

Doble Grado en Estadística y Economía UPC-UB

Título: Proyecciones de mortalidad para España: impacto en las primas de seguros de vida

Autor: Eric Llorca Capote

Directores: Ana María Pérez Marín y Miguel Angel Santolino Prieto

Departamento: Econometría, Estadística y Economía Aplicada

Convocatoria: Enero 2021



UNIVERSITAT DE
BARCELONA



UNIVERSITAT POLITÈCNICA DE CATALUNYA
BARCELONATECH

Facultat de Matemàtiques i Estadística

Agradecimientos

A mis profesores tutores Ana María Pérez Marín y Miguel Angel Santolino Prieto por supervisar mi trabajo de forma humilde.

A mis profesores del doble grado de economía y estadística de la UB-UPC por proporcionarme sus conocimientos y sabiduría.

A mis compañeros por hacer que mi paso por la universidad haya sido enriquecedor tanto de manera académica como personal.

A mis padres por apoyarme siempre de manera incondicional.

A mi familia y amigos por valorarme como soy.

Resumen

En este trabajo se estiman los modelos Lee-Carter y Renshaw-Haberman con los datos de mortalidad de España. Gracias a las medidas de bondad de ajuste AIC y BIC, se ha observado que el modelo Renshaw-Haberman presenta un mejor ajuste de los datos.

Se han construido las tablas de mortalidad para dos escenarios diferentes, uno para hombres y otro para mujeres, y se han calculado las primas en seguros de vida.

Finalmente, se han comparado los resultados obtenidos para España con los datos de mortalidad de Chile.

Palabras clave: tasas de mortalidad, Modelo Lee-Carter, modelo Renshaw-Haberman, primas de seguros de vida, bondad de ajuste, distribución Poisson, distribución Binomial

Abstract

Mortality projections for Spain: impact on life insurance premiums

In this paper, the Lee-Carter and Renshaw-Haberman models are estimated with the mortality data from Spain. The number of deaths is followed two different discrete distributions: the Poisson distribution and the Binomial distribution.

With the measures of goodness of fit AIC and BIC, it has been observed that the Renshaw-Haberman model presents a better fit of the data. In addition, they have also been compared by measuring the error between the number of deaths observed and the estimate with the root of the mean square error and with the mean absolute percentage error.

The forecasts generated by the models were also compared and later mortality tables have been constructed for two different scenarios, one for men and the other for women, and life insurance premiums have been calculated. These estimated premiums were in turn compared to those obtained using the PASEM 2010 mortality table which is the mortality table are used in the spanish actuarial field since 2010.

Finally, the results obtained for Spain have been compared with the mortality data for Chile. The starting point was different and consequently only the characteristics have been compared. The model that best fits the mortality data for Spain and Chile is the Renshaw-Haberman model.

Key words: Mortality rates, Lee-Carter model, Renshaw-Haberman model, life insurance premiums, goodness of fit, Poisson distribution, Binomial distribution

Clasificación AMS: *37M10 Time series analysis*

Índice

1. Introducción.....	1
2. Metodología.....	2
2.1 Modelos de mortalidad estocástica GAPC	3
2.2 Modelo Lee-Carter	4
2.3 Modelo Renshaw-Haberman	5
3. Estimación de los modelos	6
3.1 Evolución de la mortalidad en España	6
3.2 Estimación del modelo Lee-Carter.....	7
3.3 Estimación del modelo Renshaw-Haberman	11
3.4 Comparación entre modelos estimados.....	15
3.4.1 El criterio de información Akaike (AIC).....	15
3.4.2 El criterio de información Bayesiano (BIC).....	16
3.4.3 La raíz del error cuadrático medio (RECM).....	17
3.4.4 El error porcentual absoluto medio (EPAM).....	18
4. Pronósticos de tasas de mortalidad	19
5. Estadística actuarial.....	22
5.1 Escenario 1	23
5.2 Escenario 2	25
5.3 Cálculo de primas puras para ambos escenarios	26
6. Comparativa España con Chile	28
6.1 Comparativa con los criterios de información AIC y BIC	28
6.2 Comparativa con las medidas de error RECM y EPAM.....	29
6.3 Primas puras.....	30

7. Conclusiones.....	32
Referencias.....	33
Anexos.....	34
Tabla PASEM 2010	34
Códigos de R.....	37

Índice de gráficos

Gráfico 1: Tasa central de mortalidad para hombres y mujeres de España entre los años 1975 y 20186	
Gráfico 2: Estimación de los parámetros del modelo Lee-Carter	7
Gráfico 3: Desviance residual estandarizada según edad, año calendario y año de nacimiento para hombres y mujeres del modelo Lee-Carter con distribución Poisson	9
Gráfico 4: Desviance residual estandarizada según edad, año calendario y año de nacimiento para hombres y mujeres del modelo Lee-Carter con distribución Binomial	10
Gráfico 5: Estimación de los parámetros del modelo Renshaw-Haberman.....	11
<i>Gráfico 6: Desviance residual estandarizada según edad, año calendario y año de nacimiento para hombres y mujeres del modelo Renshaw-Haberman con distribución Poisson.....</i>	<i>13</i>
Gráfico 7: Desviance residual estandarizada según edad, año calendario y año de nacimiento para hombres y mujeres del modelo Renshaw-Haberman con distribución Binomial.....	14
Gráfico 8: Pronóstico del efecto de período para hombres y mujeres con horizonte 50 años para el modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Poisson	19
Gráfico 9: Pronóstico del efecto de cohorte para hombres y mujeres con horizonte 50 años para el modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Poisson	20
Gráfico 10: Pronóstico del efecto de período para hombres y mujeres con horizonte 50 años para el modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Binomial	21
Gráfico 11: Pronóstico del efecto de cohorte para hombres y mujeres con horizonte 50 años para el modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Binomial.....	21
Gráfico 12: Escenario 1. Comparación de tasas de mortalidad para un hombre de España que en 2018 tiene 65 años según el modelo Renshaw-Haberman y la tabla PASEM2010.....	24

Gráfico 13: Comparación de tasas de mortalidad para una mujer de España que en 2018 tiene 65 años según el modelo Renshaw-Haberman y la tabla PASEM201026

Índice de tablas

Tabla 1: Valores AIC del modelo Lee-Carter y del modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes tiene una distribución Poisson y asumiendo que tiene una distribución Binomial para datos de mortalidad de hombres y mujeres de España	16
Tabla 2: Valores BIC del modelo Lee-Carter y del modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes tiene una distribución Poisson y asumiendo que tiene una distribución Binomial para datos de mortalidad de hombres y mujeres de España	16
Tabla 3: ECM para los modelos estimados con datos de mortalidad de España	17
Tabla 4: EPAM para los modelos estimados con datos de mortalidad de España	18
Tabla 5: Escenario 1. Comparación de tablas de mortalidad-supervivencia para un hombre que en el año 2009 tiene 65 años	23
Tabla 6: Escenario 2. Comparación de tablas de mortalidad-supervivencia para una mujer que en el año 2009 tiene 65 años	25
Tabla 7: Valor actual actuarial en el seguro de vida pagadero al final del año de fallecimiento	27
Tabla 8: Valores AIC del modelo Lee-Carter y del modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muerte sigue una distribución Binomial y una distribución Poisson, ajustado para datos de mortalidad para hombres y mujeres de España y Chile	28
Tabla 9: Valores BIC del modelo Lee-Carter y del modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muerte sigue una distribución Binomial y una distribución Poisson, ajustado para datos de mortalidad para hombres y mujeres de España y Chile	29
Tabla 10: ECM para los modelos estimados con datos de mortalidad con distribución Binomial de España y Chile	29
Tabla 11: EPAM para los modelos estimados con datos de mortalidad con distribución Binomial de España y Chile	30
Tabla 12: Escenario 1 para España y Chile	31

Tabla 13: Escenario 2 para Chile y España31

1. Introducción

España es de los más países con más esperanza de vida del mundo. En 1991, la esperanza de vida de los hombres es de 73,1 y, en cambio, de las mujeres de 80,6. Se puede observar como la esperanza de vida ha aumentado ya que en 2018 los hombres viven un promedio de 80,5 años y las mujeres 86,2 años. El envejecimiento de la población ha afectado a los actuarios, por ejemplo, para calcular primas de seguro de vida o rentas vitalicias.

He realizado este trabajo ya que quería adquirir más conocimientos en relación con la estadística actuarial. Encuentro el mundo actuarial muy interesante ya que interviene la estadística en un entorno económico.

En este trabajo se comenzará hablando de los dos modelos de mortalidad estocástica edad-período-cohorte generalizados GAPC que son el modelo Lee-Carter (1992) y el modelo Renshaw-Haberman (2006). Posteriormente, se estimarán ambos modelos y se compararán los resultados obtenidos. Después se harán pronósticos de tasas de mortalidad en España que servirán para crear tasas de mortalidad en dos escenarios diferentes dónde se calcularán las primas puras para hombres y mujeres. Y finalmente, se compararán los datos de mortalidad de España con los datos de mortalidad de Chile (Moyano, 2020).

Los datos se obtienen desde la base de datos *The Human Mortality Database* y las librerías de R que se utilizarán son *demography*, *StMoMo* y *forescast*. Estas librerías son necesarias para la estimación de los modelos y hacer pronósticos.

Los objetivos de este trabajo son analizar la disponibilidad de bases de datos de mortalidad para España, ajustar las tasas de mortalidad, seleccionar que modelo ajusta mejor y posteriormente realizar las proyecciones. Además, calcular las primas de seguros de vida en dos escenarios y compararse los resultados con los datos de mortalidad de Chile.

Las hipótesis de este trabajo son conocer que modelo ajusta mejor los datos de mortalidad de hombres y mujeres de España. También se quiere saber si el modelo ajusta mejor asumiendo que el número de muertes tiene una distribución Poisson o tiene una distribución Binomial. Por último, si los datos de mortalidad de España y los datos de mortalidad de Chile presentan o no las mismas características.

2. Metodología

Las hipótesis, definiciones y notaciones que se utilizarán son aquellas que se utilizan en la bibliografía de ciencias actuariales (por ejemplo, Ayuso et al. (2007)).

El modelo biométrico gira entorno a una variable aleatoria que es la edad de fallecimiento donde se asume que los individuos forman un grupo homogéneo, en el sentido de que el comportamiento estadístico de su edad de fallecimiento es el mismo. Por lo tanto, se puede analizar a toda la población a partir de una muestra representativa e independiente. Esta hipótesis no suele cumplirse y, por eso, se suele estratificar por sexos.

El subíndice x hace referencia a la edad, y el subíndice t al año calendario. La variable aleatoria $D_{x,t}$ hace referencia al número de muertes en una población de edad x en el año calendario t .

El tanto instantáneo de fallecimiento o la fuerza de la mortalidad para un individuo se representa con $\mu_{x,t}$.

$$\mu_{x,t} = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{h q_{xt}}{h}$$

x : Edad del individuo

t : Año calendario

q_{xt} : Probabilidad de fallecimiento a un horizonte temporal de un año

h : Horizonte temporal

Cuando la h tiene valores bajos, la probabilidad de fallecer de este individuo entre el período t y $t + h$ es aproximadamente $\mu_{x,t} * h$.

La exposición al riesgo o la función censal de supervivencia $E_{x,t}$ es la media de individuos vivos a lo largo de la edad x en el año calendario t .

La exposición al riesgo inicial $E_{x,t}^0$ es la cantidad de individuos de edad x al inicio del año calendario t .

La exposición central al riesgo $E_{x,t}^C$ es la población viva a la mitad del año calendario t . (Macías y Santolino, 2018).

Para asumir que la mortalidad es uniforme a lo largo del año se tiene que cumplir que:

$$E_{x,t}^0 = E_{x,t}^C + 0.5 d_{x,t}$$

El número de fallecimientos de edad x se representa con $\mathbf{d}_{x,t}$.

La tasa central de mortalidad $\mathbf{m}_{x,t}$ es la razón entre el número de fallecimientos de edad x y la población viva a la mitad del año calendario t .

$$\mathbf{m}_{x,t} = \frac{\mathbf{d}_{x,t}}{E_{x,t}^c}$$

2.1 Modelos de mortalidad estocástica GAPC

En este trabajo se trabajarán los modelos de mortalidad estocástica edad-período-cohorte generalizados (GAPC por sus siglas en inglés). Un modelo de mortalidad estocástica GAPC tiene 4 componentes:

Componente aleatorio: El número de muertes $D_{x,t}$ sigue una distribución Poisson.

$$D_{x,t} \sim \text{Poisson}(E_{x,t}^c \mu_{x,t}) \text{ donde } \mu_{x,t} = E(D_{x,t} / E_{x,t}^c)$$

Componente sistemático:

$$\text{El predictor lineal } n_{x,t} = \alpha_x + \sum_{i=1}^N \beta_x(i) k_t(i) + \beta_x(0) y_{t-x}$$

Recoge los efectos de la edad x , del año calendario t y de la cohorte y_{t-x}

Componente de enlace: Una función de enlace g que relaciona la esperanza matemática de la variable dependiente con el predictor lineal $n_{x,t}$

Conjunto de restricciones: Para garantizar que haya una única estimación se aplican una serie de restricciones.

El tanto central de mortalidad $m_{x,t}$ para individuos de edad x en el año de calendario t se puede expresar como:

$$m_{x,t} = y_{x,t} / E_{x,t}$$

$y_{x,t}$ representa el número de fallecimientos a la edad x en el período t con $t = t_1 \dots t_n$
 $E_{x,t}$ es la función censal de supervivencia e indica la exposición al riesgo.

2.2 Modelo Lee-Carter

El modelo Lee-Carter (1992) se caracteriza por su sencillez y su robustez en situaciones donde las tasas logarítmicas de la mortalidad por edades específicas tienen una tendencia lineal. Es un modelo bilineal en las variables edad (x) y año calendario (t).

Normalmente se expresa en forma logarítmica:

$$\ln(m_{x,t}) = a_x + b_x k_t + e_{x,t}$$

a_x : parámetro independiente del tiempo que indica el patrón de mortalidad para cada una de las edades.

b_x : parámetro que representa las desviaciones de cambio de mortalidad para cada edad en relación con la tendencia global.

k_t : parámetro que captura la principal tendencia temporal, en escala logarítmica, en las tasas de mortalidad de todas las edades.

$e_{x,t}$: es el término de error, el cual refleja todos aquellos aspectos no recogidos por el modelo.

Para que el modelo tenga una única solución se ha de normalizar el modelo con una serie de restricciones:

$$\sum_x b_x = 1$$
$$\sum_{t=t_1}^{t_n} k_t$$

2.3 Modelo Renshaw-Haberman

El modelo Renshaw y Haberman (2006) es una extensión del modelo Lee-Carter ya que introduce el efecto de la cohorte y_{t-x} . El efecto de cohorte captura modificaciones en la mortalidad que una generación experimenta respecto a otras generaciones ya sean anteriores o posteriores. Estos cambios entre cohortes pueden ocurrir por guerras, pandemias, mejora en la calidad de vida de los ciudadanos...

El modelo se puede expresar como:

$$\ln(y_{x,t}) = a_x + b_x^0 y_{t-x} + b_x^1 k_t$$

Se considera que el parámetro b_x^0 es igual a 1.

Las restricciones del modelo Renshaw-Haberman son las mismas que del modelo Lee-Carter:

$$\sum_x b_x = 1$$

$$\sum_{t=t_1}^{t_n} k_t$$

3. Estimación de los modelos

En el capítulo 3 se estimaran los modelos Lee-Carter y Renshaw-Haberman utilizando dos librerías de R: *demography* y *StMoMo*.

