registrati è decimale in quanto frutto di interpolazione; infatti, trattandosi di mortalità differenziale, buona parte dei dati viene ricostruita. Empiricamente, i valori minori dell'unità sono problematici perciò vengono imputati tutti a 1 (sia per le femmine sia per i maschi), anche se ciò consiste in una forma di distorsione dei dati che tuttavia risulta necessaria.

La tecnica utilizzata è la cosiddetta *bottom-up reconciliation*, cioè la riconciliazione delle previsioni dal basso verso l'alto: al fine di produrre previsioni sulla mortalità complessiva, è necessario che le previsioni per singola causa di morte siano in linea con queste ultime, cioè non devono divergere dalle stesse né seguire trend differenti. Pertanto, è opportuno modellare e prevedere la mortalità non solo a livello di età, genere e causa di morte, ma anche a livello aggregato, in modo integrato.

Tuttavia, la modellizzazione congiunta dei tassi di mortalità a livello aggregato e non aggregato presenta una sfida di elevata dimensionalità: un modello multi-popolazione per tassi di mortalità specifici per causa di morte, genere ed età può essere estremamente complesso ed eccessivamente parametrizzato; inoltre, i tassi di mortalità per causa specifica di morte possono essere ricompresi in un contesto gerarchico in cui si aggrega poi a livello di mortalità totale, ma la coerenza delle

previsioni di mortalità non può essere assicurata se l'esperienza a livello di causa di morte, età e genere e l'esperienza complessiva vengono proiettate separatamente. Fortunatamente, questi ostacoli possono essere superati tramite un approccio di riconciliazione delle previsioni dal basso verso l'alto, metodologia emergente che garantisce la coerenza delle previsioni e migliora la qualità complessiva delle stesse, senza tuttavia produrre risultati particolarmente sofisticati. In questo studio, si propone un approccio di riconciliazione per proiettare congiuntamente i tassi di mortalità specifici per età, genere e causa di morte a livello aggregato.

4.2 Il pacchetto *StMoMo*

Il pacchetto impiegato nelle analisi è *StMoMo* (*Stochastic Mortality Modelling*), scritto nel linguaggio e disponibile nell'ambiente R⁶.

In generale, si tratta di un pacchetto in grado di implementare le funzioni per definire i più comuni modelli disponibili nella letteratura sulla previsione della mortalità, tra cui la famiglia dei modelli stocastici sulla mortalità GAPC (*Generalized Age-Period-Cohort*); quest'ultima comprende numerosi modelli tipicamente utilizzati in ambito attuariale e demografico, tra cui il modello Lee-Carter, il modello APC e numerosi altri.

Per utilizzare il pacchetto *StMoMo*, occorre definire un insieme di funzioni che specificchino, per esempio, il numero di termini che catturano l'effetto età, il numero di termini che catturano l'effetto periodo, se i coefficienti sono parametrici o no, e stimarli; quindi, esso include una serie di funzioni preimpostate per stimare i modelli di mortalità, analizzare la loro bontà di adattamento ai dati e produrre previsioni e simulazioni sul fenomeno in esame. Perciò, la flessibilità di tale pacchetto consente a un utente di costruire velocemente una batteria di modelli differenti, confrontarli e valutarli; infatti, esso è largamente utilizzato per gestire il *longevity risk* in ambito attuariale e previdenziale.

Al fine di implementare un modello GAPC per la previsione della mortalità, occorre innanzitutto identificare una *link function*, data da:

$$g\left(\mathbb{E}\left(\frac{D_{x,t}}{E_{x,t}}\right)\right) = \eta_{x,t}$$

⁶Il pacchetto è disponibile al link <https://cran.r-project.org/web/packages/StMoMo/index.html>

In particolare, nel caso in esame occorre indicare nell'argomento della funzione che la componente casuale del numero dei decessi segua una distribuzione di tipo Poisson (cfr. estensione di Brouhns et al.), specificando che $link=log$.

Quindi, la componente sistematica di tale modello, che include gli effetti sull'età x , sull'anno di calendario t e sulla coorte con anno di nascita $c=t-x$, è catturata dal predittore $\eta_{x,t}$:

$$\eta_{x,t} = \alpha_x + \kappa_t + \gamma_{t-x}$$

nel caso in cui si implementi un modello di tipo *Age-Period-Cohort*.

Se, invece, si opta per il modello Lee-Carter, allora il predittore è identificato da:

$$\eta_{x,t} = \alpha_x + \beta_x \kappa_t$$

4.3 Risultati preliminari

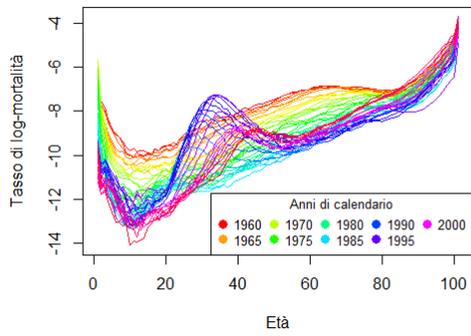
Le analisi empiriche riportate in questo studio riguardano la mortalità italiana totale, maschile e femminile, a partire da quella distinta per causa di decesso e per genere. Le variabili oggetto di esame sono: anno di calendario, età, esposti al rischio, cause di morte e numero di decessi, tutte distinte a loro volta per genere in due dataset differenti.

Innanzitutto, si effettua l'ottimizzazione dei parametri del modello attraverso il *training set*, cioè l'insieme di dati su cui il modello è allenato e che coinvolge circa l'80% dei dati, nel periodo che comprende gli anni dal 1960 al 2007.

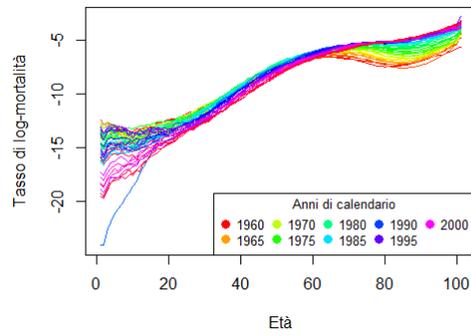
In seguito, si valuta la capacità predittiva del modello su "nuovi dati" in un periodo pari a 10 anni (dal 2008 al 2017), utilizzando il 20% di dati rimanenti, cioè il *testing set*. Tale procedura viene effettuata distinguendo per causa di morte e tanto per il genere maschile quanto per quello femminile, e applicando sia il modello APC sia il modello Lee-Carter.

Al fine di approfondire maggiormente l'esperienza della mortalità italiana, si effettua in primo luogo un'analisi preliminare dell'andamento dei tassi di mortalità (dei quali si riporta il logaritmo) al variare dell'età x e dell'anno di calendario t per la popolazione maschile e femminile, distinguendo sempre tra le varie cause di morte oggetto di esame. In particolare, per la popolazione maschile si ottengono i risultati riportati nella pagina successiva.

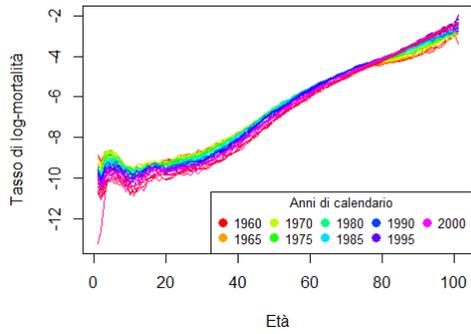
Tassi di log-mortalità maschili per malattie infettive



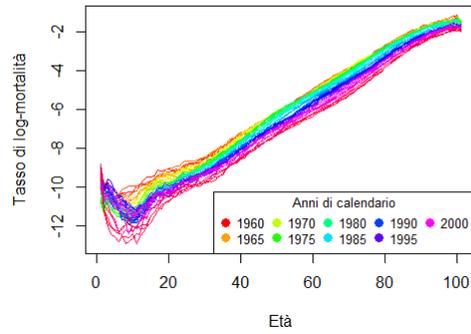
Tassi di log-mortalità maschili per cancro (in presenza di fumo)



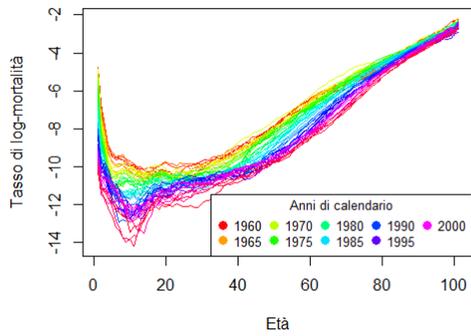
Tassi di log-mortalità maschili per cancro (in assenza di fumo)



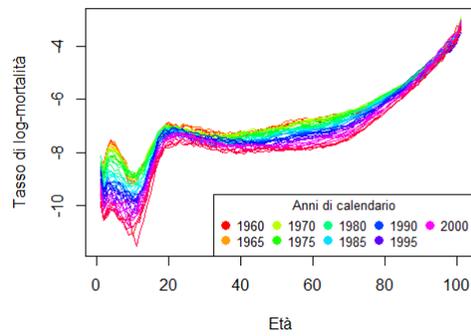
Tassi di log-mortalità maschili per malattie cardiovascolari

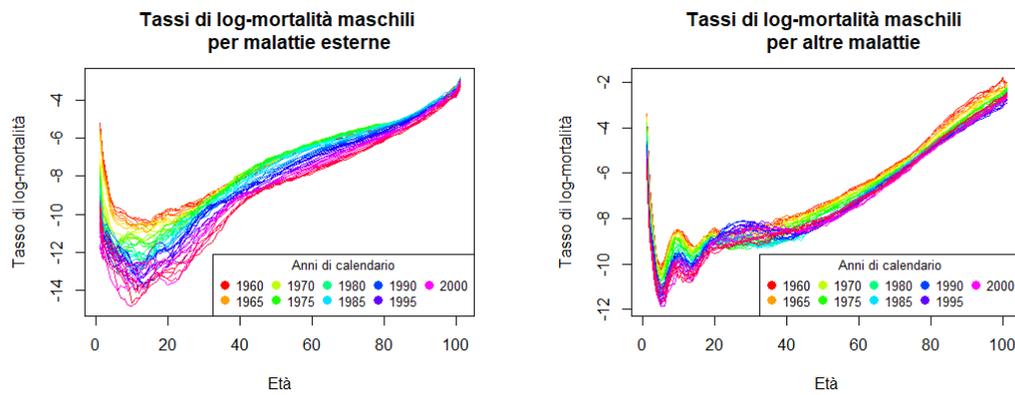


Tassi di log-mortalità maschili per malattie respiratorie



Tassi di log-mortalità maschili per malattie del sistema digerente





Riguardo al tasso di log-mortalità per malattie infettive, si registra un trend particolare nel corso degli anni, con un picco intorno ai 30 anni raggiunto negli anni '90 che potrebbe sembrare un massimo locale, e un picco più recente intorno ai 40 anni; poi si osserva un andamento crescente verso le età più avanzate e si nota un'elevata dispersione.

