Estudio de la mortalidad por causas en el caso español. Similitudes y predicción.

Trabajo Final de Máster

Máster en Ciencias Actuariales y Financieras

Juan José Vidal

Curso 2016-2017

Departamento de Economía Aplicada y Actuarial

Índice

1. Introducción

Un poco de historia

El fenómeno de la mortalidad ha sido de interés a lo largo de la historia de la sociedad moderna. El uso de los modelos demográficos nos ayuda a predecir la evolución de una población, y consiguientemente, actuar de una manera más adecuada. Al usar tales modelos, se acepta implícitamente que el modelo es factible y que, además, capta y reproduce los rasgos básicos del mismo ejemplo.
El concepto de una tabla de vida fue creación de John Graunt (1620-1674), cuando en 1662 en uno de sus trabajos incluyó la primera tabla de mortalidad de la historia, donde se muestran los números de supervivientes a la edad sucesiva de cada 100 concepciones "rápidas" o nacidos vivos. Según sus cifras, sólo el 25 por ciento vivía a los 26 años, y un 1 por ciento a los 76. La importancia de la tabla de Graunt es el uso del concepto de una tabla utilizando datos de mortalidad para obtener las proporciones que sobreviven a cada edad. Con respecto a las estadísticas de la tabla, ha habido controversia sobre su autenticidad por la forma en que se calcularon otras variables [13].
Respecto a su aplicación en el mundo de los seguros, la tabla de mortalidad ha sido uno de los descubrimientos más influyentes de la demografía. Examina la cifra de la mortalidad, la medición de la esperanza de vida y el grado en el que la muerte disminuye las cifras de población a medida que aumentan las edades. Es una medida importante de progreso, un indicador válido de las poblaciones para ver si se acercan al objetivo de larga vida para todos, que tiene que ver con la supervivencia y la longitud de la vida [11].

Objetivos

El objetivo principal de este trabajo es estudiar por separado las causas de mortalidad en España, con el objetivo de ajustar a partir del modelo de Lee-Carter cada una de las causas y agregar las predicciones realizadas por separado, para así poder obtener una predicción más precisa de la mortalidad total. Los datos han sido tomados del INE, para los años desde el 1987 al 2014.
Debido a que hay diversas causas que presentan pocos datos, se ha propuesto unirlas junto a causas que tengan más datos, a partir de algoritmos de clustering para la similitud en la evolución histórica, así, juntaremos las causas que hayan tenido una evolución similar.
La formalización de las causas ha sido intentada pero no plenamente estudiada por varios investigadores. El problema de existencia de solución para un modelo concreto de mortalidad se estudia en [28]. Lo que intentamos en este trabajo es formalizar tales conceptos, a parte de aportar un estudio práctico sobre la mortalidad por causas en España. Pocos trabajos tocan países europeos [8], sólo estudian pocas causas y vagamente obtienen resultados sobre la mortalidad total. La obtención de la agregación de la mortalidad provocaría una mayor predicción de ésta, podiendo así saber también cuáles son las carencias de la población. Bajo la inclusión de presupuestos, serviría para observar los sectores más necesitados presupuestariamente [21], a parte de que las nuevas técnicas de modelización de la mortalidad son un tema de amplio interés demográfico.
Otro tema también de interés que se tratará brevemente es la dependencia de las causas, ya que se considera comunmente que éstas son independientes, y existen diversos estudios

que nos hacen creerlo [29][30][23]. Se observará tales correlaciones y se intentará construir un modelo acorde.

Overwrite

Este trabajo se estructura en tres grandes partes, los Preliminares y la notación, donde se explicará la nomenclatura que se utilizará a lo largo del estudio, a parte de incluir razonamientos sobre la consideración (o no) de la dependencia entre las causas de mortalidad, y distintas fórmulas de cálculo de la esperanza de vida. Seguidamente, en la sección Metodología, se explicará cómo se han obtenido los datos, el porqué del estudio, qué tipos de algoritmos de clasificación existen y cuáles utilizaremos, a parte de métodos de validación para éstos, finalizando con los modelos de mortalidad de Lee-Carter y ARIMA, que se utilizarán en la parte práctica. La última parte, en la que se incluyen las secciones 4, 5 y 6, se presentan las causas de mortalidad y cómo se distribuyen a lo largo de los años estudiados (1987-2014). Seguidamente se presentarán los resultados obtenidos haciendo inciso en cada uno de los gráficos presentados y justificando todo su análisis. Finalizaremos el trabajo con unas conclusiones que justifican y reafirman el estudio de la mortalidad por causas inicialmente planteado frente al estudio de la mortalidad total.