3.1 Evolución de la mortalidad en España

En este apartado se describe la mortalidad en España y se estiman los modelos de Lee-Carter y Renshaw-Haberman. La base de datos se ha extraído de la web *The Human Mortality Database* www.mortality.org. Hay datos para edades entre 0 y 110 años, pero se ha decidido que el rango de estudio en todo el trabajo sea de 0 a 100 años ya que nos parece un rango más adecuado. El período temporal seleccionado ha sido de 1975 al último año disponible que es el 2018. Además, se diferencia según el sexo del individuo.

El gráfico 1 muestra el logaritmo de la tasa central de mortalidad según la edad para hombres y mujeres durante el período 1975-2018.

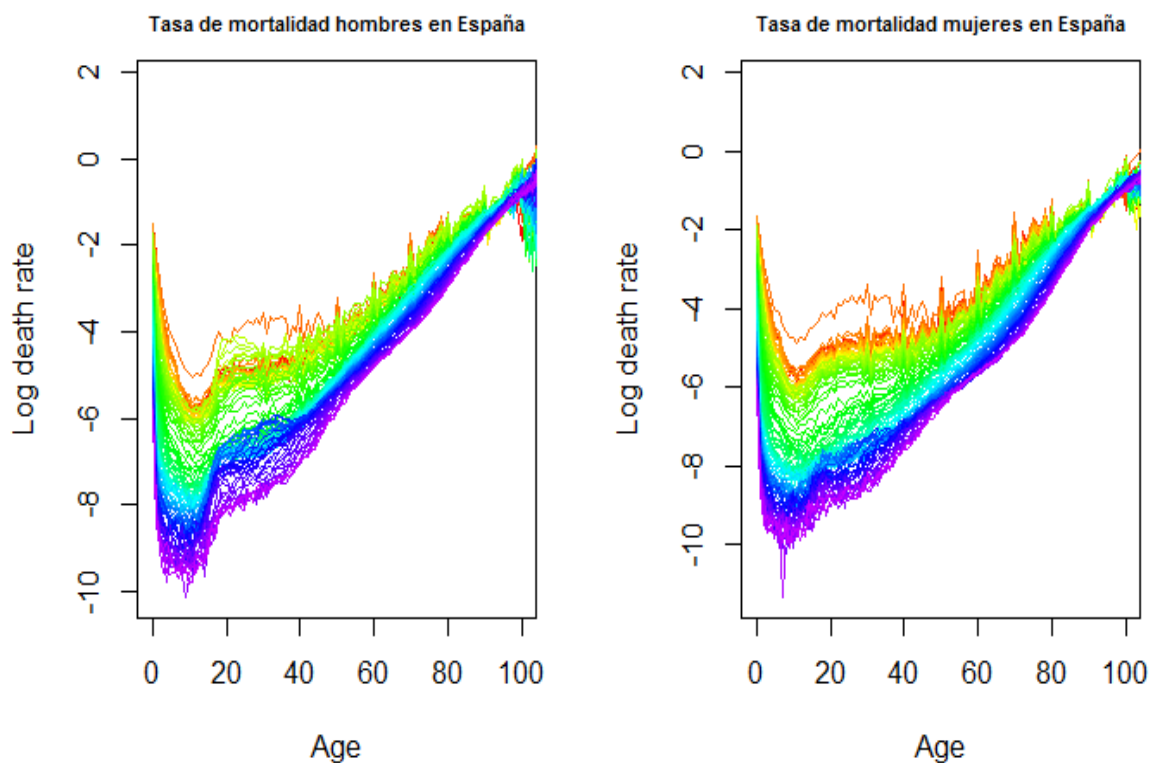


Gráfico 1: Tasa central de mortalidad para hombres y mujeres de España entre los años 1975 y 2018

En el gráfico 1 se puede observar como el comportamiento de la mortalidad es parecido entre hombres y mujeres. A pesar de la semejanza entre ambos gráficos, el valor central de mortalidad observado para los hombres es mayor al de las mujeres para todas las edades.

3.2 Estimación del modelo Lee-Carter

Como se ha dicho anteriormente, para trabajar los modelos de mortalidad GAPC se utilizaran las librerías StMomo y demography de R. A continuación, se ajustará el modelo Lee-Carter a los datos de mortalidad para hombres y mujeres de 0 a 100 años de España en el período 1975-2018. En primer lugar, se ajustará el modelo suponiendo que el número de muertes sigue una distribución Poisson y después suponiendo que el número de muertes sigue una distribución Binomial y finalmente se compararan los resultados.

El gráfico 2 refleja la estimación de los parámetros de Lee-Carter. El parámetro a_x muestra la media del tanto central de mortalidad según la edad (en logaritmos) para los hombres y mujeres de 0 a 100 años en España de 1975 a 2018. Se observa que la tasa de mortalidad disminuye de los recién nacidos hasta cumplir 10 años. Después aumenta progresivamente hasta los 100 años. Además, se observa que la mortalidad de los hombres es superior a la de las mujeres en todos los años, pero principalmente en las edades entre 15 y 35 años.

El parámetro b_x decrece a medida que pasan los años ya que con 0 años presenta valores aproximadamente de 0.01 y a los 110 años de 0. El valor de b_x para las edades entre 0 y 55 años es mayor para los hombres. En cambio, para las edades entre 55 y 100 es mayor para las mujeres.

El parámetro k_t disminuye para ambos sexos desde el 1975 al 2018. Por lo tanto, se aprecia que la mortalidad aumenta con la edad y disminuye con el año calendario.

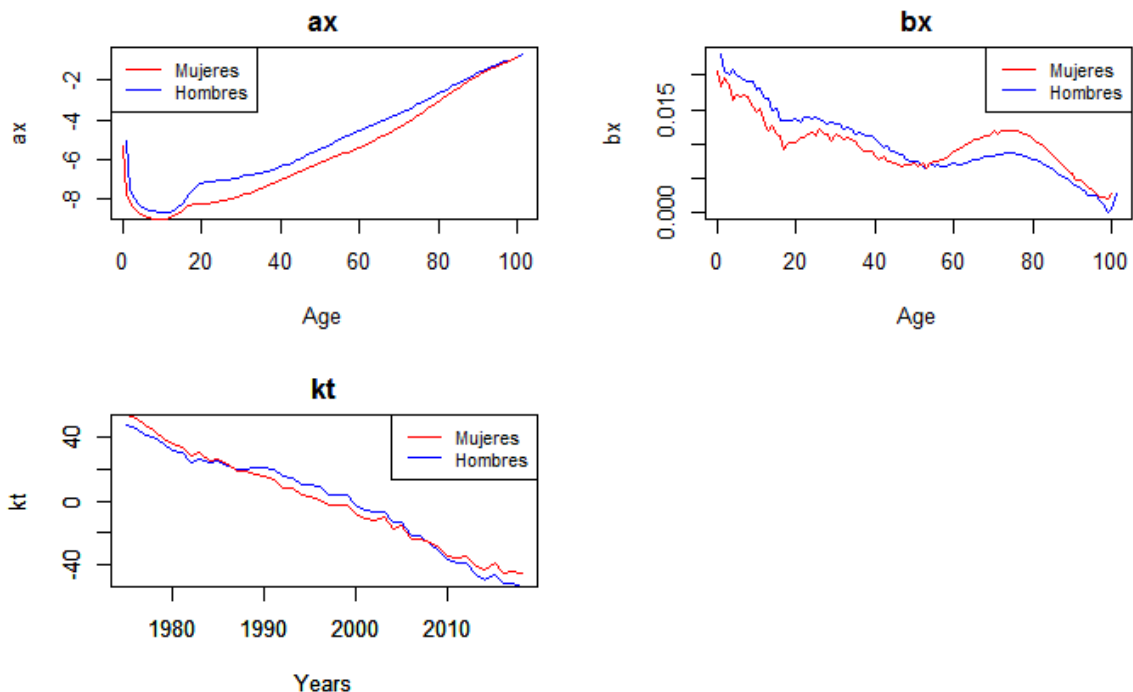


Gráfico 2: Estimación de los parámetros del modelo Lee-Carter

Se analizarán los supuestos del modelo mediante el diagnóstico de los residuos del modelo ajustado. Los patrones regulares en los residuos indican la incapacidad del modelo para describir todas las características de los datos de manera adecuada (Villegas et al., 2017).

El gráfico 3 presenta la desviación residual estandarizada según edad, año calendario y año de nacimiento del modelo Lee-Carter con distribución Poisson por sexo. Se puede apreciar un patrón de comportamiento ya que hay muchos residuos que no se encuentran en el intervalo $[-2, 2]$. Para que un modelo ajustará de manera adecuada tendría que estar la mayoría de los residuos en el intervalo $[-2, 2]$.

El gráfico 4 presenta la desviación residual estandarizada según edad, año calendario y año de nacimiento del modelo Lee-Carter con distribución Binomial por sexo. Se puede observar las mismas características que en el gráfico 3 ya que la mayoría de los residuos no se encuentran en el intervalo $[-2, 2]$.

Por lo tanto, los residuos del modelo Lee-Carter independientemente de si el número de muertes sigue una distribución Poisson o Binomial presentan algunos patrones de comportamiento.

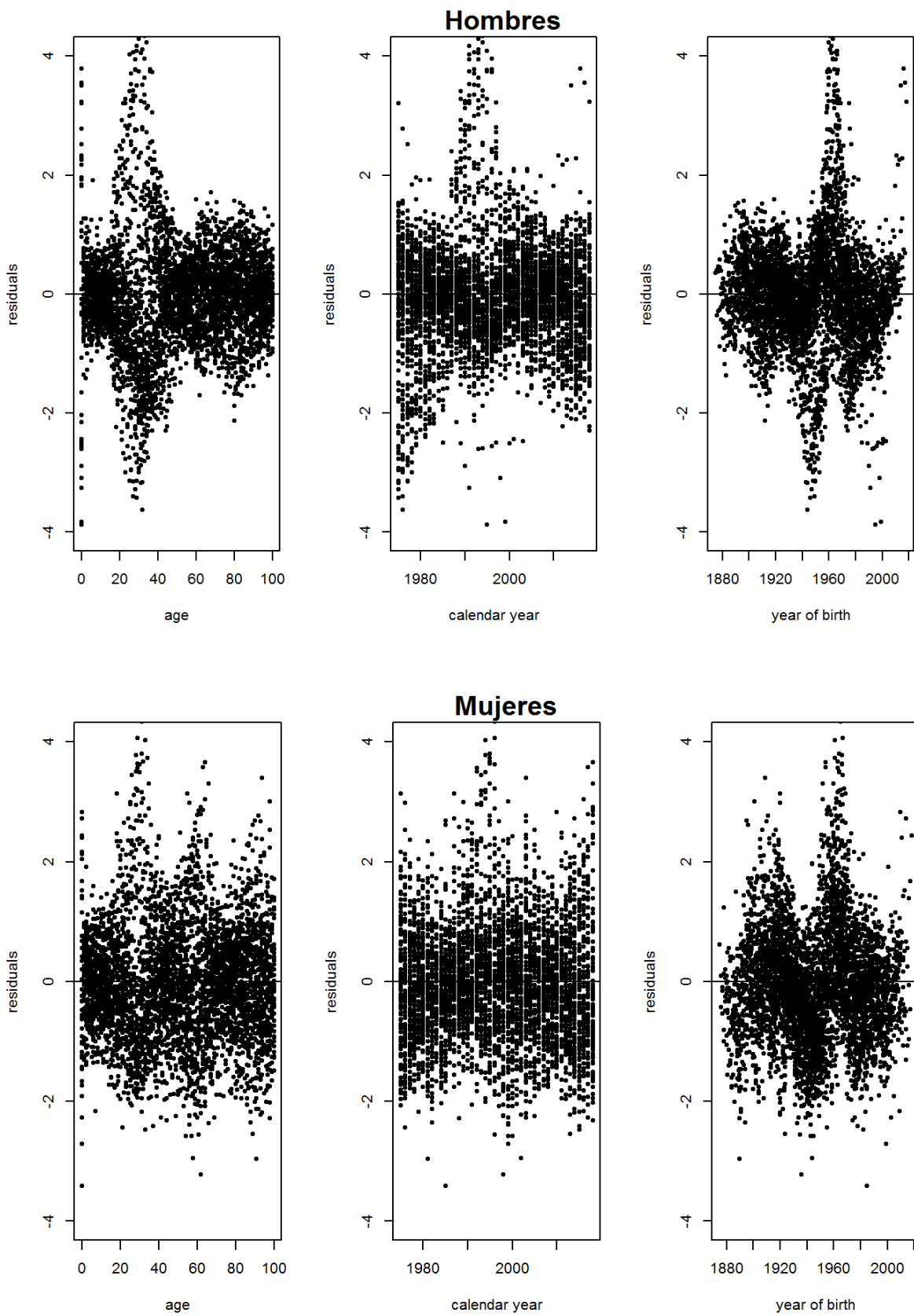


Gráfico 3: Desviación residual estandarizada según edad, año calendario y año de nacimiento para hombres y mujeres del modelo Lee-Carter con distribución Poisson

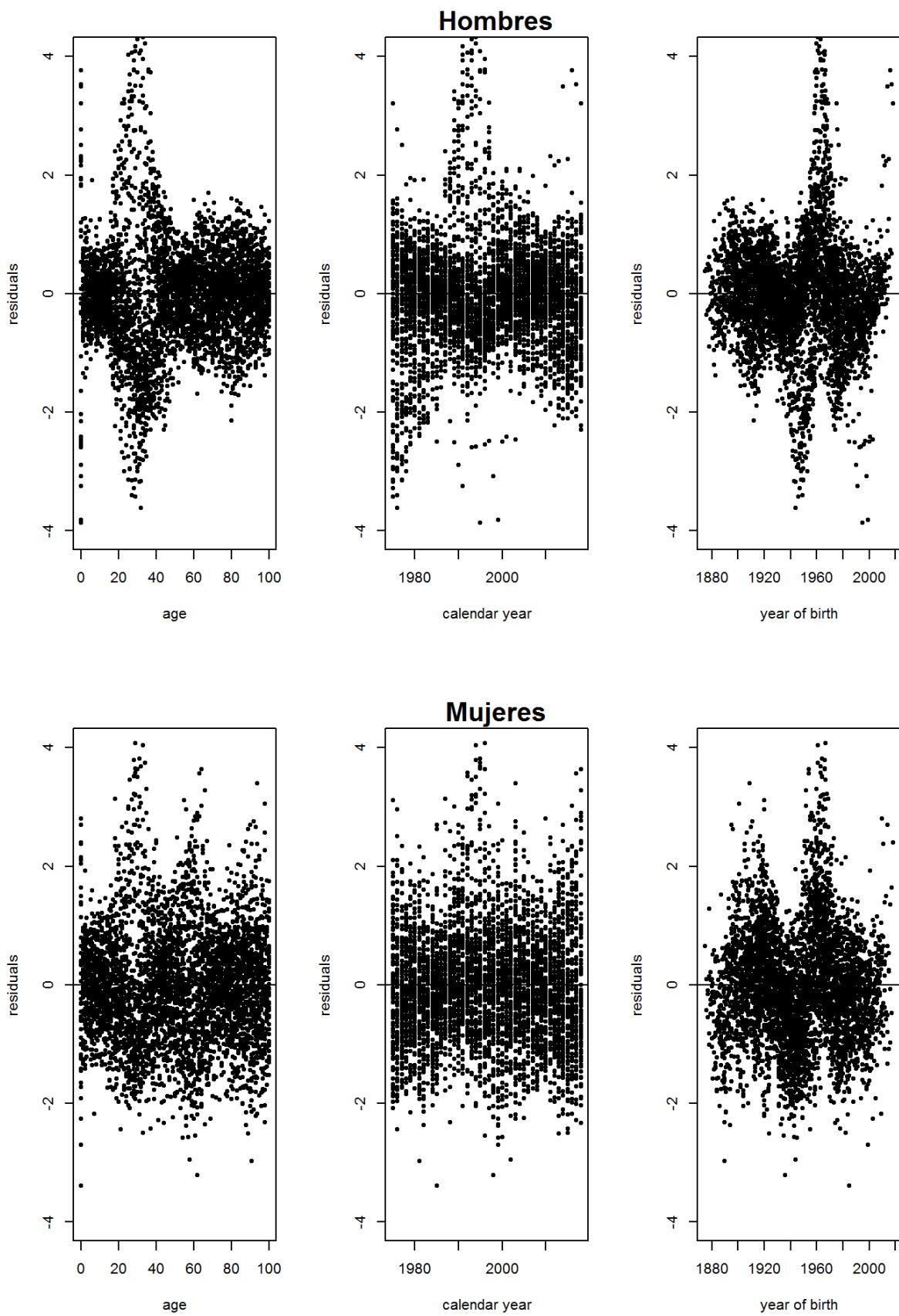


Gráfico 4: Desviación residual estandarizada según edad, año calendario y año de nacimiento para hombres y mujeres del modelo Lee-Carter con distribución Binomial

3.3 Estimación del modelo Renshaw-Haberman

En este apartado también se utilizaron las librerías *StMomo* y *demography* de R para ajustar los modelos de mortalidad GAPC. A continuación, se ajustará el modelo Renshaw-Haberman a los datos de mortalidad para hombres y mujeres de 0 a 100 años de España en el período 1975-2018. En primer lugar, el modelo Renshaw-Haberman supone que el número de muertes sigue una distribución Poisson, después supone que el número de muertes sigue una distribución Binomial y finalmente se compararan.