Il tasso di log-mortalità per cancro (in presenza di fumo) risulta più variabile in corrispondenza delle fasce di età giovanili (fino a circa 30 anni), per poi aumentare sempre più verso le fasce di età successive. Inoltre, si nota una lieve flessione in corrispondenza delle età infantili: ciò potrebbe sembrare incoerente in quanto non è verosimile affermare che un bambino fumi; in realtà, in tal caso si può interpretare tale fenomeno in riferimento al fatto che sui pacchetti di sigarette è riportato che il fumo può nuocere ai nati.

In merito al tasso di log-mortalità per cancro (in assenza di fumo), si segnala un andamento sempre crescente, fatta eccezione per una lieve dispersione iniziale.

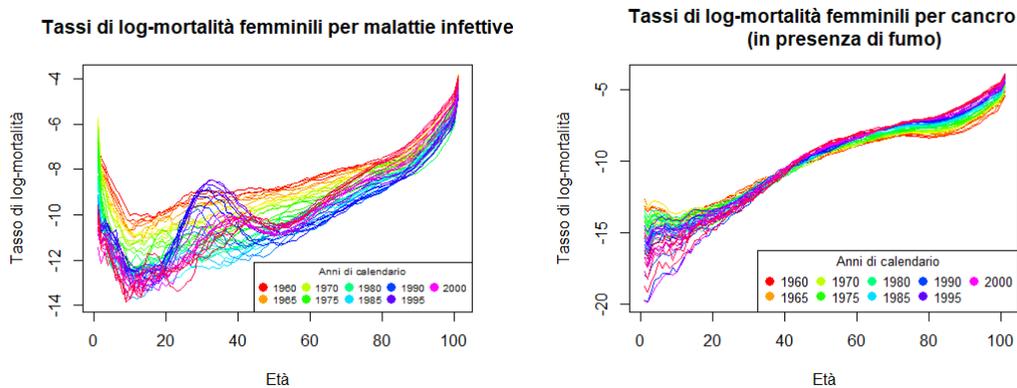
Il tasso di log-mortalità per malattie cardiovascolari ha un andamento del tutto crescente (a eccezione di un minimo assoluto in corrispondenza di età infantili), a conferma del fatto che risulta essere la principale causa di decesso tra quelle esaminate, e tende a linearizzarsi verso le età più elevate.

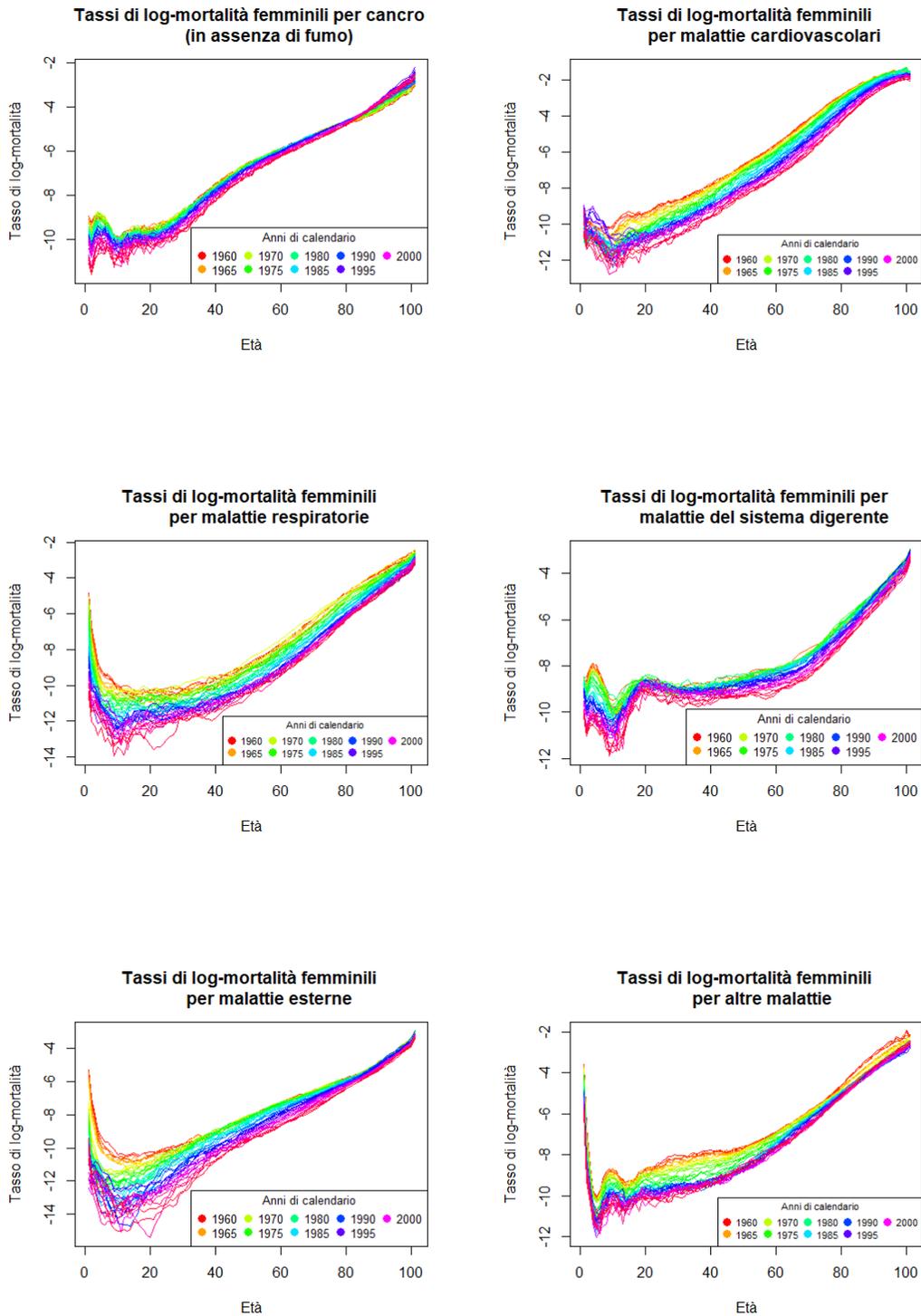
Per quanto concerne il tasso di log-mortalità per malattie respiratorie, esso presenta un andamento prima decrescente, fino a circa 18 anni in cui si osserva un minimo locale, e poi crescente.

In relazione al tasso di log-mortalità per malattie del sistema digerente, si nota un andamento crescente fino ai primi anni di vita, decrescente intorno ai 10 anni e un massimo locale in corrispondenza dei 20 anni, poi costante fino ai 75 anni e infine sempre crescente; quindi, è possibile affermare che esso sia caratterizzato da un'elevata dispersione iniziale.

In conclusione, il tasso di log-mortalità per malattie esterne risulta essere la causa preponderante di decesso per individui di età compresa tra i 15 e i 24 anni; quello dovuto ad altre malattie, invece, ha un andamento molto variabile fino ai 40 anni, e tende poi a linearizzarsi.

Lo stesso procedimento si ripete per l'analisi dell'andamento dei tassi di mortalità (dei quali si riporta il logaritmo) al variare dell'età x e dell'anno di calendario t per la popolazione femminile; in tal caso, i tassi di log-mortalità per causa di morte risultano, al variare delle età e degli anni di calendario, *shiftati* verso destra, cioè verso le età più anziane, a volte estreme. Ciò conferma la maggiore longevità della popolazione femminile rispetto a quella maschile, sebbene la qualità della vita delle donne peggiori maggiormente in età avanzate rispetto a quella degli uomini. In particolare, si ha:





Riguardo al tasso di log-mortalità per malattie infettive, si registra una recente diminuzione della mortalità giovanile e un massimo locale intorno ai 35 anni, prose-

guendo con un andamento crescente e mantenendo un'elevata dispersione.

Il comportamento dei tassi di log-mortalità per cancro (in presenza di fumo) è crescente, con una elevata dispersione iniziale e con lieve flessione in corrispondenza dei 75 anni.

In merito ai tassi di log-mortalità per cancro (in assenza di fumo), invece, si segnala un andamento oscillatorio fino ai 25 anni, che si evolve in modo crescente, tendendo a linearizzarsi verso le età estreme.

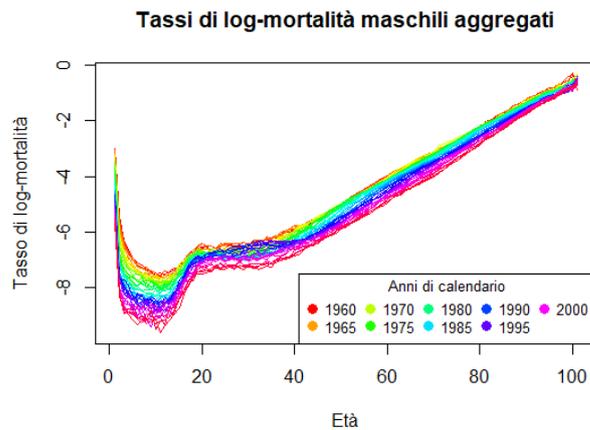
I tassi di log-mortalità per malattie cardiovascolari hanno un andamento inizialmente decrescente ma in maniera meno evidente rispetto al caso precedente, e proseguono in modo del tutto crescente fino alle età più elevate.

Per quanto concerne i tassi di log-mortalità per malattie respiratorie, essi presentano una recente riduzione in corrispondenza delle età infantili, che prosegue all'incirca fino ai 25 anni e poi riprende ad aumentare fino alle età più elevate.