2. Preliminares y notación

A continuación se presentarán los diversos términos que se han utilizado a lo largo del trabajo, con el objetivo de crear un consenso al menos dentro de éste. Se añaden diversas expresiones las cuales quedan demostradas a continuación.

2.1. Probabilidad sobre una cabeza

Destacar que, aunque no se especifique en la nomenclatura, las siguientes variables son concretas para un año, siendo el conjunto de datos que utilizaremos en la parte práctica la unión de todos estos.

Supervivencia

Las primeras variables que definiremos son las relacionadas con la supervivencia, empezando por los supervivientes:

$$l_x \quad \text{(Supervivientes de } x \text{ años)}$$

Así pues, podemos definir la probabilidad de supervivencia como:

$$p_x \equiv {}_1p_x = \frac{l_{x+1}}{l_x} \quad \text{(Probabilidad de supervivencia de un año)}$$

de la cual se puede deducir la probabilidad de supervivencia de t años:

$${}_tp_x = \frac{l_{x+t}}{l_x} \quad \text{(Probabilidad de supervivencia en } t \text{ años)}$$

Existen muchas más variables relacionadas con la supervivencia, pero en este trabajo sólo utilizaremos las anteriores.

Mortalidad

Pasamos ahora a definir las funciones biométricas relacionadas con los fallecimientos. Iniciaremos con el número de fallecidos para una edad o grupo de edades x:

$$d_x = l_x - l_{x+1} \quad \text{(Fallecidos de } x \text{ años)}$$

Al igual que se ha realizado para las variables relacionadas con la supervivencia, trivialmente se puede obtener la probabilidad de fallecimiento dividiendo los fallecidos por el número total de expuestos (supervivientes):

$${}_{t/}q_x = \frac{d_{x+t}}{l_x} \quad \text{(Probabilidad de fallecimiento el año } x+t \text{ desde el año } t)$$

Obviamente se cumple que $p_x + q_x = 1$. Así pues, podemos definir la probabilidad de fallecimiento en los próximos t años como:

$${}_tq_x = \frac{l_x - l_{x+t}}{l_x} = \sum_{i=0}^{t-1} {}_{i/}q_x \quad \text{(Probabilidad de fallecimiento en } t \text{ años)}$$

Finalmente nos queda definir el tanto central de mortalidad, que utilizaremos en el modelo de Lee-Carter:

$$m_x = \frac{d_x}{l_x + d_x/2} \overbrace{=}^{\text{Linealidad de defunciones}} \frac{2q_x}{2 - q_x} \quad \text{(Tanto central de mortalidad para la edad } x\text{)}$$

Esperanza de vida

La esperanza de vida se calcula como suma de las probabilidades de supervivencia desde la edad actual hasta la edad máxima actuarial:

$$e_x = \frac{\sum_{i=1}^{\omega-x} l_{x+i}}{l_x} = p_x + {}_2p_x + \cdots + {}_{\omega-x}p_x = \sum_{i=1}^{\omega-x} {}_ip_x$$

2.2. Introducción a las causas de mortalidad

Consideraremos $\Omega = \{j_1, j_2, \ldots, j_N\}$ el conjunto de causas de mortalidad (aunque empezaremos sólo considerando una única causa). Después lo extenderemos a dos causas y finalmente a un conjunto de causas, relacionándolo con la mortalidad total. Cabe destacar que por ahora no se considerará la relación entre ellas, por lo que las tomaremos como causas independientes, siguiendo el razonamiento de [30].

$$d_x^j = l_x - l_{x+1} \quad \text{(Fallecidos con una edad cumplida de } x \text{ años por la causa } j\text{)}$$

Queda claro que, debido a la independencia de las causas, $\sum_{j\in\Omega} d_x^j = d_x$.