El gráfico 5 muestra la estimación de los parámetros de Renshaw-Haberman. Se observa que a_x tiene una forma similar en ambos sexos, aunque los hombres tienen una mortalidad más elevada que las mujeres para cada una de las edades, de 20 a 70 años. Además, se observa que el tanto central de mortalidad aumenta con la edad.

El parámetro b_x tiene una forma diferente para cada sexo ya que para los hombres de 30 a 100 decrece y para las mujeres de 20 a 100 años crece. Además, b_x tiene un comportamiento distinto al del modelo Lee-Carter que presentaba una forma decreciente.

El parámetro k_t es decreciente durante todo el período al igual que el modelo Lee-Carter. Se observa que el tanto central de mortalidad disminuye con el año de calendario.

El efecto de la cohorte y_{t-x} presenta valores alrededor del 0 para ambos sexos. Los hombres presentan valores más grandes de 1875 a 1900 y de 2000 a 2018.

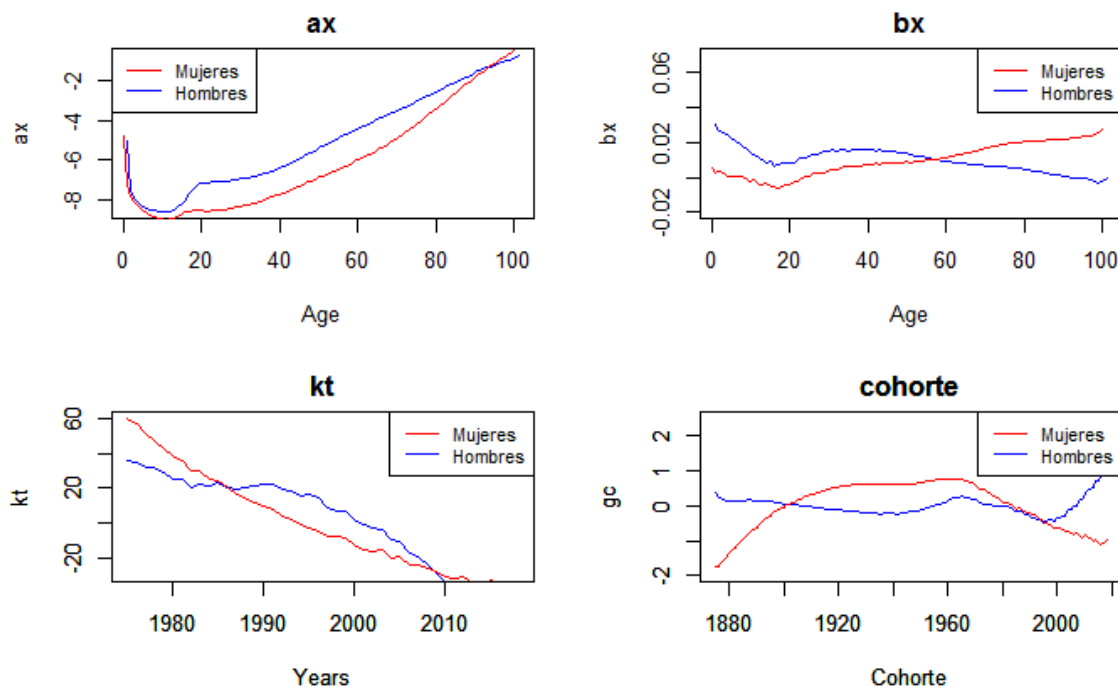


Gráfico 5: Estimación de los parámetros del modelo Renshaw-Haberman

El gráfico 6 presenta la desviación residual estandarizada según edad, año calendario y año de nacimiento del modelo Renshaw-Haberman con distribución Poisson por sexo. No se puede apreciar ningún patrón de comportamiento ya que la mayoría de los residuos se encuentran en el intervalo $[-2, 2]$.

El gráfico 7 presenta la desviación residual estandarizada según edad, año calendario y año de nacimiento del modelo Renshaw-Haberman con distribución Binomial por sexo. Se puede observar las mismas características que en el gráfico 6 ya que no se aprecia ningún patrón de comportamiento.

Anteriormente se ha observado que los residuos del modelo Lee-Carter presentaban algunos patrones de comportamiento. En cambio, los residuos del modelo Renshaw-Haberman independientemente de si el número de muertes sigue una distribución Poisson o Binomial describen todas las características de los datos de manera adecuada.

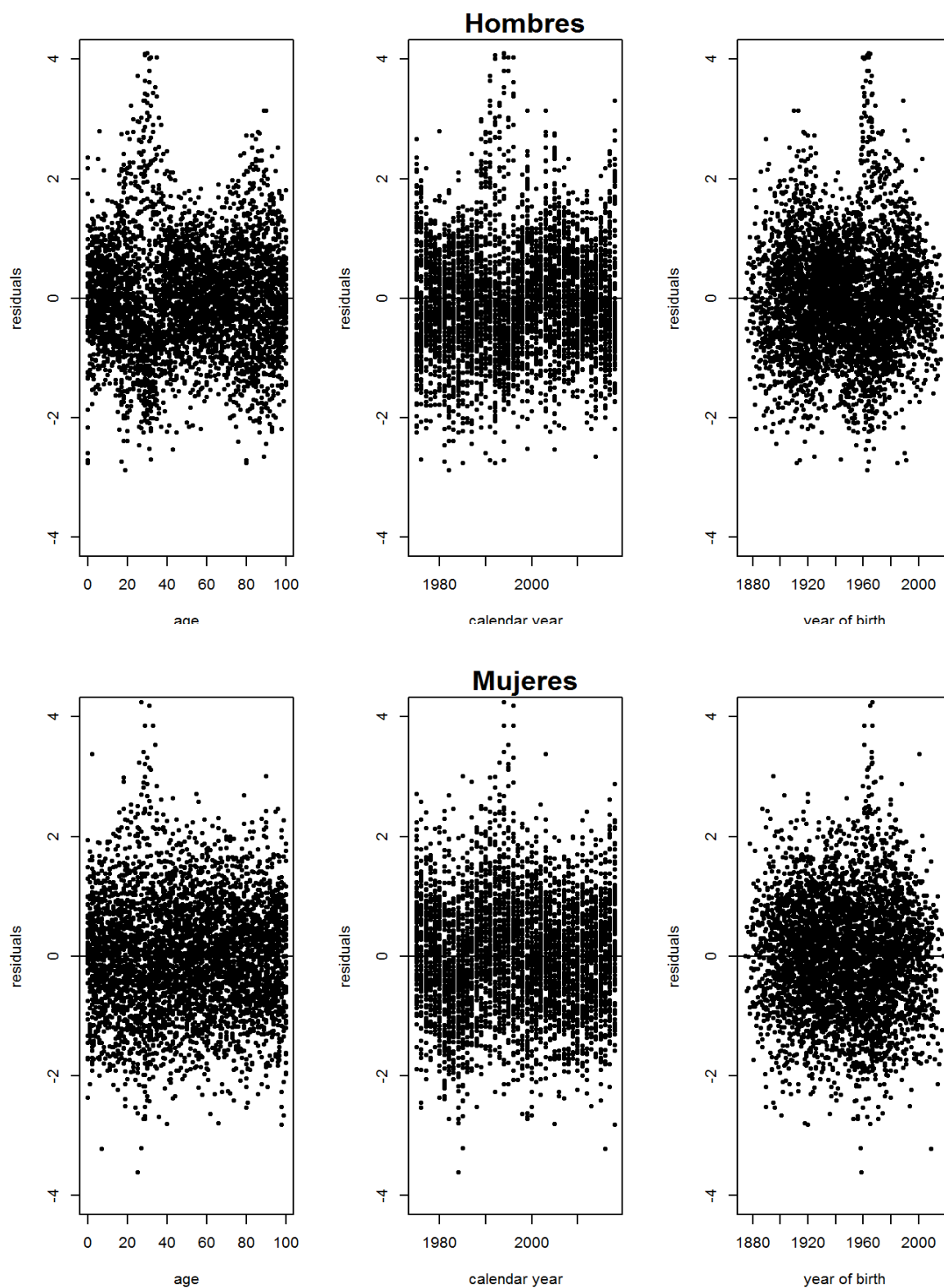


Gráfico 6: Desviación residual estandarizada según edad, año calendario y año de nacimiento para hombres y mujeres del modelo Renshaw-Haberman con distribución Poisson

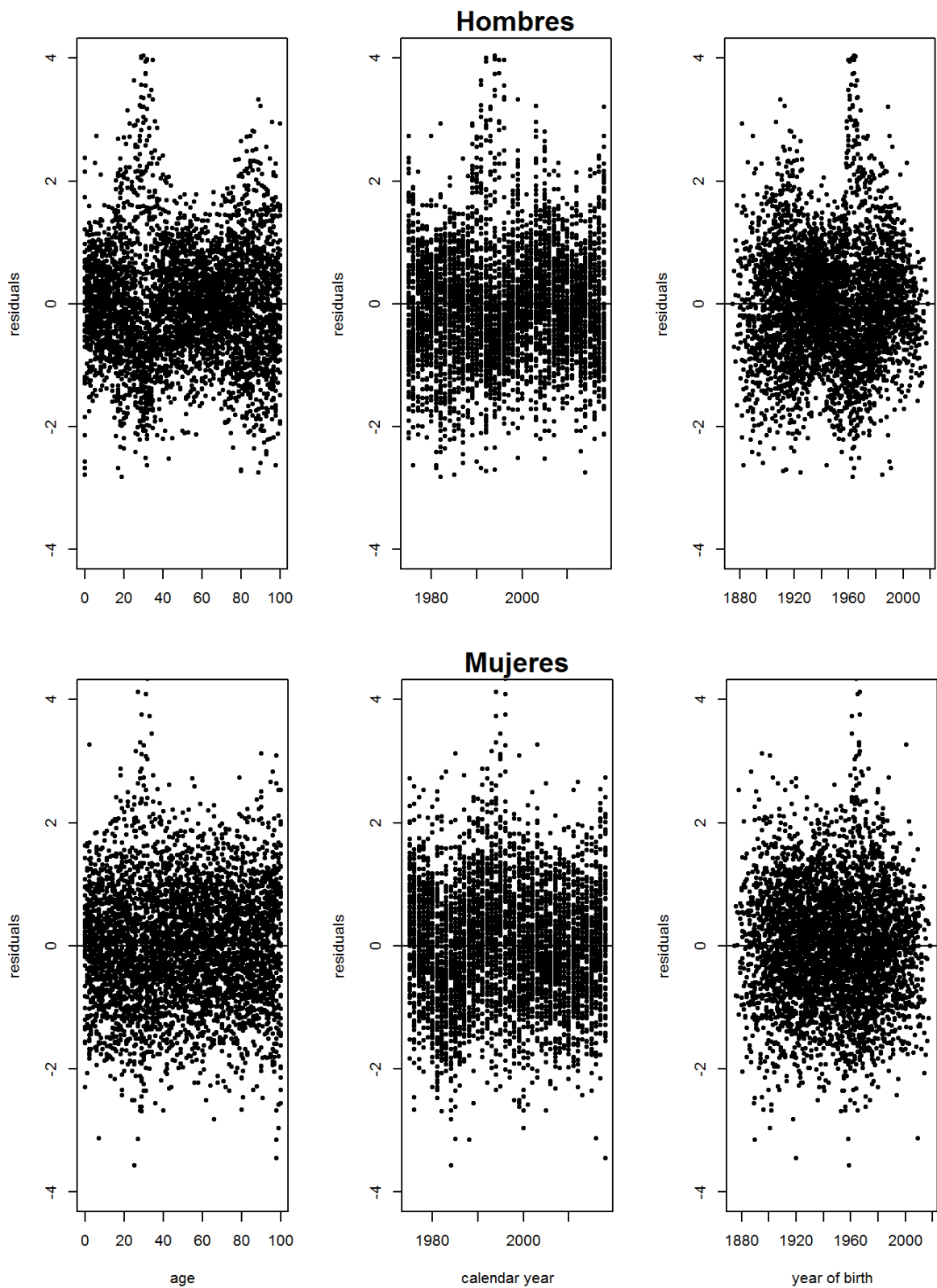


Gráfico 7: Desviación residual estandarizada según edad, año calendario y año de nacimiento para hombres y mujeres del modelo Renshaw-Haberman con distribución Binomial

3.4 Comparación entre modelos estimados

Mediante el diagnóstico anterior de los residuos de los modelos Lee-Carter y Renshaw-Haberman se ha podido observar que el modelo Renshaw-Haberman, independientemente de si las muertes se distribuyen con la distribución Poisson o distribución Binomial, describe las características de los datos de una manera más adecuada.

A continuación, se calculará la bondad del ajuste con 4 criterios diferentes: los dos primeros hacen referencia a criterios de información que son el criterio de información Akaike (AIC) y el criterio de información bayesiano (BIC); y los otros dos son medidas de error que son la raíz del error cuadrático medio (RECM) y el error porcentual absoluto (EPAM).

Normalmente, los modelos con más parámetros presentan un mejor ajuste de los datos, pero presentan más complejidad.

3.4.1 El criterio de información Akaike (AIC)

El criterio de información Akaike (AIC) se puede definir de la siguiente manera:

$$AIC = 2v - 2\log(\mathcal{L})$$

V: Número de parámetros del modelo

\mathcal{L} : Máximo valor de la función de verosimilitud del modelo

En la tabla 1 se presentan los valores AIC del modelo Lee-Carter y del modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes tiene una distribución Poisson y asumiendo que tiene una distribución para los datos de mortalidad de hombres y mujeres de España. Se observa que las mujeres presentan un menor AIC que los hombres en los 4 casos.