In relazione ai tassi di log-mortalità per malattie del sistema digerente, si nota un andamento oscillatorio fino ai 20 anni (dove si osserva un massimo locale) come nel caso maschile, che poi procede in modo crescente, ma incurvandosi leggermente tra i 40 e i 60 anni.

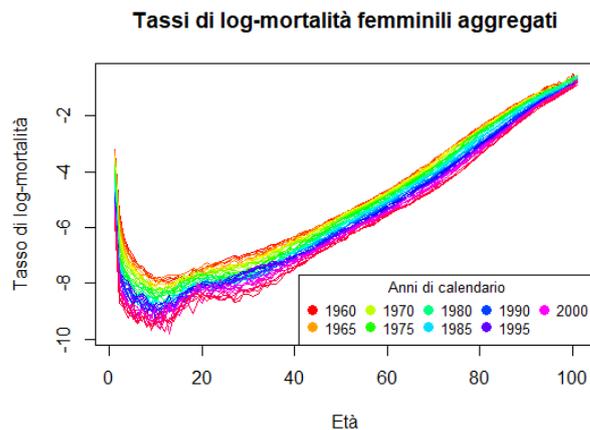
Infine, riguardo ai tassi di log-mortalità per malattie esterne, si nota un comportamento decrescente fino ai 20 anni e poi crescente; in riferimento ai tassi di log-mortalità per altre malattie, si osserva un andamento prima decrescente (con un minimo assoluto corrispondenza di età giovanili), poi oscillatorio e in conclusione sempre crescente.

In seguito, si sommano i tassi di mortalità per causa di morte e per genere; alla fine, si aggregano le grandezze ottenute a livello nazionale, senza distinzione per causa di morte né per genere. Nello specifico, in primo luogo si procede alla somma dei decessi maschili distinti per causa di morte, in modo da calcolare il relativo tasso di mortalità aggregato per i maschi come rapporto tra detti decessi ed esposti al rischio, che produce il seguente risultato (in termini logaritmici):



Quindi, a livello aggregato, si osserva un andamento prima decrescente (fino a circa 15 anni, dove è presente un minimo assoluto), crescente fino ai 20 anni ("*accident hump*"⁷) e con una ulteriore leggera flessione intorno ai 30 anni, per poi notare un comportamento definitivamente crescente. Nel complesso, dunque, si registra una diminuzione globale dei tassi di log-mortalità maschili, anche se il tasso di riduzione varia tra i diversi gruppi di età, e la relativa serie storica risulta abbastanza liscia.

Reiterando la medesima procedura per i tassi di mortalità femminili, si osserva il seguente risultato (in termini logaritmici):

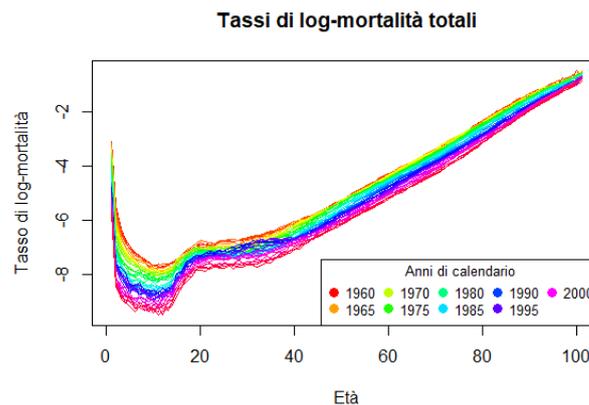


Nel caso della mortalità femminile, si nota un andamento abbastanza simile (fatta eccezione per l'assenza dell'"*accident hump*") a quello maschile e con un minimo

⁷Con questo termine si fa riferimento al fenomeno dell'aumento dei tassi di mortalità nella tarda adolescenza e nei primi vent'anni in una data popolazione. La gobba, infatti, è spesso causata da un aumento dei decessi dovuti a incidenti automobilistici ed è solitamente più pronunciata nei tassi di mortalità maschili.

assoluto intorno ai 15 anni, anche se la curva risulta essere molto più allisciata.

Infine, sommando i decessi maschili e femminili e rapportandoli ai relativi esposti al rischio, si esegue dunque l'aggregazione dei tassi di mortalità di entrambi i generi, riscontrando un comportamento (in termini logaritmici) prima decrescente fino a poco prima dei 20 anni (dove poi si osserva un massimo locale), poi sempre crescente fino ad età avanzate:



4.4 Analisi Age-Period-Cohort

Effettuate le diverse aggregazioni, si valuta la capacità predittiva del modello proposto nel periodo che va dal 2008 al 2017 (*testing set*); nello specifico, tale passaggio richiede l'implementazione di un modello APC, il cui predittore $\eta_{x,t}$ è identificato da:

$$\eta_{x,t} = \alpha_x + \kappa_t + \gamma_{t-x}$$

Quindi, per ogni causa di morte e in riferimento alla popolazione maschile, si implementa un modello APC per stimare la *random walk with drift* che descrive la dinamica dell'indice di periodo κ_t tramite un modello di serie storiche ARIMA(0,1,0) con intercetta, nonché la dinamica dell'indice di coorte γ_{t-x} tramite un modello di serie storiche ARIMA(1,1,0) con intercetta, in un orizzonte temporale di previsione $h = 10$ anni. A tal fine si utilizza la funzione *forecast*, il cui output è un oggetto della classe "*forStMoMo*" che fornisce, tra le altre cose, le seguenti informazioni:

- Tassi di mortalità (maschili, in tal caso) proiettati: m_{x,t_n+s} , $s = 1, \dots, h$;
- Una lista di informazioni sull'indice di periodo κ_t , tra cui la media, gli intervalli di confidenza, la stima dell'intercetta, le stime dell'indice ottenute per i vari anni inclusi nel *training set*;

- Una lista di informazioni riguardo al processo ARIMA stimato per l'indice di coorte γ_{t-x} , tra cui la media, gli intervalli di confidenza, la stima dell'intercetta e del parametro autoregressivo.

In tal modo, dunque, si determinano le previsioni (non riconciliate) a 10 anni dei tassi di mortalità maschili negli anni che vanno dal 2008 al 2017 e in riferimento alle età 0-85 anni, tramite il modello APC.

In seguito, si calcolano i residui per ogni causa di morte relativa alla popolazione maschile, come differenza tra valori stimati e valori osservati dei tassi di mortalità distinti per causa; al fine di valutare la bontà del modello stimato, si determinano quindi gli errori di previsione MAPE⁸ e SMAPE⁹ per ogni orizzonte previsionale, per i quali si ottengono i seguenti risultati (in termini di media per età e per anno di proiezione per ogni causa di morte):

Causa	MAPE	SMAPE
1	1.0438	0.8046
2	0.1750	0.1354
3	0.1223	0.1234
4	0.3924	0.2345
5	0.4583	0.7179
6	0.2719	0.2058
7	0.4803	0.7961
8	0.2349	0.2506

Tabella 4.1. Media per età e per anno di proiezione degli errori MAPE e SMAPE maschili, distinti per causa di morte con modello APC.

Si osserva che sia gli errori MAPE sia gli errori SMAPE risultano essere più elevati in relazione a malattie infettive, malattie respiratorie e malattie esterne (rispettivamente, cause 1, 5 e 7) e più bassi in riferimento a cancro sia in presenza sia in

⁸Il MAPE è definito come:

$$MAPE = \frac{1}{N} \sum_{x,t} \left| \frac{m_{oss}(x,t) - m_{unrec}^{APC}(x,t)}{m_{oss}(x,t)} \right|$$

⁹Lo SMAPE è definito come:

$$SMAPE = \frac{1}{N} \sum_{x,t} \left| \frac{m_{oss}(x,t) - m_{unrec}^{APC}(x,t)}{\frac{m_{oss}(x,t) + m_{unrec}^{APC}(x,t)}{2}} \right|$$

assenza di fumo (rispettivamente, cause 2 e 3)¹⁰.

Si reitera il medesimo procedimento per la popolazione femminile di età compresa tra 0 e 85 anni su un orizzonte previsionale di 10 anni, che conduce ai seguenti risultati in termini di errori MAPE e SMAPE per età e per anno di proiezione per ogni causa di morte:

Causa	MAPE	SMAPE
1	0.9264	0.6882
2	0.1551	0.1276
3	0.1113	0.1275
4	0.4528	0.2971
5	0.4401	0.6893
6	0.2613	0.2373
7	0.5074	0.8667
8	0.2192	0.2564

Tabella 4.2. Media per età e per anno di proiezione degli errori MAPE e SMAPE femminili, distinti per causa di morte con modello APC.

Si registrano errori MAPE e SMAPE più elevati in riferimento a malattie infettive, malattie respiratorie e malattie esterne (rispettivamente, cause 1, 5 e 7) ed errori minori per cancro sia in presenza sia in assenza di fumo (rispettivamente, cause 2 e 3), esattamente come nel caso maschile precedentemente illustrato.

Dunque, si procede all'aggregazione delle previsioni (non riconciliate) e dei residui tramite un analogo modello APC a 10 anni per i maschi e per le femmine separatamente, quindi senza più distinguere per causa di morte, ma solo per genere.

In particolare, riguardo all'andamento dei tassi di mortalità maschili per il *testing set*, aggregati per causa di morte, si ha (in termini logaritmici):

¹⁰Si sottolinea che il calcolo dell'errore SMAPE è stato effettuato poiché, nel contesto della mortalità per causa, esso tiene conto sia della differenza percentuale tra i valori previsti e osservati, sia della direzione di questa differenza, rendendolo uno strumento utile per valutare l'accuratezza delle previsioni.

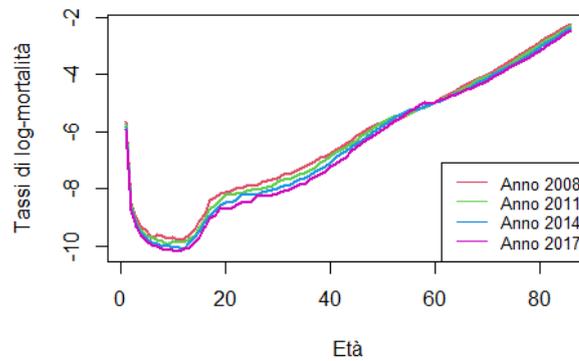


Figura 4.1. Tassi di log-mortalità maschili aggregati per causa di morte nel *testing set*.