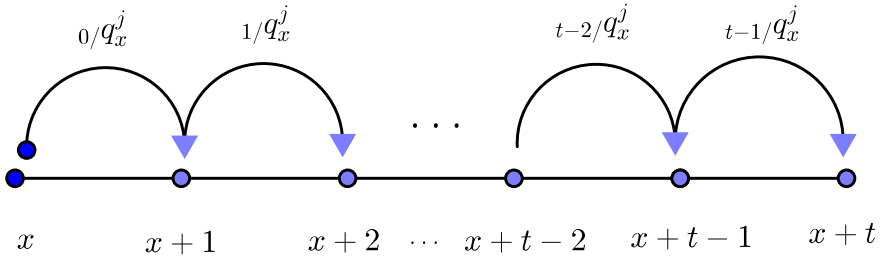
$$q_x^j = \frac{d_x^j}{l_x} \quad \text{(Probabilidad de fallecimiento el año } x \text{ por la causa } j\text{)}$$

Fácilmente observamos que $\sum_{j\in\Omega} q_x^j = q_x$, por lo que podremos caracterizar la probabilidad de muerte por la causa j en el año $x + t$ desde el momento x:

$${}_{t/}q_x^j = \frac{d_{x+t}^j}{l_x} \longrightarrow \sum_{j\in\Omega} {}_{t/}q_x^j = \frac{\sum_{j\in\Omega} d_x^j}{l_x} = \frac{d_{x+t}}{l_x} = {}_{t/}q_x$$

Y así, podremos calcular la probabilidad de fallecer por la causa j en el intervalo de edades $[x, x + t]$:

$${}_tq_x^j = \sum_{i=0}^{t-1} {}_{i/}q_x^j = \frac{\sum_{i=0}^{t-1} d_{x+i}^j}{l_x}$$



Para dos causas j y k la formulación es sencilla, ya que se ha asumido una denominacón de la mortalidad como una "partición" de las posibles causas. Empezaremos con la probabilidad de fallecimiento diferido:

$$ {}_{t/}q_x^{jk} = {}_{t/}q_x^{j} + {}_{t/}q_x^{k} = \frac{d_{x+t}^j + d_{x+t}^k}{l_x} $$

Entonces podremos obtener la probabilidad de muerte en los siguientes años como suma de los diferidos intermedios:

$$ {}_{t}q_x^{jk} = \sum_{i=0}^{t-1} {}_{i/}q_x^{jk} = \sum_{i=0}^{t-1} {}_{i/}q_x^{j} + {}_{i/}q_x^{k} = \frac{\sum_{i=0}^{t-1} {}_{i/}q_x^{j} + \sum_{i=0}^{t-1} {}_{i/}q_x^{k}}{l_x} $$

Y así pues, lo podremos generalizar para un conjunto $\Lambda = \{j_1, j_2, \ldots, j_m\} \subseteq \Omega$ de causas de mortalidad:

$$ {}_{t/}q_x^{\Lambda} = {}_{t/}q_x^{j_1} + {}_{t/}q_x^{j_2} \cdots {}_{t/}q_x^{j_m} = \sum_{j\in\Lambda} {}_{t/}q_x^{j} = \sum_{j\in\Lambda} \frac{d_{x+t}^j}{l_x} $$

Y lo generalizamos para la probabilidad temporal:

$$ {}_{t}q_x^{\Lambda} = \sum_{i=0}^{t-1} {}_{i/}q_x^{\Lambda} = \sum_{i=0}^{t-1}\sum_{j\in\Lambda} {}_{i/}q_x^{j} = \sum_{j\in\Lambda}\sum_{i=0}^{t-1} {}_{i/}q_x^{j} = \sum_{j\in\Lambda} {}_{t}q_x^{j} = \sum_{j\in\Lambda} \frac{\sum_{i=0}^{t-1} d_{x+i}^j}{l_x} $$

Claramente, en el caso particular en el que se consideran todas las causas, es decir, $\Lambda = \Omega$, se obtienen los siguientes resultados:

$$ {}_{t/}q_x^{\Omega} = \sum_{j\in\Omega} \frac{d_{x+t}^j}{l_x} = \frac{d_{x+t}}{l_x} $$

$$ {}_tq_x^{\Omega} = \sum_{j\in\Omega} {}_tq_x^j = {}_tq_x = \frac{l_x - l_{x+t}}{l_x} $$

2.3. La dependencia de las causas

Definiremos un nuevo elemento como función biométrica:

$\gamma_{x,j}^{(k)} \equiv$ Porcentaje de pertenencia a la causa j del fallecimiento k de la cohorte con edad x

Es decir, consideramos todas las muertes de la cohorte de una edad ordenadas por su ocurrencia, y le asociamos a cada una un porcentaje de cada una de las posibles causas consideradas. Esto es, generalizar los conceptos del apartado anterior ya que antes se consideraba que una muerte sólo podía ser generada por una causa, y en este epígrafe se considera lo contrario.