Para todos los casos, el modelo Renshaw-Haberman presenta un mejor ajuste que el modelo Lee-Carter. Para mujeres y hombres, el modelo que mejor ajusta es el Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Poisson ya que es el que presenta un AIC menor.

	Hombres	Mujeres
LEE-CARTER Poisson	71749.23	48926.34
LEE-CARTER Binomial	71556.86	48706.47
RENSHAW-HABERMAN Poisson	52978.31	42428.27
RENSHAW-HABERMAN Binomial	53286.96	42532.46

Tabla 1: Valores AIC del modelo Lee-Carter y del modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes tiene una distribución Poisson y asumiendo que tiene una distribución Binomial para datos de mortalidad de hombres y mujeres de España

3.4.2 El criterio de información Bayesiano (BIC)

El criterio de información Bayesiano (BIC) se puede definir de la siguiente manera:

$$BIC = v \log K - 2 \log(\mathcal{L})$$

V: Número de parámetros del modelo

K: Número de observaciones

\mathcal{L} : Máximo valor de la función de verosimilitud del modelo

En la tabla 2 se presentan los valores BIC del modelo Lee-Carter y del modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes tiene una distribución Poisson y asumiendo que tiene una distribución Binomial para los datos de mortalidad de hombres y mujeres de España.

El criterio de información bayesiano (BIC) presenta las mismas conclusiones que el criterio de información AIC. Para ambos criterios de información el modelo que ajusta mejor los datos de mortalidad de España para hombres y mujeres es el modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Poisson.

	Hombres	Mujeres
LEE-CARTER Poisson	73310.66	50487.77
LEE-CARTER Binomial	73118.29	50267.9
RENSHAW-HABERMAN Poisson	55448.44	44898.41
RENSHAW-HABERMAN Binomial	55757.1	45002.59

Tabla 2: Valores BIC del modelo Lee-Carter y del modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes tiene una distribución Poisson y asumiendo que tiene una distribución Binomial para los datos de mortalidad de hombres y mujeres de España

3.4.3 La raíz del error cuadrático medio (RECM)

El error cuadrático medio (ECM) mide el promedio de los errores al cuadrado, es decir, la diferencia entre los valores observados d_{xt} y esperados \hat{d}_{xt} . La diferencia se debe a la aleatoriedad y/o falta de información de los datos.

En este estudio se ha decidido calcular la raíz del error cuadrático medio (RECM) ya que es una medida de precisión que sirve para comparar errores de predicción de diferentes modelos para un conjunto de datos y en nuestro caso para los datos de mortalidad de España. Un ajuste perfecto de los datos presenta una RECM alrededor de 0 ya que cabe recordar que al ser una raíz cuadrada tienen que ser todos los valores positivos.

A continuación, se muestra la fórmula de la raíz del error cuadrático medio (RECM):

$$\text{RECM}(\hat{d}_{xt}) = \sqrt{\frac{\sum_x (d_{xt} - \hat{d}_{xt})^2}{N}}, t = t_1 \dots t_n$$

x : Edad del individuo entre 0 y 100 años

d_{xt} : Valores observados a la edad x y al año calendario t

\hat{d}_{xt} : Valores esperados a la edad x y al año calendario t

N : Número de datos observados

t : Año calendario y su subíndice indica el dato observado correspondiente

La tabla 3 muestra la raíz del error cuadrático medio (RECM) para hombres y mujeres del modelo Lee-Carter y del modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes tiene una distribución Poisson y asumiendo que tiene una distribución Binomial para los datos de mortalidad de hombres y mujeres de España. A simple vista destaca la RECM del modelo Lee-Carter para las mujeres ya que es mucho más grande que los demás.

Para todos los casos, el modelo Renshaw-Haberman presenta un mejor ajuste que el modelo Lee-Carter. Para mujeres y hombres, el modelo que mejor ajusta es el Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Binomial ya que es el que presenta una RECM menor.

	Hombres	Mujeres
LEE-CARTER Poisson	90.81744	1189.408
LEE-CARTER Binomial	88.80638	1189.512
RENSHAW-HABERMAN Poisson	75.81557	43.49098
RENSHAW-HABERMAN Binomial	73.66242	43.31873

Tabla 3: RECM para los modelos estimados con datos de mortalidad de España

3.4.4 El error porcentual absoluto medio (EPAM)

El error porcentual absoluto medio (EPAM) mide la distancia relativa entre los valores observados y esperados.

$$EPAM(\hat{d}_{xt}) = \frac{\sum_x \frac{|d_{xt} - \hat{d}_{xt}|}{d_{xt}}}{N}, t = t_1 \dots t_n$$

x : Edad del individuo entre 0 y 100 años

d_{xt} : Valores observados a la edad x y al año calendario t

\hat{d}_{xt} : Valores esperados a la edad x y al año calendario t

N : Número de datos observados

t : Año calendario y su subíndice indica el dato observado correspondiente

La tabla 4 muestra el error porcentual absoluto medio (EPAM) del modelo Lee-Carter y del modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes tiene una distribución Poisson y asumiendo que tiene una distribución Binomial para los datos de mortalidad de hombres y mujeres de España.

A diferencia del ECM, el error porcentual absoluto medio se calcula en términos relativos. El porcentaje de errores es entre el 6% y el 9,5% dónde los valores más altos son siempre para los hombres.

El EPAM muestra las mismas conclusiones que el RECM ya que el modelo que mejor ajusta los datos de mortalidad para hombres y mujeres de España es el Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Binomial.

	Hombres	Mujeres
LEE-CARTER Poisson	0.09055732	0.08046531
LEE-CARTER Binomial	0.08953042	0.07987816
RENSHAW-HABERMAN Poisson	0.06804875	0.06139558
RENSHAW-HABERMAN Binomial	0.06783275	0.06136507

Tabla 4: EPAM para los modelos estimados con los datos de mortalidad de España

4. Pronósticos de tasas de mortalidad

En el apartado anterior, se ha observado que el modelo Renshaw-Haberman presenta un mejor ajuste que el modelo Lee-Carter. Por esa razón, solo se harán cálculos con el modelo Renshaw-Haberman ya que es el que mejor ajusta nuestros datos. El número de muertes del modelo seguirá tanto la distribución Poisson como la distribución Binomial ya que para los criterios de información AIC y BIC era mejor la distribución Poisson y para las medidas de error RECM y EPAM era mejor la distribución Binomial.

En primer lugar, el modelo Renshaw-Haberman asumirá que el número de muertes sigue una distribución Poisson y posteriormente asumirá que el número de muertes sigue una distribución Binomial.

Se estudiarán los parámetros k_t y y_{t-x} asumiendo que son independientes. Para seleccionar que ARIMA es el indicado se utilizará la función *auto.arima* del paquete *forecast*. El modelo Renshaw-Haberman asume un modelo ARIMA (0,0,1) para los hombres y un modelo ARIMA (3,2,0) para las mujeres.

Se predicen los índices para el Renshaw-Haberman para los siguientes 50 años dónde el área sombreada representa el intervalo de confianza al 95% de las predicciones.

En el gráfico 8 se observa el pronóstico del efecto de período para hombres y mujeres con horizonte 50 años para el modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Poisson. La tendencia de mortalidad decrece para ambos sexos, la amplitud de los intervalos de confianza de los pronósticos es parecida para ambos sexos y aumentan con el paso de los años.

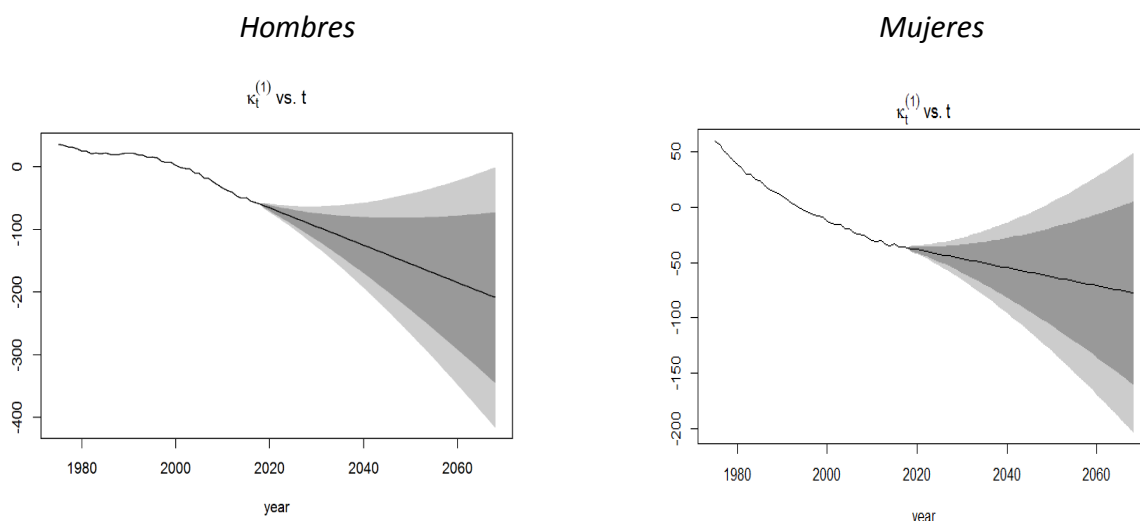


Gráfico 8: Pronóstico del efecto de período para hombres y mujeres con horizonte 50 años para el modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Poisson

En el gráfico 9 se observa el pronóstico del efecto de cohorte para hombres y mujeres con horizonte 50 años para el modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Poisson. Se aprecia que el efecto de cohorte es constante para los hombres, es decir, ni crece ni decrece, y, en cambio, el efecto de cohorte es creciente para las mujeres.

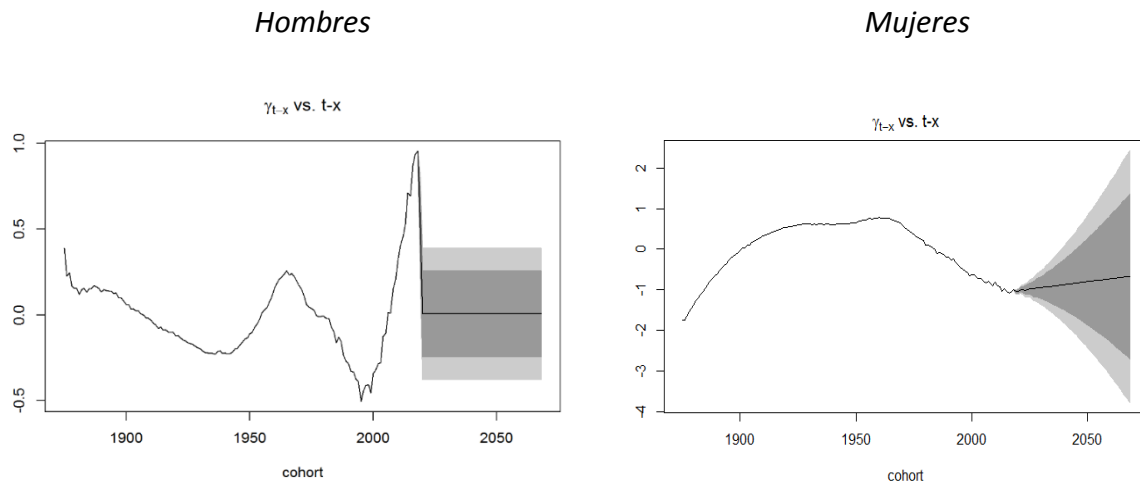


Gráfico 9: Pronóstico del efecto de cohorte para hombres y mujeres con horizonte 50 años para el modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Poisson

En el gráfico 10 se observa el pronóstico del efecto de período para hombres y mujeres con horizonte 50 años para el modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Binomial. Este gráfico se parece al gráfico 8 donde se asumía que el número de muertes seguía una Poisson ya que ambos sexos presentan una tendencia decreciente de 1980 a 2060.

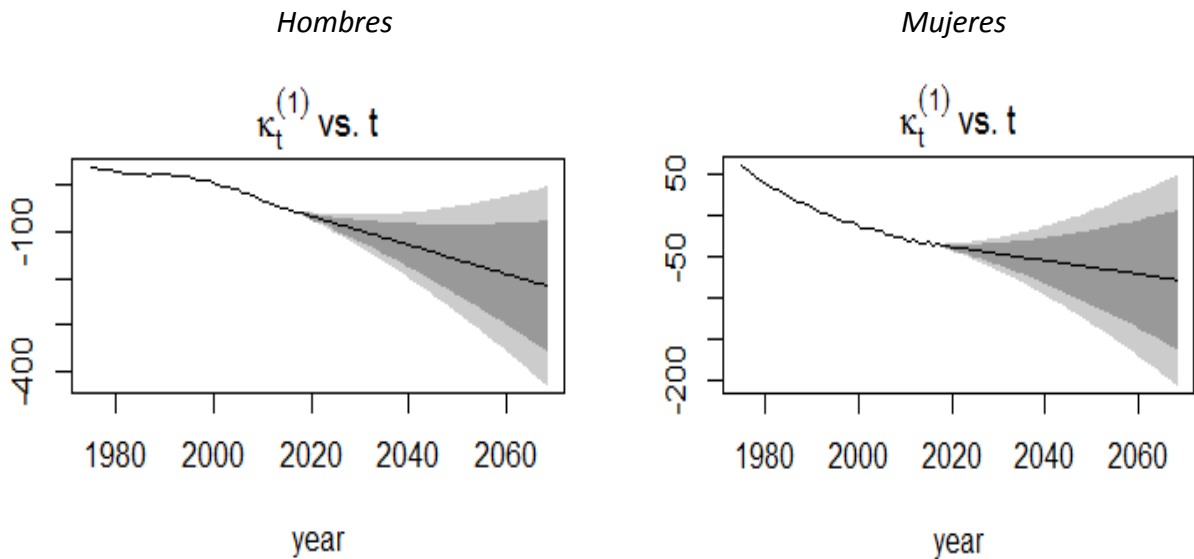


Gráfico 10: Pronóstico del efecto de período para hombres y mujeres con horizonte 50 años para el modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Binomial

En el gráfico 11 se observa el pronóstico del efecto de período para hombres y mujeres con horizonte 50 años para el modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Binomial. Este gráfico se parece al gráfico 9 donde se asumía que el número de muertes seguía una Poisson ya que los hombres presentan una tendencia constante y las mujeres creciente de 2018 a 2068.