Di seguito, si riportano gli andamenti dell'indice di periodo κ_t (al variare dell'anno di calendario t) e dell'indice di coorte γ_{t-x} (al variare dell'anno di nascita $t-x$) rinvenuti per il modello APC applicato ai tassi di mortalità maschili:

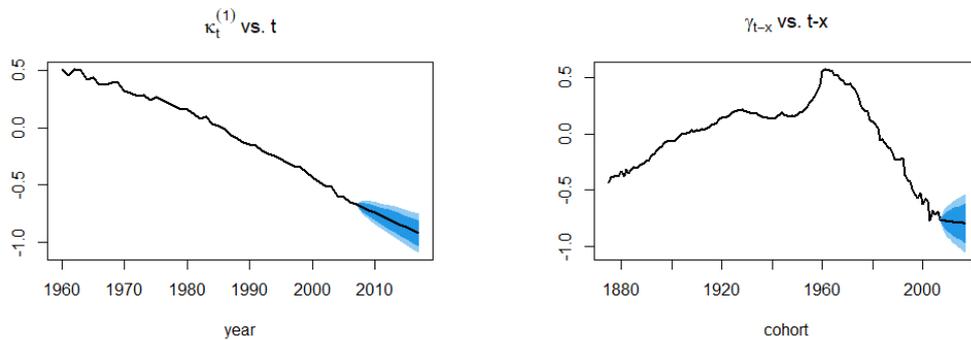


Figura 4.2. Previsioni dell'indice di periodo κ_t e dell'indice di coorte γ_{t-x} per il modello APC applicato alla popolazione maschile di età 0-85 anni nel periodo 2008-2017; l'area turchese rappresenta l'intervallo di confidenza al 95%.

Si nota come il parametro che cattura l'effetto periodo assuma un andamento decrescente, mentre quello che esprime l'effetto coorte è prima crescente e in seguito decrescente, a partire da $(t - x) = 1960$.

Riguardo all'andamento dei tassi di mortalità femminili per il *testing set* aggregati per causa di morte, si ha (in termini logaritmici):

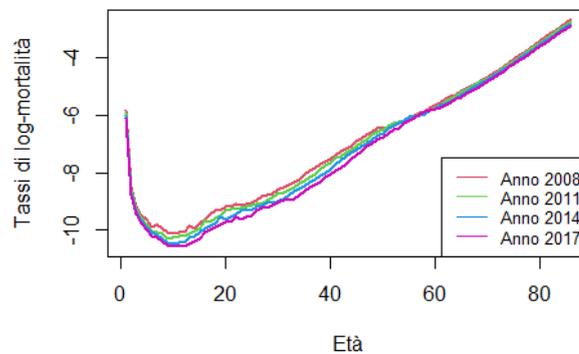


Figura 4.3. Tassi di log-mortalità femminili aggregati per causa di morte nel *testing set*.

Di seguito, si riportano gli andamenti dell'indice di periodo κ_t (al variare dell'anno di calendario t) e dell'indice di coorte γ_{t-x} (al variare dell'anno di nascita $(t-x)$) rinvenuti per il modello APC applicato ai tassi di mortalità femminili:

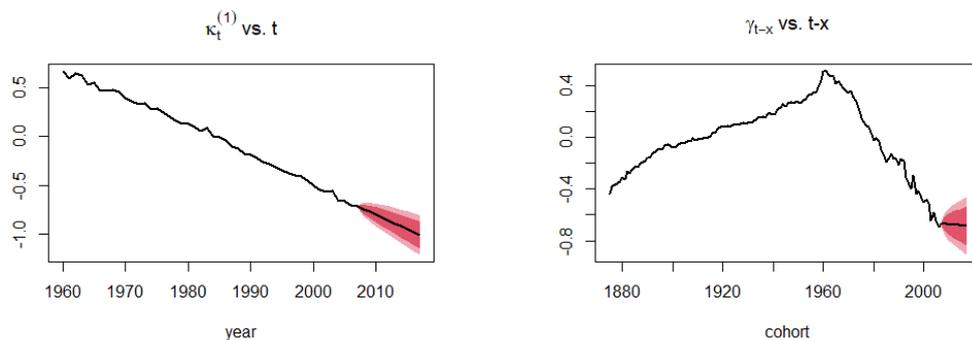


Figura 4.4. Previsioni dell'indice di periodo κ_t e dell'indice di coorte γ_{t-x} per il modello APC applicato alla popolazione femminile di età 0-85 anni nel periodo 2008-2017; l'area rosa rappresenta l'intervallo di confidenza al 95%.

Anche in tal caso, si osserva come il parametro che cattura l'effetto periodo assuma un andamento sempre decrescente, mentre quello che esprime l'effetto coorte è prima crescente e in seguito decrescente, a partire da $(t-x) = 1960$.

In conclusione, si effettua l'aggregazione dei tassi di mortalità ottenuti nella fase di *testing* distinta per genere, in modo da ottenere l'andamento globale degli stessi nel *testing set*, quindi senza tenere più conto né della causa di morte né del genere.

Pertanto, l'andamento dei tassi di mortalità totali in termini logaritmici risulta essere il seguente:

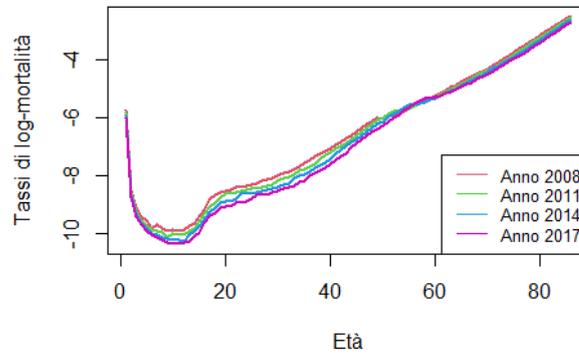


Figura 4.5. Tassi di log-mortalità totali nel *testing set*.

Di seguito, si riportano gli andamenti dell'indice di periodo κ_t (al variare dell'anno di calendario t) e dell'indice di coorte γ_{t-x} (al variare dell'anno di nascita ($t-x$)) rinvenuti per il modello APC applicato ai tassi di mortalità totali:

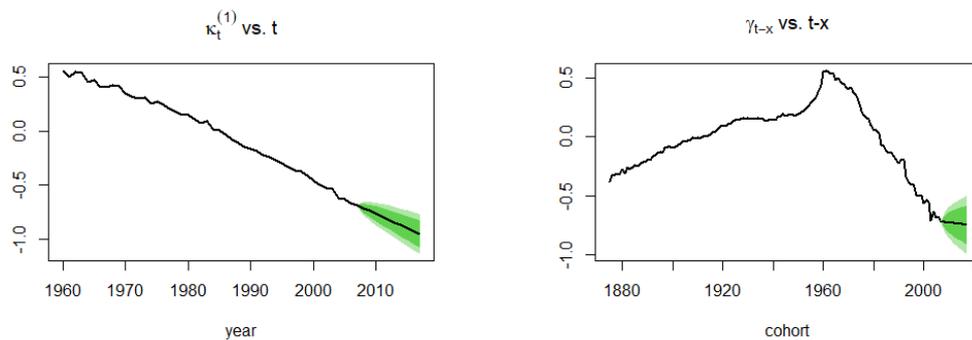


Figura 4.6. Previsioni dell'indice di periodo κ_t e dell'indice di coorte γ_{t-x} per il modello APC applicato alla popolazione italiana di età 0-85 anni nel periodo 2008-2017; l'area verde rappresenta l'intervallo di confidenza al 95%.

Nel caso della mortalità totale, l'andamento dell'indice di periodo è sempre decrescente, mentre l'indice di coorte è prima crescente e poi decrescente.

In seguito, si procede alla costruzione della cosiddetta *summing-matrix* (3.1.1), ossia una matrice la cui prima riga è costituita dai rapporti tra gli esposti al rischio maschi e gli esposti al rischio totali (primi otto elementi), e dalle esposte al rischio femmine

e gli esposti al rischio totali (ultimi otto elementi), la cui seconda riga è costituita da otto uni e otto zeri e la cui terza riga è formata da otto zeri e otto uni; le restanti 16 righe, invece, costituiscono una matrice identità.

Dunque, la *summing-matrix* somma le previsioni dei tassi di mortalità distinti per cause, passaggio concesso in quanto i tassi sono additivi.

Tuttavia, sommando i tassi di mortalità maschili e quelli femminili, occorre pesarli per i cosiddetti rapporti di prevalenza, divisi per età x e per anno di calendario t ; su detti rapporti, saranno poi effettuate previsioni con un modello di serie storiche ARIMA e utilizzando il BIC come criterio di selezione. In particolare, si prevede la percentuale di esposte al rischio femmine poiché l'errore di previsione in tal caso è considerevolmente più basso; per ottenere la percentuale di esposti al rischio maschi, si procede dunque per differenza rispetto all'unità.

A questo punto, si implementa una funzione che restituisce la *summing-matrix* e che è costruita appositamente per la presente analisi, per poi procedere alla riconciliazione dal basso verso l'alto, ricavando quindi previsioni sui tassi di mortalità totali che siano coerenti con quelle distinte per singole cause di morte e per genere, in modo che la previsione aggregata di mortalità sia effettivamente la somma delle singole previsioni disaggregate.

Di seguito, si riportano le medie per età e per anno di proiezione degli errori MAPE, SMAPE ed RMSE rinvenute a seguito della riconciliazione dal basso verso l'alto e al netto della stessa, in relazione alla mortalità distinta per genere e alla mortalità complessiva:

	Riconciliati			Non riconciliati		
	Totali	Maschi	Femmine	Totali	Maschi	Femmine
MAPE	0.1007	0.1239	0.1135	0.2059	0.2146	0.2159
SMAPE	0.1053	0.1228	0.1240	0.2501	0.2517	0.2731
RMSE	0.0007	0.0008	0.0006	0.0005	0.0007	0.0005

Tabella 4.3. Media per età e per anno di proiezione degli errori MAPE, SMAPE ed RMSE riconciliati e non riconciliati per mortalità totale, maschile e femminile con modello APC.

Dal confronto degli errori MAPE, SMAPE ed RMSE riportati nella suddetta tabella, emerge che la riconciliazione dal basso verso l'alto ha prodotto una notevole riduzione degli errori MAPE e SMAPE, che risultano essere più che dimezzati per la mortalità totale, maschile e femminile.