Así pues, las primeras propiedades de este elemento son:

$$ \sum_{j\in\Omega} \gamma_{x,j}^{(k)} = 1 \quad \forall x,k \;\; x = 0,\ldots,\omega \;\; k = 0,\ldots,d_x \tag{1} $$

$$ d_x^j = \sum_{i=1}^{d_x} \gamma_{x,j}^{(i)} \tag{2} $$

$$ d_x = \sum_{j\in\Omega} d_x^j \tag{3} $$

Debemos notar ahora que el número de fallecidos por cada causa no tiene que ser entero, sino racional, aunque una vez sumados, debido a la propiedad 1, los fallecidos totales de la edad x de la propiedad 3 se obtendrán enteros. Veámoslo con un ejemplo:

Suponemos una población ficticia simple. En la edad de 63 años han habido 3 muertes y sólo dos causas, la causa 1 y la causa 2. La tabla de relación de los fallecimientos es la que sigue:

$\gamma_{x,j}^{(k)}$	Muertes		
Edad = 63 años	1	2	3
Causa 1	0.4	0	0.9
Causa 2	0.6	1	0.1

La propiedad 1 se comprueba fácilmente sumando por columnas:

$$ \sum_{j=1}^{2} \gamma_{63,j}^{(k)} = 1 \quad \forall k = 1,2,3 $$

La propiedad 2 nos indica las defunciones de cada una de las causas, y se obtiene sumando por filas:

$$ d_{63}^1 = \sum_{i=1}^{3} \gamma_{63,1}^{i} = 0{,}4 + 0 + 0{,}9 = 1{,}3 $$

$$d_{63}^2 = \sum_{i=1}^{3} \gamma_{63,2}^i = 0{,}6 + 1 + 0{,}1 = 1{,}7$$

Se han obtenido así que los fallecidos por la causa 1 son 1.3 (recordemos que en el caso de las causas dependientes no se tienen porqué obtener defunciones por causas enteras), y por la causa 2, 1.7 fallecimientos de individuos de 63 años.

La última propiedad es la de los fallecimientos totales de la población, y se obtiene a partir de la suma de los fallecimientos de todas las causas. Lógicamente, tendrá que coincidir con el número de muertes indexadas inicialmente en la tabla.

$$d_{63} = \sum_{j=1}^{2} d_x^j = 1{,}3 + 1{,}7 = 3$$

Como hemos observado, la desagregación de dependencia de las causas de mortalidad produce un estudio más exhaustivo de las causas, aunque cabe destacar la gran dificultad de toma de tales correlaciones y el sesgo que se produciría. Aún así, los datos obtenidos ajustarían con más precisión la mortalidad y pueden ser agregados para formar la mortalidad total de la población y así poder generar mejores predicciones. Actualmente en España los partes de defunción indican las diversas causas de fallecimiento aunque sólo acaba indexándose la principal, por lo que no supondría un gran esfuerzo recopilar también el porcentaje de pertenencia de las causas secundarias de muerte, por este mismo motivo, en este trabajo consideraremos las causas independientes, siguiendo estas restricciones y el razonamiento de [30].

2.4. La expresión de la esperanza de vida a partir de las causas de mortalidad

Si las causas son independientes, la esperanza de vida se puede expresar como:

$$e_x = (\omega - x) - \sum_{j \in \Omega} \sum_{i=0}^{\omega - x - 1} (\omega - x - i)\, {}_{i/}q_x^j$$

Demostración.

Sabemos que:

$$e_x = \frac{\sum_{i=1}^{\omega - x} l_{x+i}}{l_x} = \frac{l_{x+1} + l_{x+2} + \cdots + l_\omega}{l_x}$$

Si desbrozamos todos los supervivientes como:

$$d_x = l_x - l_{x+1} \quad \rightsquigarrow \quad l_{x+1} = l_x - d_x$$

$$d_{x+1} = l_{x+1} - l_{x+2} \quad \rightsquigarrow \quad l_{x+2} = l_{x+1} - d_{x+1} = l_x - d_x - d_{x+1}$$

$$d_{x+2} = l_{x+2} - l_{x+3} \quad \rightsquigarrow \quad l_{x+3} = l_{x+2} - d_{x+2} = l_x - d_x - d_{x+1} - d_{x+2}$$

$$\vdots$$

$$l_{x+t} = l_x - \sum_{i=0}^{t-1} d_{x+i}$$

Por tanto reescribimos la esperanza de vida:

$$e_x = \frac{(l_x - \sum_{i=0}^{0} d_{x+i}) + (l_x - \sum_{i=0}^{1} d_{x+i}) + \overbrace{\dots}^{\omega-x)} + (l_x - \sum_{i=0}^{\omega-x-1} d_{x+i})}{l_x} =$$

$$= (\omega - x) - \frac{(d_x) + (d_x + d_{x+1}) + \overbrace{\dots}^{\omega-x)} + (d_x + \dots d_{\omega-x-1})}{l_x} =$$

$$= (\omega - x) - \frac{(\omega - x)d_x + (\omega - x - 1)d_{x+1} + \overbrace{\dots}^{\omega-x)} + 2d_{\omega-x-2} + d_{\omega-x-1}}{l_x} =$$

$$= (\omega - x) - \frac{\sum_{i=0}^{\omega-x-1} (\omega - x - i)d_{x+i}}{l_x} = (\omega - x) - \sum_{i=0}^{\omega-x-1} (\omega - x - i)\,{}_{i/}q_x =$$

$$= (\omega - x) - \sum_{i=0}^{\omega-x-1} (\omega - x - i) \sum_{j \in \Omega} \frac{d^j_{x+i}}{l_x} =$$

$$= (\omega - x) - \sum_{j \in \Omega} \sum_{i=0}^{\omega-x-1} (\omega - x - i)\,{}_{i/}q^j_x$$

□

Otro método que podemos utilizar es el de caracterizar la esperanza de vida respecto a algunas causas en concreto, es decir, calcular los años esperados que se estima vivir sin fallecer por una (o varias) causas. Esto se obtiene fácilmente a partir de la expresión de la esperanza de vida y un poco de álgebra.

Sabemos que la esperanza de vida tiene la siguiente expresión:

$$e_x = \frac{\sum_{i=1}^{\omega-x} l_{x+i}}{l_x} = p_x + {}_2p_x + \dots + {}_{\omega-x}p_x = \sum_{i=1}^{\omega-x} {}_ip_x$$

Por tanto si lo expresamos como tantos de mortalidad por causas quedará:

$$e_x = \sum_{i=1}^{\omega-x} 1 - {}_iq_x = \sum_{i=1}^{\omega-x} (1 - \sum_{j \in \Omega} {}_iq^j_x) =: e^{\Omega}_x$$

Por lo que si queremos restringir la esperanza de vida a algún grupo de causas o a una única en concreto, esto se realizará modificando el subconjunto de causas que se tome,

es decir, estudiarlo para un conjunto de causas $\Lambda \subseteq \Omega$ como:

$$e_x^{\Lambda} = \sum_{i=1}^{\omega - x} (1 - \sum_{j \in \Lambda} {}_i q_x^j)$$

Tendríamos así otra expresión de la esperanza de vida dependiente de las causas de mortalidad. Esta función se interpreta como los años esperados a vivir siendo el fallecimiento provocado por alguna de las causas incluídas en Λ. Esta fórmula puede ser de gran utilidad en muchos cálculos actuariales debido a que se puede precisar aún más el cálculo que se realice sobre el asegurado y la tarificación que se le aplique, pudiendo llegar incluso a asegurar (o excluir) algunas causas de fallecimiento.

3. Metodología

Para la realización de este trabajo se han utilizado el modelo de Lee-Carter a partir del paquete *demography* [38] del programa estadístico *R* [36]. La metodología utilizada ha sido exlicada a lo largo del trabajo en las secciones anteriores. Adicionalmente, en el anexo se puede encontrar el listado de causas de mortalidad extraído íntegramente. Es recomendable que junto a la lectura de este trabajo, se visite el repositorio de GitHub `https://github.com/JuanJoseVidal/Mortalidad-por-causas.-Desagregaci-n-y-predicci-n.` , en el que se podrán encontrar tanto el código creado y ejecutado, como las tablas de resultados y gráficos obtenidos.

3.1. Obtención de los datos

Los datos utilizados han sido extraídos de las siguientes direcciones en la web del INE. Las defunciones por causas se extraen de `http://www.ine.es/jaxiT3/Tabla.htm?t=7947&L=0` y la cohorte de supervivientes se toma desde las series históricas de las tablas de mortalidad en `http://www.ine.es/jaxi/Tabla.htm?path=/t20/p319a/serie/p02/l0/&file=02001.px&L=0`. Los datos se organizan del siguiente modo:

Las defunciones por causas incluyen las muertes para cada uno de los grupos de causas de mortalidad desde el año 1987 hasta el 2014 y para los grupos de edad de 0 a 1 años, de 1 a 4 años y grupos de edad de 5 años (5-9, 10-14, 15-19, ...) hasta llegar a 95 o más años, donde se agrupa toda la cola restante. Se ha comprobado que la suma de estas causas resulta exactamente la mortalidad total que se puede obtener de las tablas de mortalidad también descargadas.