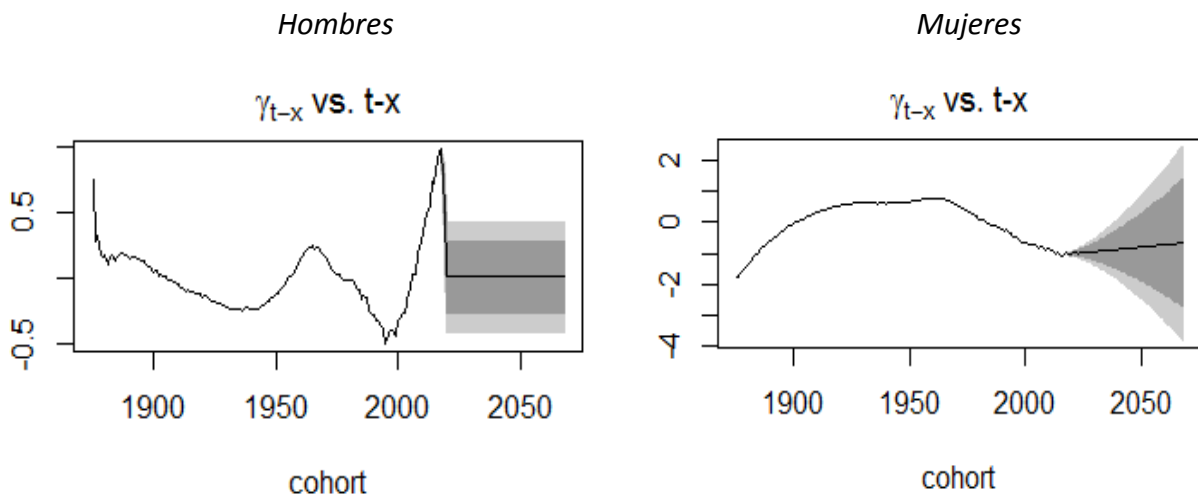


Gráfico 11: Pronóstico del efecto de cohorte para hombres y mujeres con horizonte 50 años para el modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Binomial

5. Estadística actuarial

No se han hecho predicciones de tasas de mortalidad utilizando el modelo Lee-Carter ya que se ha podido comprobar en apartados anteriores que el modelo Renshaw-Haberman ajustaba mejor los datos. Por ello, solo se han realizado predicciones de tasas de mortalidad utilizando el modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes tiene una distribución Poisson y asumiendo que tiene una distribución Binomial para los datos de mortalidad de hombres y mujeres de España.

Gracias a los datos obtenidos en apartados anteriores se construirán dos tablas de mortalidad para dos escenarios hipotéticos diferentes. Los escenarios hacen referencia a personas que quieren contratar un seguro de vida, para x cantidad de años, para garantizar un capital a sus beneficiarios en caso de fallecimiento. Ambos escenarios presentan las mismas características con la diferencia de que el escenario 1 es para un hombre y el escenario 2 es para una mujer.

A partir del 2010, en España se utilizan las tablas PASEM 2010 en el ámbito actuarial ya que anteriormente se utilizaban unas tablas suizas llamadas GKM 95. En nuestro estudio se compararan las tablas PASEM 2010 con los valores obtenidos con el modelo Renshaw-Haberman.

Las probabilidades de fallecimiento deben ajustarse según el año de calendario correspondiente. Cada valor de la tabla hace referencia a q_x , es decir, la probabilidad de fallecimiento con edad x y antes de cumplir $x+1$. Para la creación de las tablas basadas en el modelo Renshaw-Haberman es necesario predecir el tanto central de mortalidad, por lo que las tablas dependerán de la edad del individuo, el género, el año de calendario y también la cohorte. Se ha calculado q_x a partir del tanto central de mortalidad con la aproximación:

$$q_x = 1 - \exp(-m_x).$$

Finalmente, se calcularán las primas puras de seguro de vida y se compararán los resultados de ambos escenarios.

5.1 Escenario 1

El escenario 1 hace referencia a un hombre de 65 años en el 2018 desea contratar un seguro pagadero al final del año de fallecimiento de cuantía 60.000€, si su muerte ocurre en los próximos 15 años. El tipo de interés considerado es del 2% efectivo anual.

La tabla del escenario 1 incluye las tablas de mortalidad/supervivencia para un hombre hasta los 79 años que en el 2018 tiene 65 años. Por lo tanto, se presentan las probabilidades anuales de fallecimiento para un hombre de 65 años en el 2018 dónde en la primera fila y columna se indica la probabilidad de fallecimiento de un hombre de 65 años en el 2018. De la misma manera, en la segunda fila y primera columna se indica la probabilidad de fallecimiento de un hombre de 66 años en el 2019 y así para todos los valores de la tabla. Además, todos los intervalos de confianza se han predicho con un nivel de confianza del 95%.

La segunda columna representa la tabla de mortalidad ajustada mediante el modelo Renshaw-Haberman con la distribución Poisson (RHP). La tercera columna representa el intervalo de confianza inferior del modelo anterior (RHLP) y la cuarta columna representa el intervalo superior (RHUP). La quinta columna representa la tabla de mortalidad ajustada mediante el modelo Renshaw-Haberman con la distribución Binomial (RHB). La sexta columna representa el intervalo de confianza inferior del modelo anterior (RHLB) y la séptima columna representa el intervalo superior del modelo anterior (RHUB). Y la octava columna es la tabla de mortalidad PASEM10 para los hombres.

Edad	RHP	RHLP	RHUP	RHB	RHLB	RHUB	PASEM10
65	0,0125	0,0113	0,0120	0,0125	0,0113	0,0121	0,012703
66	0,0135	0,0120	0,0131	0,0135	0,0120	0,0131	0,014059
67	0,0144	0,0126	0,0142	0,0144	0,0126	0,0142	0,015664
68	0,0157	0,0136	0,0157	0,0157	0,0136	0,0157	0,017562
69	0,0170	0,0146	0,0172	0,0170	0,0146	0,0173	0,019807
70	0,0186	0,0157	0,0190	0,0185	0,0157	0,0192	0,02246
71	0,0200	0,0167	0,0208	0,0200	0,0167	0,0210	0,025605
72	0,0219	0,0179	0,0231	0,0217	0,0179	0,0234	0,029354
73	0,0240	0,0194	0,0257	0,0238	0,0194	0,0260	0,033833
74	0,0264	0,0211	0,0286	0,0262	0,0211	0,0290	0,039202
75	0,0291	0,0229	0,0319	0,0288	0,0229	0,0325	0,045637
76	0,0320	0,0250	0,0356	0,0317	0,0250	0,0363	0,053345
77	0,0363	0,0282	0,0405	0,0359	0,0283	0,0415	0,062555
78	0,0400	0,0307	0,0450	0,0394	0,0308	0,0463	0,073532
79	0,0455	0,0350	0,0512	0,0448	0,0351	0,0530	0,086547

Tabla 5: Escenario 1. Comparación de tablas de mortalidad-supervivencia para un hombre que en el año 2018 tiene 65 años

El gráfico 12 representa la tabla 5 de forma gráfica dónde las tasas de mortalidad para un hombre de España que en el 2018 tiene 65 años van desde 0% al 8%. Todos los modelos presentan la misma tendencia creciente a medida que la edad del hombre aumenta. Los pronósticos del modelo Renshaw-Haberman tienen valores similares, pero se diferencian a medida que la edad del hombre avanza.

Los valores del Renshaw-Haberman Lower con distribución Binomial (RHL_B) presentan las menores tasas de mortalidad y, en cambio, los valores de la tabla PASEM2010 presentan las mayores tasas de mortalidad. Además, los pronósticos del modelo Renshaw-Haberman Upper con distribución Binomial (RHU_B) son los que más se aproximan a los valores de la tabla PASEM2010.

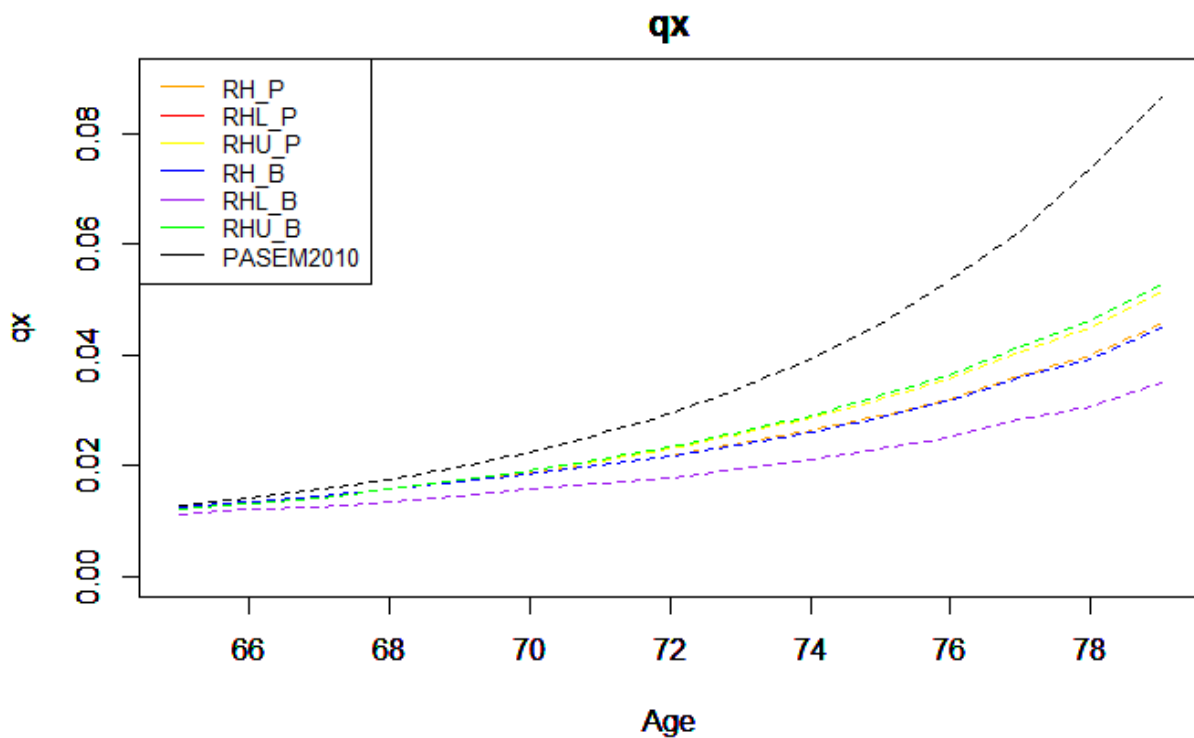


Gráfico 12: Escenario 1. Comparación de tasas de mortalidad para un hombre de España que en 2018 tiene 65 años según el modelo Renshaw-Haberman y la tabla PASEM2010

5.2 Escenario 2

El escenario 2 hace referencia a una mujer de 65 años en el 2018 desea contratar un seguro pagadero al final del año de fallecimiento de cuantía 60.000€, si su muerte ocurre en los próximos 15 años. El tipo de interés considerado es del 2% efectivo anual.

La tabla 6 que pertenece al escenario 2 incluye las tablas de mortalidad/supervivencia para una mujer hasta los 79 años que en el 2018 tiene 65 años. Por lo tanto, se presentan las probabilidades anuales de fallecimiento para una mujer de 65 años en el 2018 dónde en la primera fila y columna se indica la probabilidad de fallecimiento de una mujer de 65 años en el 2018. De la misma manera, en la segunda fila y primera columna se indica la probabilidad de fallecimiento de una mujer de 66 años en el 2019 y así para todos los valores de la tabla. Todos los intervalos se han predicho con un nivel de confianza del 95%.

La segunda columna representa la tabla de mortalidad ajustada mediante el modelo Renshaw-Haberman con la distribución Poisson (RHP). La tercera columna representa el intervalo de confianza inferior del modelo anterior (RHLP) y la cuarta columna representa el intervalo superior (RHUP). La quinta columna representa la tabla de mortalidad ajustada mediante el modelo Renshaw-Haberman con la distribución Binomial (RHB). La sexta columna representa el intervalo de confianza inferior del modelo anterior (RHLB) y la sexta columna representa el intervalo superior del modelo anterior (RHUB). Y la octava columna es la tabla de mortalidad PASEM10 para las mujeres.

Edad	RHP	RHLP	RHUP	RHB	RHLB	RHUB	PASEM2010
65	0,0050	0,0038	0,0041	0,0050	0,0043	0,0047	0,006501
66	0,0055	0,0041	0,0046	0,0055	0,0047	0,0051	0,007148
67	0,0060	0,0044	0,0051	0,0060	0,0050	0,0056	0,007931
68	0,0065	0,0047	0,0056	0,0065	0,0052	0,0062	0,008878
69	0,0073	0,0051	0,0064	0,0073	0,0058	0,0071	0,009992
70	0,0078	0,0053	0,0071	0,0078	0,0060	0,0078	0,011267
71	0,0088	0,0059	0,0082	0,0088	0,0065	0,0089	0,012705
72	0,0095	0,0061	0,0092	0,0095	0,0067	0,0100	0,014313
73	0,0105	0,0066	0,0106	0,0105	0,0072	0,0114	0,017578
74	0,0118	0,0071	0,0123	0,0118	0,0077	0,0132	0,021666
75	0,0132	0,0076	0,0144	0,0132	0,0082	0,0154	0,026885
76	0,0148	0,0081	0,0167	0,0148	0,0087	0,0179	0,030905
77	0,0167	0,0088	0,0108	0,0167	0,0093	0,0211	0,035669
78	0,0190	0,0096	0,0235	0,0190	0,0100	0,0250	0,041312
79	0,0216	0,0104	0,0281	0,0216	0,0107	0,0299	0,047972

Tabla 6: Escenario 2. Comparación de tablas de mortalidad-supervivencia para una mujer que en el año 2018 tiene 65 años

El gráfico 13 representa la tabla 6 de forma gráfica dónde las tasas de mortalidad para una mujer de España que en el 2018 tiene 65 años van desde 0% al 5%. Por lo tanto, con las mismas características las mujeres tienen tasas de mortalidad más bajas que los hombres.

Como en el caso anterior, los modelos se empiezan a diferenciar a medida que la edad de la mujer aumenta.

Los valores del Renshaw-Haberman Lower con distribución Poisson (RHL_P) presentan las menores tasas de mortalidad y, en cambio, los valores de la tabla PASEM2010 presentan las mayores tasas de mortalidad. Además, los pronósticos del modelo Renshaw-Haberman Upper con distribución Binomial (RHU-B) son los que más se aproximan a los valores de la tabla PASEM2010.

Los pronósticos del modelo Renshaw-Haberman Lower tanto el Binomial (RHL_B) como el Poisson (RHL_P) presentan tasas de mortalidad para una mujer que en 2018 tiene 65 años entre el 0% y el 1%.