Invece, l'RMSE calcolato a partire da previsioni di tassi riconciliati supera quello non riconciliato in tutti e tre i casi.

Di conseguenza, in virtù della riconciliazione, è possibile affermare che l'andamento futuro dei tassi di mortalità totali risulta essere in linea con quello della mortalità per singole cause di decesso e che la riconciliazione ha prodotto un miglioramento delle previsioni nel *testing set* in termini di errori relativi (MAPE, SMAPE), ma non in termini di errori assoluti (RMSE).

Analizzando le stesse tipologie di errori ma distinguendo per classi di età, si ottengono i seguenti risultati:

Classi	0 – 25		26 – 50		51 – 75		76 – 85	
	Rec	Unrec	Rec	Unrec	Rec	Unrec	Rec	Unrec
MAPE	0.1854	0.4253	0.0935	0.1876	0.0297	0.0576	0.0851	0.0524
SMAPE	0.2104	0.5570	0.0882	0.2049	0.0292	0.0543	0.0907	0.0547
RMSE	0.00004	0.00009	0.00004	0.0015	0.0002	0.0004	0.0004	0.0034

Tabella 4.4. Media per età e per anno di proiezione degli errori MAPE, SMAPE ed RMSE riconciliati e non riconciliati per mortalità totale, distinti per classi di età con modello APC.

Si osserva come gli errori MAPE, SMAPE ed RMSE riconciliati siano migliori rispetto a quelli non riconciliati, in riferimento a tutte le classi di età considerate.

4.5 Analisi Lee-Carter

Effettuate le diverse aggregazioni e implementato il modello APC, si valuta la capacità predittiva del modello proposto nel periodo che va dal 2008 al 2017 (*testing set*) anche tramite il modello Lee-Carter, il cui predittore $\eta_{x,t}$ è identificato da:

$$\eta_{x,t} = \alpha_x + \beta_x \kappa_t$$

Quindi, per ogni causa di morte e in riferimento alla popolazione maschile, si implementa un modello Lee-Carter per stimare la *random walk* con *drift* che descrive la dinamica dell'indice di periodo κ_t in un orizzonte temporale di previsione $h = 10$ anni. A tal fine si utilizza la funzione *forecast*, il cui output è un oggetto della classe "*forStMoMo*" che fornisce, tra le altre cose, le seguenti informazioni:

- Tassi di mortalità (maschili, in tal caso) proiettati: m_{x,t_n+s} , $s = 1, \dots, h$;

- Una lista di informazioni sull'indice di periodo κ_t , tra cui la media, gli intervalli di confidenza, la stima dell'intercetta, le stime dell'indice ottenute per i vari anni inclusi nel *training set*.

In tal modo, dunque, si determinano le previsioni (non riconciliate) a 10 anni dei tassi di mortalità maschili negli anni che vanno dal 2008 al 2017 e in riferimento alle età 0-85 anni, tramite il modello Lee-Carter.

In seguito, si calcolano i residui per ogni causa di morte relativa alla popolazione maschile, come differenza tra valori stimati e valori osservati dei tassi di mortalità distinti per causa; al fine di valutare la bontà del modello stimato, si determinano gli errori di previsione MAPE¹¹ e SMAPE¹² per ogni orizzonte previsionale, per i quali si ottengono i seguenti risultati (in termini di media per età e per anno di proiezione per ogni causa di morte):

Causa	MAPE	SMAPE
1	1.7930	0.6795
2	0.8075	0.5038
3	0.1267	0.1281
4	0.2012	0.1621
5	0.3457	0.4632
6	0.2723	0.2330
7	0.3650	0.5493
8	0.3438	0.2743

Tabella 4.5. Media per età e per anno di proiezione degli errori MAPE e SMAPE maschili, distinti per causa di morte con modello Lee-Carter.

Si osserva come gli errori MAPE e SMAPE siano più elevati in riferimento a malattie infettive e al cancro in presenza di fumo (rispettivamente, cause 1 e 2), e minori in riferimento a cancro in assenza di fumo e a malattie cardiovascolari (rispettivamente,

¹¹Il MAPE è definito come:

$$MAPE = \frac{1}{N} \sum_{x,t} \left| \frac{m_{oss}(x,t) - m_{unrec}^{LC}(x,t)}{m_{oss}(x,t)} \right|$$

¹²Lo SMAPE è definito come:

$$SMAPE = \frac{1}{N} \sum_{x,t} \left| \frac{m_{oss}(x,t) - m_{unrec}^{LC}(x,t)}{\frac{m_{oss}(x,t) + m_{unrec}^{LC}(x,t)}{2}} \right|$$

cause 3 e 4).

Si reitera il medesimo procedimento per la popolazione femminile di età compresa tra 0 e 85 anni su un orizzonte previsionale di 10 anni, che conduce ai seguenti risultati in termini di errori MAPE e SMAPE per età e per anno di proiezione per ogni causa di morte:

Causa	MAPE	SMAPE
1	1.7182	0.7049
2	0.1586	0.1550
3	0.1218	0.1312
4	0.3507	0.2896
5	0.2254	0.2379
6	0.2443	0.2215
7	0.3654	0.5771
8	0.1964	0.2055

Tabella 4.6. Media per età e per anno di proiezione degli errori MAPE e SMAPE femminili, distinti per causa di morte con modello Lee-Carter.

In tal caso, si registrano errori MAPE e SMAPE più elevati in riferimento a malattie infettive (causa 1), e inferiori per cancro sia in presenza sia in assenza di fumo (rispettivamente, cause 2 e 3).

Dunque, si procede all'aggregazione delle previsioni (non riconciliate) e dei residui tramite un analogo modello Lee-Carter a 10 anni per i maschi e per le femmine separatamente, quindi senza più distinguere per causa di morte, ma solo per genere.

In particolare, riguardo all'andamento dei tassi di mortalità maschili per il *testing set*, aggregati per causa di morte, si ha (in termini logaritmici):

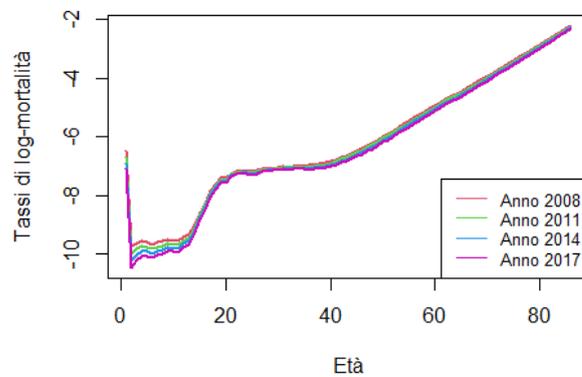


Figura 4.7. Tassi di log-mortalità maschili aggregati per causa di morte nel *testing set*.

Di seguito, si riporta l'andamento, sempre decrescente, dell'indice di periodo κ_t (al variare dell'anno di calendario t) rinvenuto per il modello Lee-Carter applicato ai tassi di mortalità maschili:

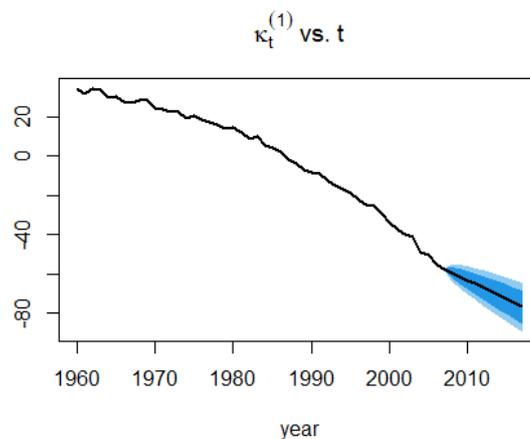


Figura 4.8. Previsioni dell'indice di periodo κ_t per il modello Lee-Carter applicato alla popolazione maschile di età 0-85 anni nel periodo 2008-2017; l'area turchese rappresenta l'intervallo di confidenza al 95%.

Invece, in merito all'andamento dei tassi di mortalità femminili per il *testing set* aggregati per causa di morte, si ha (in termini logaritmici):

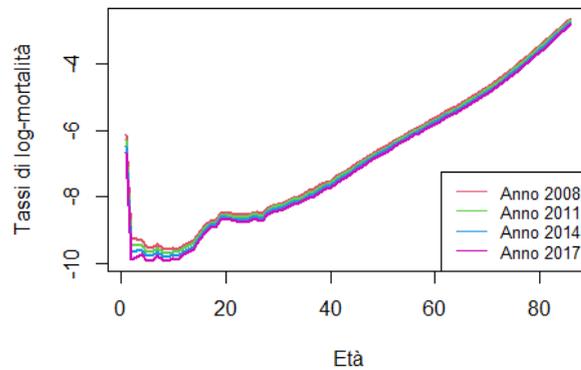


Figura 4.9. Tassi di log-mortalità femminili aggregati per causa di morte nel *testing set*.

Di seguito, si riporta l'andamento, sempre decrescente, dell'indice di periodo κ_t (al variare dell'anno di calendario t) rinvenuto per il modello Lee-Carter applicato ai tassi di mortalità femminili:

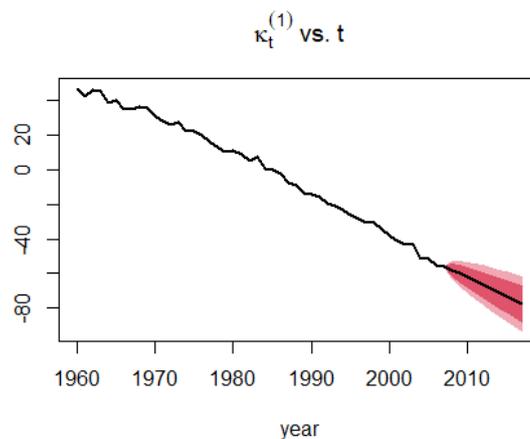


Figura 4.10. Previsioni dell'indice di periodo κ_t per il modello Lee-Carter applicato alla popolazione femminile di età 0-85 anni nel periodo 2008-2017; l'area rosa rappresenta l'intervallo di confidenza al 95%.