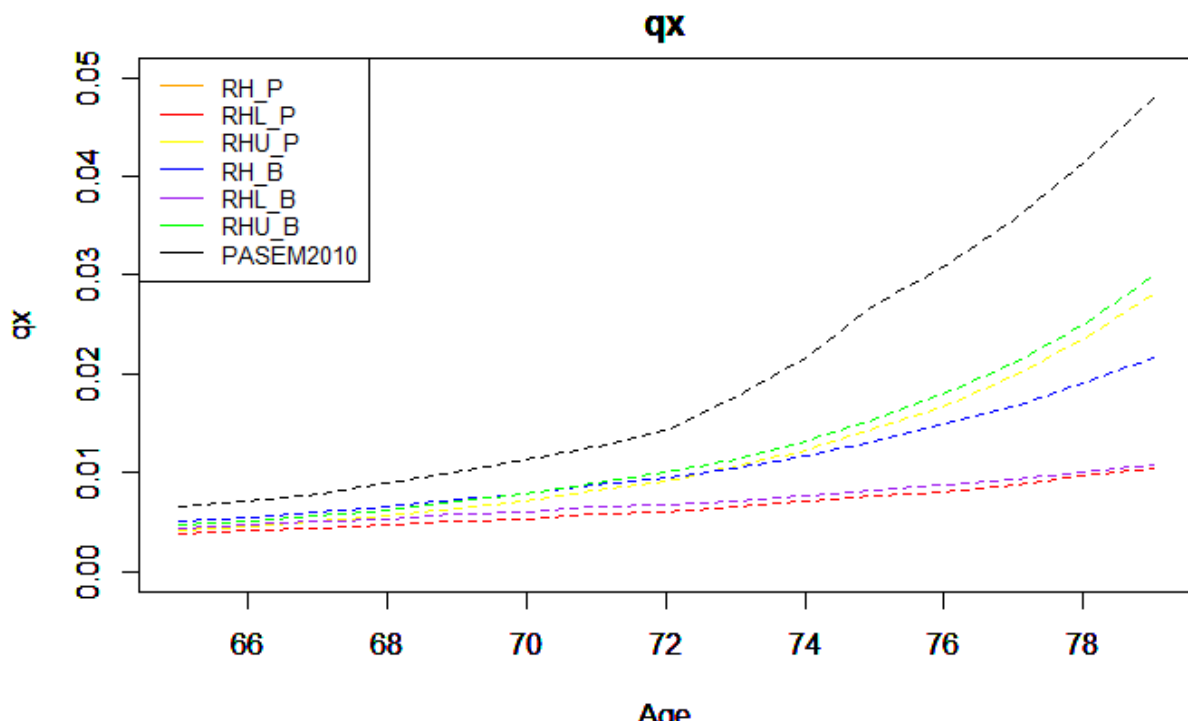


Gráfico 13: Comparación de tasas de mortalidad para una mujer de España que en 2018 tiene 65 años según el modelo Renshaw-Haberman y la tabla PASEM2010

5.3 Cálculo de primas puras para ambos escenarios

En los apartados anteriores se han construido dos tablas para dos escenarios hipotéticos diferentes. A continuación, se calcularán las primas puras para ambos escenarios y se compararán.

Las primas puras es el valor esperado del coste real del riesgo que asume el asegurador. El cálculo del valor actual actuarial (VAA_S) en un seguro de vida pagadero al final del año de fallecimiento es el siguiente:

$$VAA_S = \sum_{j=0}^{d-1} C * (1 + I)^{-(1+j)} * {}_j p_x * q_{x+j}$$

C: Cuantía que se paga en caso de fallecimiento

D: Temporalidad expresada en años

I: Tipo de interés efectivo anual

${}_j p_x$: Probabilidad de supervivencia de un individuo de edad x que llegue vivo a la edad $x+j$

q_{x+j} : Probabilidad de fallecimiento para un individuo de edad $x+j$

Se recuerda que en ambos escenarios se hace referencia a un individuo de 65 años que en el 2018 desea contratar un seguro pagadero al final del año de fallecimiento de cuantía igual a 60000€, la temporalidad es de 15 años y el tipo de interés considerado es del 2% efectivo anual.

En la tabla 7 se muestra el valor actual actuarial de vida al final del año de fallecimiento para los escenarios 1 y 2. Los valores actuales actuariales que presenta el escenario 1 son mayores que los del escenario 2, es decir, las primas puras son más altas para los hombres.

Para ambos escenarios, los valores obtenidos por la tabla PASEM 2010 son los más altos. Los segundos valores más altos provienen del modelo Renshaw-Haberman Binomial Up. En cambio, las primas puras más bajas provienen del modelo Renshaw-Haberman Poisson Low.

	Escenario 1	Escenario 2
Renshaw-Haberman Poisson	15575.67	7558.679
Renshaw-Haberman Poisson Low	13026.19	4683.924
Renshaw-Haberman Poisson Up	16459.96	7968.108
Renshaw-Haberman Binomial	15474.24	7558.679
Renshaw-Haberman Binomial Low	13036.70	5081.726
Renshaw-Haberman Binomial Up	16691.79	8545.492
PASEM 2010	21394.12	12892.82

Tabla 7: Valor actual actuarial en el seguro de vida pagadero al final del año de fallecimiento para los escenarios 1 y 2

6. Comparativa España con Chile

Se ha decidido comparar los resultados obtenidos anteriormente para España con los de un TFM dónde se reflejan los datos de mortalidad para hombres y mujeres de Chile (Moyano, 2020). Sin embargo, hay diferencias entre los trabajos ya que los datos de la tasa central de mortalidad para hombres y mujeres de Chile son del período 1992-2008 y los modelos se han ajustado para edades entre 0 y 90 años. En cambio, los datos de mortalidad para España son del período 1975-2018 y los modelos se han ajustado para edades entre 0 y 100 años. Por lo tanto, las predicciones de tasas de mortalidad tienen un año de referencia diferente.

Por consiguiente, el objetivo de este apartado es observar si los datos de mortalidad de España y Chile presentan las mismas conclusiones, es decir, si hay un modelo que ajuste mejor los datos de mortalidad asumiendo que el número de muertes sigue una distribución determinada. No tiene sentido comparar resultados entre países ya que el punto de partida es diferente.

6.1 Comparativa con los criterios de información AIC y BIC

En primer lugar, se hará la comparativa con los criterios de información Akaike (AIC) y Bayesiano (BIC). En la tabla 8 se puede observar el criterio de información Akaike (AIC) del modelo Lee-Carter y del modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Binomial y una distribución Poisson, ajustado para datos de mortalidad para hombres y mujeres de España y Chile.

Como se ha visto en capítulos anteriores, el modelo Renshaw-Haberman ajusta mejor los datos de mortalidad de España, independientemente de la distribución que asuma el número de muertes, ya que presenta valores AIC menores. En cambio, gracias a la tabla 8 dónde se muestran los AIC se conoce que los datos de mortalidad de Chile prefieren que el modelo asuma que el número de muertes siga una distribución Binomial.

Modelo	España	Chile
Lee-Carter Binomial Hombres	71556.86	14538,34
Lee-Carter Poisson Hombres	71749.23	14588,89
Lee-Carter Binomial Mujeres	48706.47	13411,28
Lee-Carter Poisson Mujeres	48926.34	13450,09
Renshaw-Haberman Binomial Hombres	53286.96	14109,29
Renshaw-Haberman Poisson Hombres	52978.31	14161,85
Renshaw-Haberman Binomial Mujeres	42532.46	13150,43
Renshaw-Haberman Poisson Mujeres	42428.27	13190,6

Tabla 8: Valores AIC del modelo Lee-Carter y del modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Binomial y una distribución Poisson, ajustado para datos de mortalidad para hombres y mujeres de España y Chile

En segundo lugar, se muestra la tabla 9 que hace referencia al criterio de información Bayesiano (BIC) del modelo Lee-Carter y del modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Binomial y una distribución Poisson, ajustado para datos de mortalidad para hombres y mujeres de España y Chile. El criterio de información Bayesiano (BIC) y el criterio de información Akaike (AIC) presentan las mismas conclusiones.

Modelo	España	Chile
Lee-Carter Binomial Hombres	73118.29	15591,12
Lee-Carter Poisson Hombres	73310.66	15641,67
Lee-Carter Binomial Mujeres	50267.9	14464,07
Lee-Carter Poisson Mujeres	50487.77	14502,87
Renshaw-Haberman Binomial Hombres	55757.1	15723,2
Renshaw-Haberman Poisson Hombres	55448.44	15775,76
Renshaw-Haberman Binomial Mujeres	45002.59	14764,34
Renshaw-Haberman Poisson Mujeres	44898.41	14804,51

Tabla 9: Valores BIC del modelo Lee-Carter y del modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muerte sigue una distribución Binomial y una distribución Poisson, ajustado para datos de mortalidad para hombres y mujeres de España y Chile

6.2 Comparativa con las medidas de error RECM y EPAM

Como se ha visto en el apartado anterior, los datos de mortalidad de Chile presentan un mejor ajuste cuando asumen que tienen una distribución Binomial. En consecuencia, en este apartado se hará la comparativa con las medidas de error RECM y EPAM cuando los modelos asuman que el número de muertes sigue una distribución Binomial.

La tabla 10 contiene los valores de la raíz del error cuadrático medio (RECM) del modelo Lee-Carter y del modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Binomial, ajustado para datos de mortalidad para hombres y mujeres de España y Chile. Los datos de mortalidad de hombres y mujeres de España y Chile ajustan mejor con el modelo Renshaw-Haberman ya que es el que presenta menor error entre el número de muertes estimadas y observadas.

Modelo	España	Chile
Lee-Carter Binomial Hombres	88.80638	30,458
Lee-Carter Binomial Mujeres	1189.512	25,2083
Renshaw-Haberman Binomial Hombres	73.66242	24,4606
Renshaw-Haberman Binomial Mujeres	43.31873	20,0052

Tabla 10: Valores RECM del modelo Lee-Carter y del modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Binomial, ajustado para datos de mortalidad para hombres y mujeres de España y Chile

La tabla 11 contiene el error porcentual absoluto medio (EPAM) del modelo Lee-Carter y del modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muertes sigue una distribución Binomial, ajustado para datos de mortalidad para hombres y mujeres de España y Chile. El error porcentual absoluto medio (EPAM) presenta las mismas conclusiones que la medida de error de la raíz del error cuadrático medio (RECM) comentadas anteriormente.

Modelo	España	Chile
Lee-Carter Binomial Hombres	0.08953042	0,062
Lee-Carter Binomial Mujeres	0.07987816	0,08
Renshaw-Haberman Binomial Hombres	0.06783275	0,0568
Renshaw-Haberman Binomial Mujeres	0.06136507	0,0744

Tabla 11: Valores EPAM del modelo Lee-Carter y del modelo Renshaw-Haberman asumiendo que el número de muerte sigue una distribución Binomial, ajustado para datos de mortalidad para hombres y mujeres de España y Chile

6.3 Primas puras

En anteriores capítulos se ha observado que los datos de mortalidad de España ajustan mejor con el modelo Renshaw-Haberman y que los datos de mortalidad de Chile ajustan mejor cuando el modelo asume que el número de muertes sigue una distribución Binomial. Por lo tanto, solo se compararan los escenarios con el modelo Renshaw-Haberman cuando asume que el número de muertes sigue una distribución Binomial.

También se ha visto que el punto de partida es diferente entre los datos de mortalidad de España y de Chile ya que para los datos de mortalidad de España el último año de referencia es el 2018 y para los datos de mortalidad de Chile es el 2009.

Los escenarios hacen referencia a un individuo de 65 años que en el año de referencia desea contratar un seguro pagadero al final del año de fallecimiento de cuantía 60.000€, si su muerte ocurre en los próximos 15 años. El tipo de interés considerado es del 2% efectivo anual.

En la tabla 12 se muestran los datos del escenario 1 para España y Chile, es decir, se pueden ver las primas puras para los hombres. Las tres primeras filas hacen referencia al intervalo de confianza con un nivel de confianza del 95% del modelo Renshaw-Haberman cuando asume que el número de muertes sigue una distribución Binomial. La cuarta fila hace referencia a las tablas de mortalidad PASEM 2010 que se utilizan en el mundo actuarial para España. Y la última fila hace referencia a las tablas de mortalidad M95 que se utilizan para Chile.

El valor más elevado de las primas puras para España hace referencia a las tablas de mortalidad PASEM 2010 pero, para Chile el valor más elevado proviene del modelo Renshaw-Haberman Binomial Up.

	España	Chile
Renshaw-Haberman Binomial	15474,24	21887,49
Renshaw-Haberman Binomial Low	13036,70	21027,85
Renshaw-Haberman Binomial Up	16691,79	24330,25
PASEM 2010	21394,12	-
M95	-	23476,02

Tabla 12: Escenario 1 y las tablas PASEM 2010 y M95 para España y Chile

En la tabla 13 se pueden ver los datos del escenario 2 para España y Chile, es decir, se pueden ver las primas puras para las mujeres. Las tres primeras filas hacen referencia al intervalo de confianza con un nivel de confianza del 95% del modelo Renshaw-Haberman cuando asume que el número de muertes sigue una distribución Binomial. La cuarta fila hace referencia a las tablas de mortalidad PASEM 2010 que se utilizan en el mundo actuarial para España. Y la última fila hace referencia a las tablas de mortalidad M95 que se utilizan para Chile.

A diferencia del escenario 1, el valor más grande de las primas puras para las mujeres proviene de las tablas de referencia PASEM 2010 para España y M95 para Chile.

	España	Chile
Renshaw-Haberman Binomial	7558,679	9257,81
Renshaw-Haberman Binomial Low	5081,726	7958,71
Renshaw-Haberman Binomial Up	8545,492	11106,42
PASEM 2010	12892,82	-
M95	-	15354,13

Tabla 13: Escenario 2 para Chile y España

7. Conclusiones

En este trabajo para ajustar los datos de mortalidad de España se han observado dos modelos de mortalidad estocástica edad-período-cohorte generalizados que son el modelo Lee-Carter y el modelo Renshaw-Haberman. Mediante el diagnóstico de los residuos se ha podido comprobar que el modelo Renshaw-Haberman describía los datos de manera adecuada al no presentar patrones de comportamiento.

Se ha observado que el modelo Renshaw-Haberman presentaba un mejor ajuste ya que presentaba valores inferiores del criterio de información Akaike (AIC) y Bayesiano (BIC). El mismo modelo también ajustaba mejor el número de muertes observadas y estimadas.

Una vez construida las tablas de mortalidad se ha observado que los pronósticos del modelo Renshaw-Haberman Upper con distribución Binomial (RHU-B) son los que más se aproximan a los valores de la tabla PASEM2010.

Los datos de mortalidad de Chile prefieren que el modelo asuma que el número de muertes siga una distribución Binomial y, en cambio, para el ajuste de los datos de mortalidad de España es independiente la distribución que asuma el número de muertes.

En el escenario 1, el valor más grande de las primas puras para España hace referencia a las tablas de mortalidad PASEM 2010 pero, para Chile el valor más elevado proviene del modelo Renshaw-Haberman Binomial Up.

Referencias

Artís, M. A. N. U. E. L., et al. "Una estimación actuarial del coste individual de la dependencia en la población de mayor edad en España." *Estadística Española* 49.165 (2007): 373-402.

Debón Aucejo, A., Martínez Ruiz, F., & Montes Suay, F. (2007). Modelo Lee-Carter extendido. XV Jornadas de ASEPUMA y III Encuentro Internacional. Palma de Mallorca, 20-21.

GARVI, M., & Peláez Herreros, O. (2009). Proyección a largo plazo de la esperanza de vida en España. *Estadística española*, 51(170), 193-219.

Human Mortality Database. University of California, Berkeley (USA), and Max Planck Institute for Demographic Research (Germany). Available at www.mortality.org or www.humanmortality.de (data downloaded on [20/10/12]).

Macías, Yovanna, and Miguel Santolino. "APPLICATION OF LEE-CARTER AND RENSHAW-HABERMAN MODELS IN LIFE INSURANCE PRODUCTS." *Anales del Instituto de Actuarios Españoles*. No. 24. C/O VICTOR ANDRES BELAUNDE, 36, MADRID, 28016, SPAIN: INST ACTUARIOS ESPANOLES, 2018.

Moyano Silva, P. A. (2020). Estimación de modelos de mortalidad estocástica edad-periodo-cohorte generalizados con datos de la población de Chile (Master's thesis, Universitat Politècnica de Catalunya).

Moyano, P., Pérez-Marin, A.M. y Santolino, M. (2020) ESTIMACIÓN DE MODELOS DE MORTALIDAD ESTOCÁSTICA PARA CHILE, *Anales del Instituto de Actuarios Españoles*, 4ª época, 26, 2020 / 227-259.

Villegas, Andrés, Vladimir K. Kaishev, and Pietro Millosovich. "StMoMo: An R package for stochastic mortality modelling." 7th Australasian Actuarial Education and Research Symposium. 2015.

Anexos

Tabla PASEM 2010

Edad	qx_hombre	qx_mujer
0	0,005807	0,004744
1	0,000418	0,000376
2	0,000349	0,000307
3	0,000287	0,000245
4	0,000236	0,000195
5	0,0002	0,000157
6	0,000177	0,000132
7	0,000165	0,000118
8	0,000159	0,000113
9	0,000159	0,000115
10	0,000169	0,000123
11	0,000191	0,000134
12	0,000232	0,000149
13	0,000294	0,000169
14	0,000379	0,000194
15	0,000486	0,000223
16	0,000604	0,000253
17	0,00072	0,000279
18	0,000719	0,0003
19	0,000732	0,000312
20	0,000748	0,000318
21	0,000765	0,000319
22	0,000785	0,000317
23	0,000803	0,000315
24	0,000819	0,000317
25	0,00083	0,000322
26	0,000831	0,000301
27	0,000823	0,00029
28	0,000807	0,000284
29	0,000785	0,000282
30	0,000767	0,000277
31	0,000755	0,000301
32	0,000755	0,000328
33	0,000774	0,000362
34	0,000818	0,000414
35	0,000888	0,000478
36	0,000974	0,000556
37	0,00107	0,000641
38	0,00117	0,000732

39	0,001274	0,000848
40	0,001389	0,000978
41	0,00153	0,001117
42	0,00171	0,001251
43	0,001927	0,00137
44	0,002173	0,001477
45	0,002439	0,001586
46	0,002727	0,001707
47	0,003048	0,00185
48	0,003393	0,002017
49	0,003774	0,002218
50	0,004187	0,002452
51	0,004634	0,002725
52	0,005092	0,003012
53	0,005572	0,00328
54	0,006094	0,003517
55	0,006676	0,003732
56	0,0073	0,003947
57	0,007959	0,004169
58	0,008602	0,004393
59	0,009213	0,004598
60	0,009793	0,004801
61	0,01035	0,00503
62	0,010892	0,005293
63	0,011451	0,005598
64	0,012051	0,005984
65	0,012703	0,006501
66	0,014059	0,007148
67	0,015664	0,007931
68	0,017562	0,008878
69	0,019807	0,009992
70	0,02246	0,011267
71	0,025605	0,012705
72	0,029354	0,014313
73	0,033833	0,017578
74	0,039202	0,021666
75	0,045637	0,026885
76	0,053345	0,030905
77	0,062555	0,035669
78	0,073532	0,041312
79	0,086547	0,047972
80	0,096814	0,055808
81	0,108179	0,064946
82	0,120688	0,075514
83	0,134417	0,087641

84	0,149484	0,101439
85	0,166049	0,117042
86	0,184195	0,134524
87	0,203925	0,153931
88	0,22515	0,175256
89	0,247704	0,198432
90	0,271358	0,223304
91	0,295823	0,249693
92	0,320854	0,277406
93	0,346242	0,306291
94	0,371835	0,336236
95	0,39755	0,367161
96	0,423336	0,398976
97	0,449171	0,43153
98	0,475035	0,464635
99	0,500918	0,49808
100	0,526808	0,531667
101	0,583877	0,559229
102	0,618746	0,595678
103	0,654849	0,633277
104	0,692209	0,672036
105	0,730838	0,71195
106	0,770736	0,753003
107	0,811884	0,795159
108	0,854241	0,838361
109	0,897733	0,882519
110	0,942245	0,927507
111	0,987609	0,973152
112	1	1
113	1	1
114	1	1
115	1	1
116	1	1
117	1	1
118	1	1
119	1	1
120	1	1

Códigos de R

```
# Librerías
#install.packages("StMoMo")
library("StMoMo")
#install.packages("demography")
library("demography")

# Tasa de mortalidad
Edata <- hmd.mx('ESP', username=?, password=?, label='España')
EStMoMo_h <- StMoMoData(Edata, series = "male")
EStMoMo_m <- StMoMoData(Edata, series = "female")
par(mfrow=c(1,2))
plot(Edata, series="male", datatype="rate", xlim=c(0,110), main = 'Tasa de mortalidad
hombres en España', cex.main=0.7)
plot(Edata, series="female", datatype="rate", xlim=c(0,110), main= 'Tasa de mortalidad
mujeres en España', cex.main=0.7)

# LC poisson
LCfit_Eh <- fit(lc(link="log"), data = EStMoMo_h, ages.fit = 0:110 , years.fit = 1975:2018)
LCfit_Em <- fit(lc(link="log"), data = EStMoMo_m, ages.fit = 0:110 , years.fit = 1975:2018)

# LC binomial
EStMoMo_hB <-central2initial(EStMoMo_h)
EStMoMo_mB <-central2initial(EStMoMo_m)
LCfit_EhB <- fit(lc(link="logit"), data = EStMoMo_hB, ages.fit = 0:100 , years.fit = 1975:2018)
LCfit_EmB <- fit(lc(link="logit"), data = EStMoMo_mB, ages.fit = 0:100 , years.fit = 1975:2018)
# Parámetros LC poisson
par(mfrow=c(2,2))
plot(LCfit_Eh$ax, main="ax",xlab="Age",ylab="ax",type="l",col="blue")
lines(x=LCfit_Eh$ages, y=LCfit_Em$ax,main="ax",col="red")
legend("topleft" ,c("Mujeres","Hombres"),cex=0.8,col=c("red","blue"),lty=1)
```

```

plot(LCfit_Eh$bx, main="bx", xlab="Age", ylab="bx", type="l", col="blue")
lines(x=LCfit_Eh$ages, y=LCfit_Em$bx,main="bx",col="red")
legend("bottomleft",c("Mujeres","Hombres"),cex=0.8,col=c("red","blue"),lty=1)

plot(x=LCfit_Eh$years,y=LCfit_Eh$kt[1,],main="kt", xlab="Years",ylab="kt",type="l",
col="blue", ylim= c(-50,50))

par(new=TRUE)

plot(x=LCfit_Em$years, y=LCfit_Em$kt[1,], main="kt", xlab="Years",
ylab="kt",type="l",col="red", ylim= c(-50,50))

legend("topright", c("Mujeres","Hombres"), cex=0.8, col=c("red","blue"),lty=1)

# RH poisson
RH <- rh(link = "log", cohortAgeFun = "1", approxConst=TRUE)
RHfit_h <-fit(RH, data=EStMoMo_h, ages.fit=0:110, years.fit=1975:2018,
start.ax =LCfit_Eh$ax, start.bx=LCfit_Eh$bx, start.kt=LCfit_Eh$kt)
RHfit_m <-fit(RH, data=EStMoMo_m, ages.fit=0:110, years.fit=1975:2018,
start.ax =LCfit_Em$ax, start.bx=LCfit_Em$bx, start.kt=LCfit_Em$kt)

# RH binomial
RHB <- rh(link = "logit", cohortAgeFun = "1", approxConst=TRUE)
RHfit_hB <-fit(RHB, data=EStMoMo_h, ages.fit=0:100, years.fit=1975:2018,
start.ax =LCfit_EhB$ax, start.bx=LCfit_EhB$bx, start.kt=LCfit_EhB$kt)
RHfit_mB <-fit(RHB, data=EStMoMo_m, ages.fit=0:100, years.fit=1975:2018,
start.ax =LCfit_EmB$ax, start.bx=LCfit_EmB$bx, start.kt=LCfit_EmB$kt)

# Parámetros RH
par(mfrow=c(2,2))
plot(RHfit_h$ax, main="ax",xlab="Age",ylab="ax",type="l",col="blue")
lines(x=RHfit_h$ages, y=RHfit_m$ax,main="ax",col="red")
legend("topleft",c("Mujeres","Hombres"),cex=0.8,col=c("red","blue"),lty=1)
plot(RHfit_h$bx, main="bx", xlab="Age", ylab="bx", type="l", col="blue", ylim=c(-0.02,0.07))

```



```

lines(x=RHfit_h$ages, y=RHfit_m$bx,main="bx",col="red", ylim=c(-0.02,0.07))
legend("topleft", c("Mujeres", "Hombres"),cex=0.8,col=c("red", "blue"),lty=1)
plot(x=RHfit_h$years,y=RHfit_h$kt[1,],main="kt", xlab="Years",ylab="kt",type="l",
col="blue", ylim=c(-30,60))
par(new=TRUE)
plot(x=RHfit_m$years, y=RHfit_m$kt[1,], main="kt", xlab="Years",
ylab="kt",type="l",col="red", ylim=c(-30,60))
legend("topright", c("Mujeres", "Hombres"), cex=0.8, col=c("red", "blue"),lty=1)
plot(x=RHfit_h$cohorts, y=RHfit_h$gc, main="cohorte", xlab="Cohorte",ylab="gc",
type="l",col="blue", ylim=c(-2,2.5))
par(new=TRUE)
plot(x=RHfit_m$cohorts, y=RHfit_m$gc, main="cohorte", xlab="Cohorte", ylab="gc",
type="l", col="red", ylim=c(-2,2.5))
legend("topright", c("Mujeres", "Hombres"), cex=0.8,col=c("red", "blue "),lty=1)

```

```
#Residuos LC poisson
```

```

LCres_h <- residuals(LCfit_Eh)
LCres_m <- residuals(LCfit_Em)
plot(LCres_h, type = "scatter", reslim = c(-4, 4))
title('Hombres', cex = 1.5)
plot(LCres_m, type = "scatter", reslim = c(-4, 4))
title('Mujeres', cex = 1.5)

```

```
#Residuos LC binomial
```

```

LCres_hB <- residuals(LCfit_EhB)
LCres_mB <- residuals(LCfit_EmB)
plot(LCres_hB, type = "scatter", reslim = c(-4, 4))
title('Hombres', cex = 1.5)
plot(LCres_mB, type = "scatter", reslim = c(-4, 4))
title('Mujeres', cex = 1.5)

```

```

#Residuos RH poisson
RHres_h <- residuals(RHfit_h)
RHres_m <- residuals(RHfit_m)
plot(RHres_h, type = "scatter", reslim = c(-4, 4))
title('Hombres', cex = 1.5)
plot(RHres_m, type = "scatter", reslim = c(-4, 4))
title('Mujeres', cex = 1.5)

#Residuos RH binomial
RHres_hB <- residuals(RHfit_hB)
RHres_mB <- residuals(RHfit_mB)
plot(RHres_hB, type = "scatter", reslim = c(-4, 4))
title('Hombres', cex = 1.5)
plot(RHres_mB, type = "scatter", reslim = c(-4, 4))
title('Mujeres', cex = 1.5)

#AIC poisson
AIC(LCfit_Eh)
AIC(LCfit_Em)
AIC(RHfit_h)
AIC(RHfit_m)
#AIC binomial
AIC(LCfit_EhB)
AIC(LCfit_EmB)
AIC(RHfit_hB)
AIC(RHfit_mB)

#BIC poisson
BIC(LCfit_Eh)
BIC(LCfit_Em)
BIC(RHfit_h)

```

```
BIC(RHfit_m)
```

```
#BIC binomial
```

```
BIC(LCfit_EhB)
```

```
BIC(LCfit_EmB)
```

```
BIC(RHfit_hB)
```

```
BIC(RHfit_mB)
```

```
#ECM poisson
```

```
d.est.LC_h <-fitted(LCfit_Eh, type="deaths")
```

```
d.est.RH_h <-fitted(RHfit_h, type="deaths")
```

```
ECMLC_h <-sqrt(mean((d.est.LC_h - LCfit_Eh$Dxt)^2, na.rm = TRUE))
```

```
ECMLC_h
```

```
ECMRH_h <-sqrt(mean((d.est.RH_h - RHfit_h$Dxt)^2, na.rm = TRUE))
```

```
ECMRH_h
```

```
d.est.LC_m <-fitted(LCfit_Em,type="deaths")
```

```
d.est.RH_m <-fitted(RHfit_m,type="deaths")
```

```
ECMLC_m <-sqrt(mean((d.est.LC_m - LCfit_Eh$Dxt)^2, na.rm = TRUE))
```

```
ECMLC_m
```

```
ECMRH_m <-sqrt(mean((d.est.RH_m - RHfit_m$Dxt)^2, na.rm = TRUE))
```

```
ECMRH_m
```

```
#ECM binomial
```

```
d.est.LC_hB <-fitted(LCfit_EhB, type="deaths")
```

```
d.est.RH_hB <-fitted(RHfit_hB, type="deaths")
```

```
ECMLC_hB <-sqrt(mean((d.est.LC_hB - LCfit_EhB$Dxt)^2, na.rm = TRUE))
```

```
ECMLC_hB
```

```
ECMRH_hB <-sqrt(mean((d.est.RH_hB - RHfit_hB$Dxt)^2, na.rm = TRUE))
```

```
ECMRH_hB
```

```
d.est.LC_mB <-fitted(LCfit_EmB,type="deaths")
```

```

d.est.RH_mB <-fitted(RHfit_mB,type="deaths")
ECMLC_mB <-sqrt(mean((d.est.LC_mB - LCfit_EhB$Dxt)^2, na.rm = TRUE))
ECMLC_mB
ECMRH_mB <-sqrt(mean((d.est.RH_mB - RHfit_mB$Dxt)^2, na.rm = TRUE))
ECMRH_mB

#EPAM poisson
EPAMLC_h <-mean(abs((d.est.LC_h - LCfit_Eh$Dxt)/d.est.LC_h), na.rm = TRUE)
EPAMLC_h
EPAMRH_h <-mean(abs((d.est.RH_h - RHfit_h$Dxt)/d.est.RH_h), na.rm = TRUE)
EPAMRH_h
EPAMLC_m <-mean(abs((d.est.LC_m - LCfit_Em$Dxt)/d.est.LC_m), na.rm = TRUE)
EPAMLC_m
EPAMRH_m <-mean(abs((d.est.RH_m - RHfit_m$Dxt)/d.est.RH_m), na.rm = TRUE)
EPAMRH_m

#EPAM binomial
EPAMLC_hB <-mean(abs((d.est.LC_hB - LCfit_EhB$Dxt)/d.est.LC_hB), na.rm = TRUE)
EPAMLC_hB
EPAMRH_hB <-mean(abs((d.est.RH_hB - RHfit_hB$Dxt)/d.est.RH_hB), na.rm = TRUE)
EPAMRH_hB
EPAMLC_mB <-mean(abs((d.est.LC_mB - LCfit_EmB$Dxt)/d.est.LC_mB), na.rm = TRUE)
EPAMLC_mB
EPAMRH_mB <-mean(abs((d.est.RH_mB - RHfit_mB$Dxt)/d.est.RH_mB), na.rm = TRUE)
EPAMRH_mB

#ARIMA poisson
library(forecast)
arima.RH_h <-auto.arima(RHfit_h$gc, allowdrift=TRUE)