In conclusione, si effettua l'aggregazione di tali tassi di mortalità ottenuti nella procedura di *testing* distinta per genere, in modo da ottenere l'andamento globale degli stessi nel *testing set*, quindi senza tenere più conto né della causa di morte né del genere. Pertanto, l'andamento in termini logaritmici risulta essere il seguente:

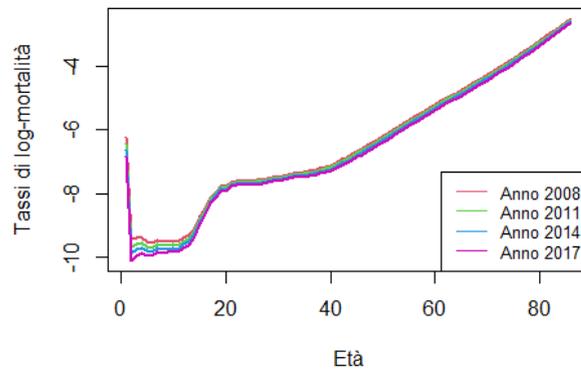


Figura 4.11. Tassi di log-mortalità totali nel *testing set*.

Di seguito, si riporta l'andamento, sempre decrescente, dell'indice di periodo κ_t (al variare dell'anno di calendario t) rinvenuto per il modello Lee-Carter applicato ai tassi di mortalità totali.

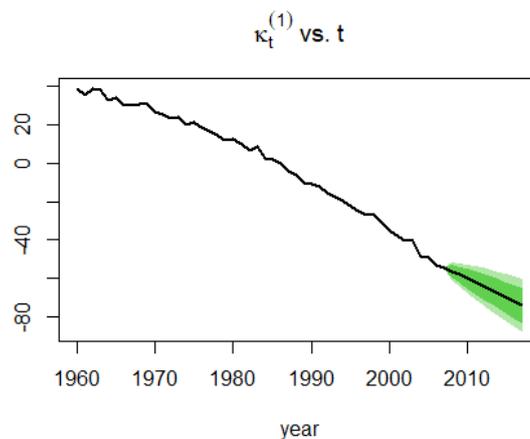


Figura 4.12. Previsioni dell'indice di periodo κ_t per il modello Lee-Carter applicato alla popolazione italiana di età 0-85 anni nel periodo 2008-2017; l'area verde rappresenta l'intervallo di confidenza al 95%.

In seguito, si procede nuovamente con la costruzione della *summing-matrix* (3.1.1) in modo analogo a quella per il modello APC; per sommare i tassi di mortalità maschili e quelli femminili, occorre pesarli per i cosiddetti rapporti di prevalenza, divisi per età x e per anno di calendario t ; su detti rapporti, saranno poi effettuate previsioni con un modello di serie storiche ARIMA e utilizzando il BIC come criterio di selezione. In particolare, si prevede la percentuale di esposte al rischio femmine

poiché anche in tal caso l'errore di previsione è minore; per ottenere la percentuale di esposti al rischio maschi, si procede dunque per differenza rispetto all'unità.

A questo punto, si implementa una funzione che restituisce la *summing-matrix*, per procedere alla riconciliazione dal basso verso l'alto, ricavando quindi previsioni sui tassi di mortalità totali che siano coerenti con quelle distinte per singole cause di morte e per genere, in modo che la previsione aggregata di mortalità sia effettivamente la somma delle singole previsioni disaggregate.

Di seguito, si riportano le medie per età e per anno di proiezione degli errori MAPE, SMAPE ed RMSE rinvenute a seguito della procedura di riconciliazione dal basso verso l'alto con modello Lee-Carter e al netto della stessa, in relazione alla mortalità distinta per genere e alla mortalità complessiva:

	Riconciliati			Non riconciliati		
	Totali	Maschi	Femmine	Totali	Maschi	Femmine
MAPE	0.1687	0.2275	0.1173	0.1704	0.2188	0.1158
SMAPE	0.1452	0.1915	0.1075	0.1692	0.2198	0.1227
RMSE	0.0005	0.0012	0.0002	0.0004	0.0007	0.0003

Tabella 4.7. Media per età e per anno di proiezione degli errori MAPE, SMAPE ed RMSE riconciliati e non riconciliati per mortalità totale, maschile e femminile con modello Lee-Carter.

Dal confronto degli errori MAPE, SMAPE ed RMSE riportati nella suddetta tabella, emerge che la riconciliazione dal basso verso l'alto ha prodotto una riduzione degli errori MAPE totali, SMAPE totali, maschili e femminili; gli errori MAPE maschili e femminili non riconciliati sono lievemente più elevati rispetto a quelli riconciliati. Riguardo all'RMSE, invece, esso risulta essere migliore nel caso riconciliato solo in riferimento alla popolazione femminile.

Analizzando le stesse tipologie di errori ma distinguendo per classi di età, si ottengono i seguenti risultati:

Classi	0 – 25		26 – 50		51 – 75		76 – 85	
	Rec	Unrec	Rec	Unrec	Rec	Unrec	Rec	Unrec
MAPE	0.2716	0.3282	0.2020	0.1967	0.0752	0.0332	0.0518	0.0378
SMAPE	0.2294	0.3530	0.1691	0.1670	0.0718	0.0326	0.0500	0.0384
RMSE	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	0.0008	0.0004	0.0024	0.0024

Tabella 4.8. Media per età e per anno di proiezione degli errori MAPE, SMAPE ed RMSE totali riconciliati e non riconciliati per mortalità totale, distinti per classi di età con modello Lee-Carter.

Si osserva come gli errori MAPE e SMAPE riconciliati siano inferiori a quelli non riconciliati sono in riferimento alla prima classe di età considerata, e con una lieve differenza solo nel caso della seconda classe di età. Riguardo alle ultime due classi, detti errori sono comunque bassi, anche se quelli riconciliati non superano quelli non riconciliati.

Gli errori RMSE, invece, sono uguali per le prime due classi di età e per l'ultima.

4.6 Analisi degli indicatori di longevità e di variabilità

Terminata la procedura di *bottom-up reconciliation* e proiettati i tassi di mortalità riconciliati totali con il modello APC e con il modello Lee-Carter, si prosegue con la costruzione di tre tavole di mortalità e con il calcolo dei relativi indicatori di longevità e di variabilità di fondamentale importanza: l'aspettativa di vita alla nascita, gli anni di vita persi a causa della morte e l'indice di entropia di Leser-Keyfitz, rispettivamente, in modo da inquadrare e approfondire ulteriormente l'esperienza di mortalità italiana e il *longevity risk*.

A tal fine, occorre innanzitutto costruire una serie di tavole di mortalità apposite, che descrivano la graduale uscita dallo stato iniziale degli appartenenti a una generazione a causa dell'evento morte, avvalendosi di tassi di mortalità osservati, tassi di mortalità riconciliati proiettati con modello APC e tassi di mortalità riconciliati proiettati con modello Lee-Carter. Nel caso in esame, l'età iniziale è pari a 0 anni, mentre quella estrema è uguale a 85 anni, che chiude il processo; perciò, si tratta di una tavola di mortalità troncata. Per convenzione, si pone il numero iniziale di sopravvissuti all'età $x = 0$ pari a 100 000, che indica la cosiddetta radice della tavola, cioè l'ammontare iniziale della generazione all'età zero.

Riguardo ai decessi, non si utilizzano dati reali ma quantità teoriche calcolate nell'ipotesi che la generazione inizi con $l_{0,t} = 100\,000$ nati $\forall t$, per $x = 0, \dots, \omega$, con ω che rappresenta l'età estrema - pari, in tal caso, a 85 anni - e per $t = 2008, \dots, 2017$.

Pertanto, solamente le probabilità di morte (determinate in virtù della relazione 3.8 a partire dai diversi tassi di mortalità) sono dati reali, poiché provengono dall'esterno, ossia in tal caso dalla mortalità osservata e dalla riconciliazione dal basso verso l'alto con modello APC e con modello Lee-Carter.

Allora, i decessi teorici della tavola di mortalità, per $x = 0$ e $\forall t$, sono trovati come segue:

$$d_{0,t} = q_{0,t} \cdot l_{0,t}$$

In seguito, si implementa una procedura iterativa che consenta di ricavare i decessi e i sopravvivenuti della tavola fino a 85 anni:

$$l_{1,t} = l_{0,t} - d_{0,t}$$

$$d_{1,t} = q_{1,t} \cdot l_{1,t}$$

$$l_{2,t} = l_{1,t} - d_{1,t}$$

$$d_{2,t} = q_{2,t} \cdot l_{2,t}$$

$$\vdots$$

e così via, dove:

- $q_{x,t}$ = probabilità di morte nell'intervallo $[x, x + 1)$ nell'anno di calendario t ;
- $l_{x,t}$ = numero di sopravvivenuti all'età (esatta) x nell'anno di calendario t , cioè al momento in cui compiono gli anni;
- $d_{x,t}$ = numero di decessi nell'intervallo $[x, x + 1)$ nell'anno di calendario t .

Dopo aver completato la tavola con le tre serie fondamentali, occorre determinare ulteriori costanti biometriche per il calcolo degli indicatori di longevità e di variabilità, tra cui il numero di persone anno, la retrocumulata degli anni vissuti, l'età media alla morte, le probabilità di sopravvivenza. In particolare, occorre ricavare le suddette grandezze a partire da tre diversi tassi di mortalità:

- $m_{oss}(x, t)$: tassi di mortalità aggregati per il *testing set*;
- $m_{rec}^{APC}(x, t)$: tassi di mortalità riconciliati, proiettati con il modello *Age-Period-Cohort* per il *testing set*;
- $m_{rec}^{LC}(x, t)$: tassi di mortalità riconciliati, proiettati con il modello Lee-Carter per il *testing set*;

In seguito, si costruiscono tre tavole di mortalità distinte, ognuna a partire dai suddetti tassi di mortalità, e si procede al calcolo dell'aspettativa di vita alla nascita,

degli anni di vita persi a causa della morte e dell'indice di entropia di Leser-Keyfitz per ciascuna tavola, in modo da poter effettuare confronti in termini di errori MAPE, SMAPE ed RMSE.