```

```

arima.RH_h
arima.RH_m <- auto.arima(RHfit_m$gc, allowdrift=TRUE)
arima.RH_m

RHfor_h <- forecast(RHfit_h, h = 50, kt.method="iarima", gc.order = c(0, 0, 1))
plot(RHfor_h, only.kt = TRUE)
plot(RHfor_h, only.gc = TRUE)
RHfor_m <- forecast(RHfit_m, h = 50, kt.method="iarima", gc.order = c(3, 2, 0))
plot(RHfor_m, only.kt = TRUE)
plot(RHfor_m, only.gc = TRUE)

#ARIMA binomial
arima.RH_hB <- auto.arima(RHfit_hB$gc, allowdrift=TRUE)
arima.RH_hB
arima.RH_mB <- auto.arima(RHfit_mB$gc, allowdrift=TRUE)
arima.RH_mB

RHfor_hB <- forecast(RHfit_hB, h = 50, kt.method="iarima", gc.order = c(0, 0, 1))
plot(RHfor_hB, only.kt = TRUE)
plot(RHfor_hB, only.gc = TRUE)
RHfor_mB <- forecast(RHfit_m, h = 50, kt.method="iarima", gc.order = c(3, 2, 0))
plot(RHfor_mB, only.kt = TRUE)
plot(RHfor_mB, only.gc = TRUE)

#pronosticos tasas de mortalidad RH hombres puntual,low y up
#poisson hombres
q.RH_h.65 <-c()
for (i in 1:15){
q.RH_h.65[i] <- as.numeric(RHfor_h$rates[65+i,i]) }
lk <-as.vector(RHfor_h$kt.f$lower[,2])
q.RH_h.65.L<- c()

```

```

for (i in 1:15){
q.RH_h.65.L[i] <- as.numeric(RHfit_h$ax[65+i]+RHfit_h$bx[65+i]*lk[i]+ RHfit_h$gc[43])
}
q.RH_h.65.L<-exp(q.RH_h.65.L)
lku<-as.vector(RHfor_h$kt.f$upper[,2])
q.RH_h.65.U<- c()
for (i in 1:15){
q.RH_h.65.U[i] <- as.numeric(RHfit_h$ax[65+i]+RHfit_h$bx[65+i]*lku[i]+ RHfit_h$gc[43])
}
q.RH_h.65.U<-exp(q.RH_h.65.U)
c2H<-round(q.RH_h.65,4)
c3H<-round(q.RH_h.65.L,4)
c4H<-round(q.RH_h.65.U,4)

```

#binomial hombres

```

q.RH_hB.65 <-c()
for (i in 1:15){
q.RH_hB.65[i] <- as.numeric(RHfor_hB$rates[65+i,i]) }
lkB <-as.vector(RHfor_hB$kt.f$lower[,2])
q.RH_hB.65.L<- c()
for (i in 1:15){
q.RH_hB.65.L[i] <- as.numeric(RHfit_hB$ax[65+i]+RHfit_hB$bx[65+i]*lkB[i]+
RHfit_hB$gc[43])
}
q.RH_hB.65.L<-exp(q.RH_hB.65.L)

lkuB<-as.vector(RHfor_hB$kt.f$upper[,2])
q.RH_hB.65.U<- c()
for (i in 1:15){

```

```

q.RH_hB.65.U[i] <- as.numeric(RHfit_hB$ax[65+i]+RHfit_hB$bx[65+i]*lkuB[i]+
RHfit_hB$gc[43])
}
q.RH_hB.65.U<-exp(q.RH_h.65.U)
c5H<-round(q.RH_hB.65,4)
c6H<-round(q.RH_hB.65.L,4)
c7H<-round(q.RH_hB.65.U,4)

#PASEM2010H
PASEM2010H <- c(0.012703, 0.014059,0.015664, 0.017562, 0.019807, 0.02246, 0.025605,
0.029354, 0.033833, 0.039202, 0.045637, 0.053345, 0.062555, 0.073532, 0.086547)

# matriz de todos los datos: tabla de mortalidad hombres
c1H<-65:79
datos.H65<-cbind(c1H,c2H, c3H, c4H, c5H, c6H, c7H, PASEM2010H)
datos.H65

# poisson hombres
plot(x=c1H, y=c2H,main="qx",xlab="Age",ylab="qx",type="l",col="orange", ylim=c(0,0.09),
lty=2)
par(new=TRUE)
plot(x=c1H, y=c3H,main="qx",xlab="Age",ylab="qx",type="l",col="red", ylim=c(0,0.09), lty=2)
par(new=TRUE)
plot(x=c1H, y=c4H,main="qx",xlab="Age",ylab="qx",type="l",col="yellow", ylim=c(0,0.09),
lty=2)

#binomial hombres
par(new=TRUE)
plot(x=c1H, y=c5H,main="qx",xlab="Age",ylab="qx",type="l",col="blue", ylim=c(0,0.09),
lty=2)
par(new=TRUE)
plot(x=c1H, y=c6H,main="qx",xlab="Age",ylab="qx",type="l",col="purple", ylim=c(0,0.09),
lty=2)
par(new=TRUE)
plot(x=c1H, y=c7H,main="qx",xlab="Age",ylab="qx",type="l",col="green", ylim=c(0,0.09),
lty=2)
par(new=TRUE)
plot(x=c1H, y=PASEM2010H,main="qx",xlab="Age",ylab="qx",type="l",col="black",
ylim=c(0,0.09), lty=2)
legend("topleft",c("RH_P","RHL_P","RHU_P","RH_B","RHL_B","RHU_B",
"PASEM2010"),cex=0.8, col=c("orange","red","yellow", "blue","purple","green",
"black"),lty=1)

```

```

#Valor actual actuarial hombres
#d2H es el coeficiente que se relaciona con c2H="RH_P"
d2H<-cumprod(1-c2H)
d2H<-d2H[-15]
d2H<-c(1,d2H)
d2H<-round(d2H,4)
vaa2H<-c()
for(i in 1:15){
vaa2H[i]<-(1.02)^(-i)*d2H[i]*c2H[i]
}
VAAs2H<-round(60000*sum(vaa2H),3)
VAAs2H

```

```

#d3H es el coeficiente que se relaciona con c3H="RHL_P"
d3H<-cumprod(1-c3H)
d3H<-d3H[-15]
d3H<-c(1,d3H)
d3H<-round(d3H,4)
vaa3H<-c()
for(i in 1:15){
vaa3H[i]<-(1.02)^(-i)*d3H[i]*c3H[i]
}
VAAs3H<-round(60000*sum(vaa3H),3)
VAAs3H

```

```

#d4H es el coeficiente que se relaciona con c4H="RHU_P"
d4H<-cumprod(1-c4H)
d4H<-d4H[-15]
d4H<-c(1,d4H)
d4H<-round(d4H,4)
vaa4H<-c()
for(i in 1:15){
vaa4H[i]<-(1.02)^(-i)*d4H[i]*c4H[i]
}
VAAs4H<-round(60000*sum(vaa4H),3)
VAAs4H

```

```

#d5H es el coeficiente que se relaciona con c5H="RH_B"
d5H<-cumprod(1-c5H)
d5H<-d5H[-15]
d5H<-c(1,d5H)
d5H<-round(d5H,4)
vaa5H<-c()
for(i in 1:15){

```



```

vaa5H[i]<-(1.02)^(-i)*d5H[i]*c5H[i]
}
VAAs5H<-round(60000*sum(vaa5H),3)
VAAs5H

```

```

#d6H es el coeficiente que se relaciona con c6="RHL_B"
d6H<-cumprod(1-c6H)
d6H<-d6H[-15]
d6H<-c(1,d6H)
d6H<-round(d6H,4)
vaa6H<-c()
for(i in 1:15){
vaa6H[i]<-(1.02)^(-i)*d6H[i]*c6H[i]
}
VAAs6H<-round(60000*sum(vaa6H),3)
VAAs6H

```

```

#d7 es el coeficiente que se relaciona con c7="RHU_B"
d7H<-cumprod(1-c7H)
d7H<-d7H[-15]
d7H<-c(1,d7H)
d7H<-round(d7H,4)
vaa7H<-c()
for(i in 1:15){
vaa7H[i]<-(1.02)^(-i)*d7H[i]*c7H[i]
}
VAAs7H<-round(60000*sum(vaa7H),3)
VAAs7H

```

```

# d8 es el coeficiente que se relaciona con PASEM2010
d8H<-cumprod(1 - PASEM2010H)
d8H<-d8H[-15]
d8H<-c(1,d8H)
d8H<-round(d8H,4)
vaa8H<-c()
for(i in 1:15){
vaa8H[i]<-(1.02)^(-i)*d8H[i]*PASEM2010H[i]
}
VAAs8H<-round(60000*sum(vaa8H),3)
VAAs8H

```

```

escenario1<-c(VAAs2H,VAAs3H,VAAs4H,VAAs5H,VAAs6H,VAAs7H, VAAs8H)
escenario1

```

```

#pronosticos tasas de mortalidad RH mujeres puntual,low y up

```

```

#poisson mujeres
q.RH_m.65 <-c()
for (i in 1:15){
q.RH_m.65[i] <- as.numeric(RHfor_m$rates[65+i,i]) }
lk <-as.vector(RHfor_m$kt.f$lower[,2])
q.RH_m.65.L<- c()
for (i in 1:15){
q.RH_m.65.L[i] <- as.numeric(RHfit_m$ax[65+i]+RHfit_m$bx[65+i]*lk[i]+ RHfit_m$gc[43])
}
q.RH_m.65.L<-exp(q.RH_m.65.L)
lku<-as.vector(RHfor_m$kt.f$upper[,2])
q.RH_m.65.U<- c()
for (i in 1:15){
q.RH_m.65.U[i] <- as.numeric(RHfit_m$ax[65+i]+RHfit_m$bx[65+i]*lku[i]+ RHfit_m$gc[43])
}
q.RH_m.65.U<-exp(q.RH_m.65.U)
c2M<-round(q.RH_m.65,4)
c3M<-round(q.RH_m.65.L,4)
c4M<-round(q.RH_m.65.U,4)

#binomial mujeres
q.RH_mB.65 <-c()
for (i in 1:15){
q.RH_mB.65[i] <- as.numeric(RHfor_mB$rates[65+i,i]) }
lkB <-as.vector(RHfor_mB$kt.f$lower[,2])
q.RH_mB.65.L<- c()
for (i in 1:15){
q.RH_mB.65.L[i] <- as.numeric(RHfit_mB$ax[65+i]+RHfit_mB$bx[65+i]*lkB[i]+ RHfit_mB$gc[43])
}
q.RH_mB.65.L<-exp(q.RH_mB.65.L)
lkuB<-as.vector(RHfor_mB$kt.f$upper[,2])
q.RH_mB.65.U<- c()
for (i in 1:15){

```

```

q.RH_mB.65.U[i] <- as.numeric(RHfit_mB$ax[65+i]+RHfit_mB$bx[65+i]*lkuB[i]+ RHfit_mB$gc[43])
}
q.RH_mB.65.U<-exp(q.RH_mB.65.U)
c5M<-round(q.RH_mB.65,4)
c6M<-round(q.RH_mB.65.L,4)
c7M<-round(q.RH_mB.65.U,4)

#PASEM2010M
PASEM2010M <- c(0.006501, 0.007148, 0.007931, 0.008878, 0.009992, 0.011267, 0.012705,
0.014313, 0.017578, 0.021666, 0.026885, 0.030905, 0.035669, 0.041312, 0.047972)

# matriz de todos los datos: tabla de mortalidad mujeres
c1M<-65:79
datos.M65<-cbind(c1M,c2M,c3M,c4M,c5M,c6M,c7M)
datos.M65

# poisson mujeres
plot(x=c1M, y=c2M,main="qx",xlab="Age",ylab="qx",type="l",col="orange", ylim= c(0, 0.03))
par(new=TRUE)
plot(x=c1M, y=c3M,main="qx",xlab="Age",ylab="qx",type="l",col="red", ylim= c(0, 0.03))
par(new=TRUE)
plot(x=c1M, y=c4M,main="qx",xlab="Age",ylab="qx",type="l",col="yellow", ylim= c(0, 0.03))
par(new=TRUE)
legend("topleft",c("RH_P","RHL_P","RHU_P"),cex=0.8, col=c("orange","red","yellow"),lty=1)

#binomial mujeres
par(new=TRUE)
plot(x=c1H, y=c5M,main="qx",xlab="Age",ylab="qx",type="l",col="blue", ylim=c(0,0.03))
par(new=TRUE)
plot(x=c1H, y=c6M,main="qx",xlab="Age",ylab="qx",type="l",col="purple", ylim=c(0,0.03))
par(new=TRUE)
plot(x=c1H, y=c7M,main="qx",xlab="Age",ylab="qx",type="l",col="green", ylim= c(0, 0.03))
legend("topleft",c("RH_B","RHL_B","RHU_B"),cex=0.8, col=c("blue","purple","green"),lty=1)

```

```

#Valor actual actuarial mujeres
#d2M es el coeficiente que se relaciona con c2M="RH_P"
d2M<-cumprod(1-c2M)
d2M<-d2M[-15]
d2M<-c(1,d2M)
d2M<-round(d2M,4)
vaa2M<-c()
for(i in 1:15){
vaa2M[i]<-(1.02)^(-i)*d2M[i]*c2M[i]
}
VAAs2M<-round(60000*sum(vaa2M),3)
VAAs2M
#d3M es el coeficiente que se relaciona con c3M="RHL_P"
d3M<-cumprod(1-c3M)
d3M<-d3M[-15]
d3M<-c(1,d3M)
d3M<-round(d3M,4)
vaa3M<-c()
for(i in 1:15){
vaa3M[i]<-(1.02)^(-i)*d3M[i]*c3M[i]
}
VAAs3M<-round(60000*sum(vaa3M),3)
VAAs3M
#d4M es el coeficiente que se relaciona con c4M="RHU_P"
d4M<-cumprod(1-c4M)
d4M<-d4M[-15]
d4M<-c(1,d4M)
d4M<-round(d4M,4)
vaa4M<-c()
for(i in 1:15){
vaa4M[i]<-(1.02)^(-i)*d4M[i]*c4M[i]
}

```

```

VAAs4M<-round(60000*sum(vaa4M),3)
VAAs4M
#d5M es el coeficiente que se relaciona con c5M="RH_B"
d5M<-cumprod(1-c5M)
d5M<-d5M[-15]
d5M<-c(1,d5M)
d5M<-round(d5M,4)
vaa5M<-c()
for(i in 1:15){
vaa5M[i]<-(1.02)^(-i)*d5M[i]*c5M[i]
}
VAAs5M<-round(60000*sum(vaa5M),3)
VAAs5M
#d6M es el coeficiente que se relaciona con c6M="RHL_B"
d6M<-cumprod(1-c6M)
d6M<-d6M[-15]
d6M<-c(1,d6M)
d6M<-round(d6M,4)
vaa6M<-c()
for(i in 1:15){
vaa6M[i]<-(1.02)^(-i)*d6M[i]*c6M[i]
}
VAAs6M<-round(60000*sum(vaa6M),3)
VAAs6M
#d7M es el coeficiente que se relaciona con c7M="RHU_B"
d7M<-cumprod(1-c7M)
d7M<-d7M[-15]
d7M<-c(1,d7M)
d7M<-round(d7M,4)
vaa7M<-c()
for(i in 1:15){
vaa7M[i]<-(1.02)^(-i)*d7M[i]*c7M[i]
}

```

```
VAA7M<-round(60000*sum(vaa7M),3)
```

```
VAA7M
```

```
# d8 es el coeficiente que se relaciona con PASEM2010
```

```
d8M<-cumprod(1 - PASEM2010M)
```

```
d8M<-d8M[-15]
```

```
d8M<-c(1,d8M)
```

```
d8M<-round(d8M,4)
```

```
vaa8M<-c()
```

```
for(i in 1:15){
```

```
vaa8M[i]<-(1.02)^(-i)*d8M[i]*PASEM2010M[i]
```

```
}
```

```
VAA8M<-round(60000*sum(vaa8M),3)
```

```
VAA8M
```

```
escenario2<-c(VAA2M,VAA3M,VAA4M,VAA5M,VAA6M,VAA7M, VAA8M)
```

```
escenario2
```