4.6.1 Aspettativa di vita alla nascita

Si calcolano gli errori MAPE, SMAPE ed RMSE per l'aspettativa di vita alla nascita calcolata a partire da tassi di mortalità osservati e da tassi di mortalità proiettati con modello APC e con modello Lee-Carter (entrambi riconciliati), per i quali si riscontra il seguente andamento negli anni considerati per il *testing set*:

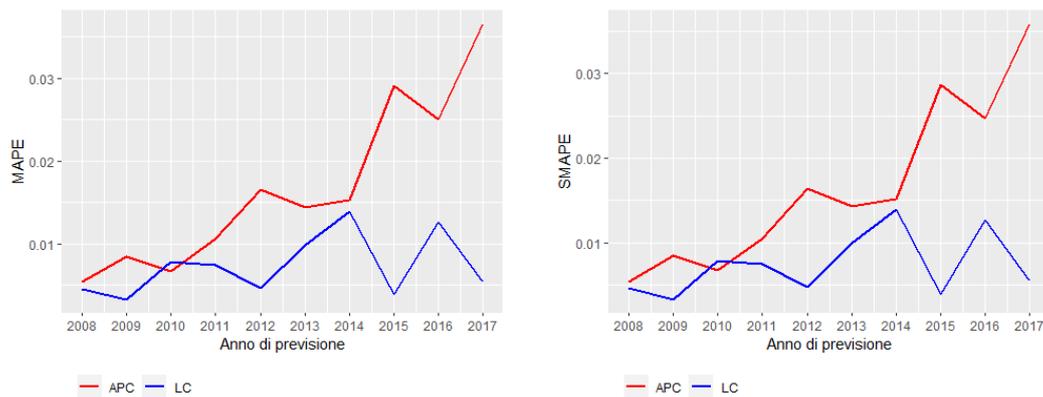


Figura 4.13. Errori MAPE e SMAPE per l'aspettativa di vita alla nascita con modello APC e con modello Lee-Carter.

Si registra un andamento simile tra errori MAPE e SMAPE per l'aspettativa di vita alla nascita negli anni considerati per il *testing set*.

In particolare, l'errore MAPE calcolato rispetto all'aspettativa di vita alla nascita risultante da tassi di mortalità proiettati con modello APC e riconciliati raggiunge il minimo nel 2008, essendo pari allo 0.54%, e il massimo nel 2017, essendo pari al 3.65%.

Differentemente, si osserva per gli errori MAPE calcolati rispetto all'aspettativa di vita alla nascita derivante da tassi di mortalità proiettati con modello Lee-Carter e riconciliati; infatti, in tal caso gli errori sono sempre inferiori rispetto ai precedenti. Nello specifico, il minimo è raggiunto nel 2009, in cui il MAPE è pari allo 0.33%, e il massimo nel 2014, in cui è pari all' 1.38%.

Riguardo agli errori SMAPE calcolati rispetto all'aspettativa di vita alla nascita risultante da tassi di mortalità proiettati con modello APC e riconciliati, si registra il valore minimo nel 2008, pari allo 0.53% e il valore massimo nel 2010, pari al 3.58%. Invece, per il modello Lee-Carter si osserva il minimo nel 2009 pari allo 0.33% e il massimo nel 2014 con 1.39%.

Di seguito, si riporta l'andamento degli errori RMSE per l'aspettativa di vita alla nascita calcolata a partire da tassi di mortalità proiettati con modello APC e con modello Lee-Carter (entrambi riconciliati):

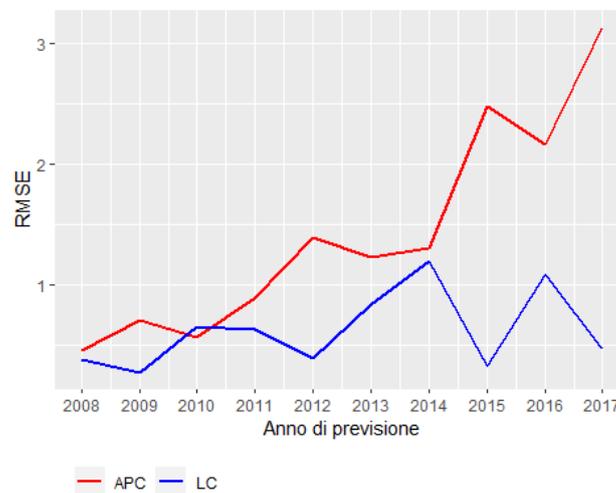


Figura 4.14. Errori RMSE per l'aspettativa di vita alla nascita con modello APC e con modello Lee-Carter.

Nel caso del modello APC, si osserva il minimo nel 2008, in cui l'RMSE è pari a 0.45, e il massimo nel 2017, in cui è pari a 3.13.

Nel caso del modello Lee-Carter, invece, si segnala che il minimo si raggiunge nel 2008, in cui è pari a 0.38, e il massimo nel 2014, in cui è pari a 1.19.

4.6.2 Anni di vita persi

Si reitera il calcolo delle medesime tipologie di errori per gli anni di vita persi a causa della morte, calcolati a partire da tassi di mortalità osservati e da tassi di mortalità proiettati con modello APC e con modello Lee-Carter (entrambi riconciliati).

Anche in tal caso si registra un andamento simile tra errori MAPE e SMAPE per gli anni di vita persi a causa della morte negli anni considerati per il *testing set*.

In particolare, si ha:

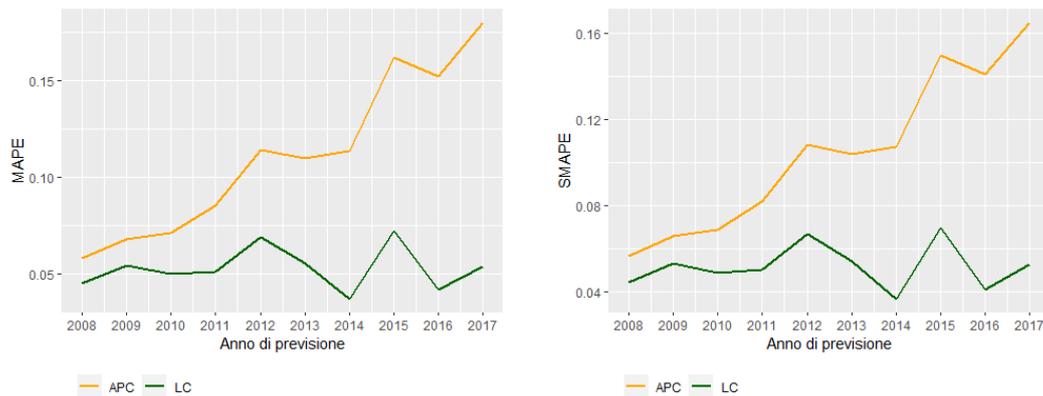


Figura 4.15. Errori MAPE e SMAPE per gli anni di vita persi a causa della morte con modello APC e con modello Lee-Carter.

Riguardo agli errori MAPE calcolati rispetto agli anni di vita persi risultanti da tassi di mortalità proiettati con modello APC e riconciliati, si registra il valore minimo nel 2008, in cui l'errore è pari al 5.82%, e il valore massimo nel 2017, in cui raggiunge il 17.98%.

Per il modello Lee-Carter, invece, si osserva il valore più basso, pari al 3.73%, nel 2014 e il valore più elevato nell'anno successivo, in cui l'errore arriva al 7.22%.

Riguardo agli errori SMAPE calcolati rispetto agli anni di vita persi risultanti da tassi di mortalità proiettati con modello Lee-Carter e riconciliati, nel 2014 esso raggiunge il minimo, essendo pari al 3.66%, e il massimo nel 2015, in cui è pari al 6.97%.

Nel caso del modello APC, si registra il minimo nel 2008, che raggiunge il 5.65% e il massimo nel 2017, essendo esso pari al 16.49%.

Di seguito, si riporta l'andamento degli errori RMSE per gli anni di vita persi a causa della morte calcolati a partire da tassi di mortalità proiettati con modello APC e con modello Lee-Carter (entrambi riconciliati):

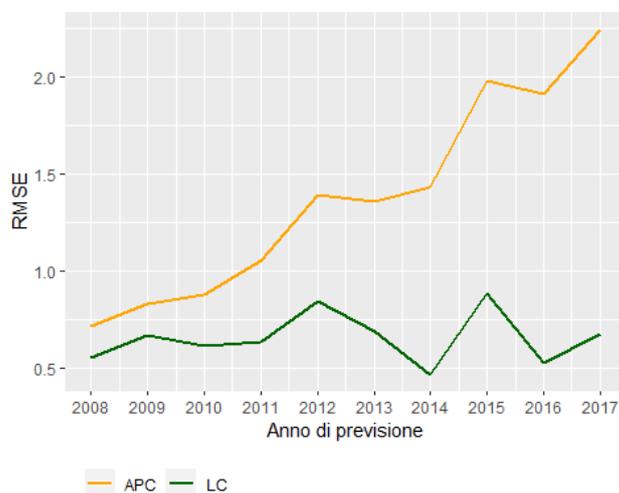


Figura 4.16. Errori RMSE per gli anni di vita persi a causa della morte con modello APC e con modello Lee-Carter.

Nel caso del modello APC, si evidenzia che il valore minimo è raggiunto nel 2008, in cui è pari l'RMSE è pari a 0.71, e che il massimo si osserva nel 2017, in cui è pari a 2.24.

Nel caso del modello Lee-Carter, invece, esso ammonta almeno a 0.47 nel 2014 e al più a 0.88 nel 2015.

4.6.3 Entropia

In conclusione, si procede al calcolo delle stesse tipologie di errori per l'indice di entropia di Leser-Keyfitz calcolato a partire da tassi di mortalità osservati e da tassi di mortalità proiettati con modello APC e con modello Lee-Carter (entrambi riconciliati).

Anche in tal caso si registra un andamento simile tra errori MAPE e SMAPE per l'indice di entropia negli anni considerati per il *testing set*.

In particolare, si osserva il seguente andamento:

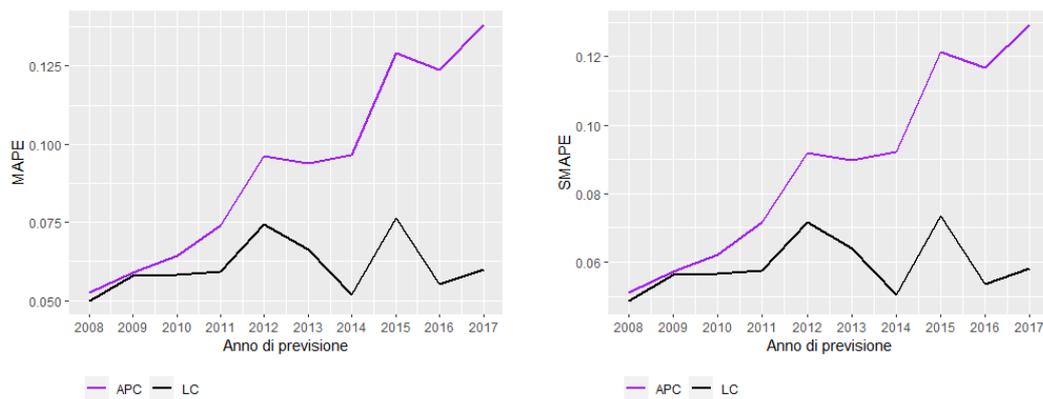


Figura 4.17. Errori MAPE e SMAPE per l'indice di entropia con modello APC e con modello Lee-Carter.

Riguardo agli errori MAPE calcolati rispetto all'indice di entropia risultante da tassi di mortalità proiettati con modello APC e riconciliati, si registra il valore minimo, pari al 5.25%, nel 2008 e il valore massimo, pari al 13.82%, nel 2017.

Nel caso del modello Lee-Carter, invece, si osserva il minimo nel 2008, essendo l'errore pari al 5%, e il massimo nel 2015, in cui raggiunge il 7.63%.

Riguardo agli errori SMAPE calcolati rispetto all'indice di entropia risultante da tassi di mortalità proiettati con modello APC e riconciliati, si nota che esso raggiunge il minimo nel 2008, in cui è pari al 5.11%, e il massimo nel 2017, in cui tocca il 12.92%.

Nel caso del modello Lee-Carter, invece, il minimo è pari al 4.87% nel 2008 e il massimo al 7.35% nel 2015.

Di seguito, si riporta l'andamento degli errori RMSE per l'indice di entropia calcolato a partire da tassi di mortalità proiettati con modello APC e con modello Lee-Carter (entrambi riconciliati):

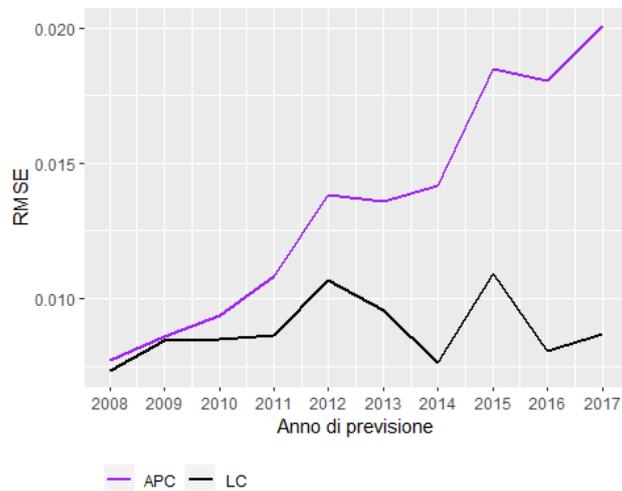


Figura 4.18. Errori RMSE per l'indice di entropia con modello APC e con modello Lee-Carter.

Nel caso del modello APC, si nota che il minimo è raggiunto nel 2008, in cui l'RMSE è pari a 0.0077 e che il massimo si registra nel 2017, in cui raggiunge 0.02. Riguardo al modello Lee-Carter, invece, si segnala che l'RMSE raggiunge il minimo nel 2008, essendo pari a 0.0073, e il massimo nel 2015, in cui è pari a 0.01.

Capitolo 5

Conclusioni

Il presente studio si è posto l'obiettivo di analizzare un approccio emergente di riconciliazione delle previsioni dei tassi di mortalità italiani, a partire da quelli distinti per causa di decesso e per genere, soffermandosi sui risvolti pratici che esso produce in riferimento alle previsioni dei tassi di mortalità complessivi e per genere effettuate con modello APC e con modello Lee-Carter, rispetto alla tipica aggregazione indipendente dei tassi di mortalità comunemente effettuata.

In generale, detto approccio risulta necessario in quanto è improbabile che le previsioni proiettate indipendentemente a diversi livelli si sommino coerentemente con la struttura gerarchica sottostante le serie temporali, e in tal senso la riconciliazione si configura come un metodo atto a ridurre la discrepanza derivante da previsioni contrastanti e finalizzato a non rinunciare all'informazione maggiormente dettagliata proveniente dai tassi di mortalità specifici per causa.

Infatti, la riconciliazione dei tassi di mortalità nel *testing set* produce errori di previsioni MAPE, SMAPE ed RMSE, riferiti alla mortalità totale, nettamente inferiori rispetto a quelli rinvenuti nel caso non riconciliato (sia con modello APC sia con modello Lee-Carter), mostrandosi dunque come uno strumento valido per lo studio dell'esperienza di mortalità aggregata in Italia.

Al fine di stabilire quale tra i più svariati modelli di proiezione della mortalità sia opportuno implementare per proiettare la mortalità per causa nel contesto della riconciliazione dal basso verso l'alto, un risultato sintetico si è identificato con il calcolo di un indicatore di longevità e di due indicatori di variabilità che caratterizzano le tavole di mortalità, ossia l'aspettativa di vita alla nascita, gli anni di vita persi a causa della morte e l'entropia di Leser-Keyfitz, rispettivamente; alla luce degli stessi, calcolati a partire da previsioni riconciliate di tassi di mortalità ricavate con modello APC e con modello Lee-Carter, si potrà stabilire quale dei due performi meglio.

Da un'analisi degli errori MAPE, SMAPE ed RMSE in relazione agli indicatori calcolati a partire da previsioni di tassi di mortalità ricavate con modello APC e con modello Lee-Carter e riconciliate, risulta che il secondo sembra essere il candidato più performante.

Dunque, in virtù dei risultati ottenuti, aggregare le proiezioni dei tassi di mortalità per causa (effettuate con il modello Lee-Carter) e per mezzo della riconciliazione dal basso verso l'alto rappresenta una valida alternativa rispetto ai metodi tradizionalmente impiegati in ambito previdenziale, attuariale e demografico per la proiezione dei futuri tassi di mortalità.

Bibliografia

- [1] Aburto J. M., van Raalte A., "*Lifespan Dispersion in Times of Life Expectancy Fluctuation: The Case of Central and Eastern Europe.*", *Demography* 1 December 2018; 55 (6): 2071–2096.
- [2] Caselli G., Vallin J., Wunsch G., "*Demografia: la Dinamica delle Popolazioni*", Carocci, 2001.
- [3] Galluzzo L., Gandin C., Ghirini S., Scafato E., "*L'Invecchiamento della Popolazione: Opportunità o Sfida?*", Centro Nazionale di Epidemiologia, Sorveglianza e Promozione della Salute, Istituto Superiore di Sanità, Aprile 2012.
- [4] Girosi F., King G., "*Understanding the Lee-Carter Mortality Forecasting Method*", 2007, <https://gking.harvard.edu/files/abs/lc-abs.shtml>.
- [5] Hyndman R. J., Ahmed R. A., Athanasopoulos G., Lin Shang H., "*Optimal Combination Forecasts for Hierarchical Time Series*", *Computational Statistics and Data Analysis*, No. 55, March 2011, pp. 2579-2589.
- [6] ISTAT, Report "*Indicatori Demografici Anno 2022*", 7 April 2023.
- [7] Lee R. D., Carter L. R., "*Modeling and Forecasting U.S. Mortality*", *Journal of the American Statistical Association*, Vol. 87, No. 419, September 1992, pp. 659-671.
- [8] Li Han, "*Examining the Oldest-Old Mortality in the U.S.: a Forecast Reconciliation Approach*", Article from 2020 Living to 100 Call for Essays (Society of Actuaries), April 2020.
- [9] Li Han, Hyndman R. J., "*Assessing Mortality Inequality in the U.S.: What can be said about the future?*", *Insurance: Mathematics and Economics*, No. 99, March 2021, pp. 152-162.
- [10] Li Han, Li Hong, Lu Yang, Panagiotelis A., "*A Forecast Reconciliation Approach to Cause-of-Death Mortality Modeling*", *Insurance: Mathematics and Economics*, No. 86, March 2019, pp. 122-133.

-
- [11] Li Han, Tang, Q., "*Analyzing Mortality Bond Indexes via Hierarchical Forecast Reconciliation*", *ASTIN Bulletin: The Journal of the IAA*, 49(3), 823-846. doi:10.1017/asb.2019.19
- [12] Nigri A., Aburto J. M., Basellini U., Bonetti M., "*Evaluation of Age-Specific Causes of Death in the Context of the Italian Longevity Transition*", *Sci Rep* 12, 22624 (December 2022).
- [13] Nigri A., Barbi E., Levantesi S., "*The Relationship between Longevity and Lifespan Variation*", *Statistical Methods & Applications* 31, pp. 481–493 (July 2022).
- [14] Panagiotelis A., Athanasopoulos G., Gamakumara P., Hyndman R. J., "*Forecast Reconciliation: a Geometric View with New Insights on Bias Correction*", *International Journal of Forecasting*, No. 37, 2021, pp. 343-359.
- [15] Permanyer I., Spijker J., Blanes A., "*On the Measurement of Healthy Lifespan Inequality*." *Popul Health Metrics* 20, 1 (2022).
- [16] Pitacco E., *Matematica e Tecnica Attuariale delle assicurazioni sulla durata di vita*, Lint, Trieste, 2000.
- [17] Van Raalte A., Sasson I., Martikainen P., "*The Case for Monitoring Life-Span Inequality*", *Science* 362(6418), 2018.
- [18] Villegas A. M., Millossovich P., Kaishev V. K., "*StMoMo: an R Package for Stochastic Mortality Modeling*", Version 0.4.1, October 2022.
- [19] Wickramasuriya S. L., Athanasopoulos G., Hyndman R. J., "*Optimal Forecast Reconciliation for Hierarchical and Grouped Time Series Through Trace Minimization*", *Journal of the American Statistical Association*, Vol. 114, No. 526, October 2018, pp. 804-819.