Según el INE, la Estadística de Defunciones según la Causa de Muerte constituye una de las fuentes de información más importantes en el campo de la Sanidad. Las defunciones son consecuencia de un conjunto de causas de tipo biológico, económico, sanitario y social. Por ello, es preciso disponer de información, no sólo del número de fallecimientos que se producen en un país en un determinado período, sino también de todas aquellas circunstancias que rodean el acontecimiento para facilitar la actuación de las Administraciones Sanitarias y del resto de las fuerzas sociales. Este hecho unido a la escasa disponibilidad de indicadores fiables y exhaustivos para evaluar el nivel de salud de la población, ha motivado que siga incrementándose la demanda de esta estadística, cuyos principales objetivos son los siguientes:

3.2. Ventajas del estudio de la mortalidad

Así pues, comenzaremos con los ventajas que propone el INE para justificar el estudio de la mortalidad:

1. Proporcionar información sobre la mortalidad atendiendo a la causa básica de la defunción según la CIE, su distribución por grupos de edad, sexo y otras variables de clasificación.

2. Conocer las muertes fetales tardías atendiendo a la causa de la defunción según la CIE.

3. Medir la mortalidad perinatal, proporcionando la base para la obtención de indicadores que permitan evaluar la cobertura y calidad de los servicios sanitarios.

4. Hacer posible la construcción de series históricas para estudiar la evolución de la prevalencia de determinadas causas de defunción, así como otros estudios que satisfagan las necesidades de información que las Administraciones Sanitarias tengan planteadas.

5. Realizar comparaciones territoriales sobre el comportamiento de la mortalidad por grupos de causas de muerte.

6. Suministrar la base para la construcción de indicadores sanitarios recomendados por los Organismos Internacionales.

Queda claro que la modelización de la mortalidad supone una importante labor en el desarrollo demográfico de un estado, ya que facilita la comprensión de su evolución y permite actuaciones preventivas debido a que identifica posibles carencias poblacionales.

3.3. Métodos de clasificación

A continuación introduciremos los dos grandes tipos de algoritmos que utiliza todo estadístico como herramienta de clasificación, los métodos supervisados y no supervisados. Dentro de éstos últimos encontramos el clustering, que será el método que más profundizaremos, ya que es el que se utilizará en la parte práctica del trabajo.

La classificación supervisada

El aprendizaje supervisado recoje todas aquellas técnicas los objetivos de las cuales es inferir una función o regla de decisión a partir de lo que se conoce como conjunto de entrenamiento. En este problema de clasificación tenemos un conocimiento a priori de objetos ya etiquetados para la tarea de clasificar de nuevo. El problema se divide en dos fases:

1. En la primera se dispone de un conjunto de entrenamiento a partir del cual se construye un modelo para clasificar. Es habitual que el conjunto de entrenamiento se divida en dos, tomando un porcentaje de los datos para validar y optimizar el clasificador.

2. En la segunda fase se aplica el modelo obtenido para determinar la categoria de cada nuevo dato.

El problema de la clasificación supervisada ha sido abordado desde distintos enfoques. Podemos encontrar algoritmos basados en las distancias a los elementos de cada clase, como es el clásico *k-means* o el *knn* (del inglés *k-nearest neighborhoods*). Estos métodos son los denominados no paramétricos [2]. Los también muy extendidos son los paramétricos o de máxima probabilidad, que basan sus reglas de clasificación discriminante en las funciones de distribución de los datos de entrenamiento [33].

Una de las metodologias con mayor aplicación en los últimos tiempos son las denominadas *Support Vector Machines* (SVM), que son un conjunto de algoritmos que han

proporcionado muy buenos resultados en problemas reales de Machine Learning. Aunque la clasificación supervisada tiene un gran interés actual, en este trabajo nos centraremos en la no supervisada.

La clasificación no supervisada

Citando el clásico libro de Kaufman i Rousseeuw titulado *Finding groups in data* [7], podemos decir que *El análisi cluster es el arte de encontrar grupos en los datos.*

También conocido como clasificación no supervisada o análisis de conglomerados, el cústering tiene como finalidad dividir un conjunto de objetos en grupos, de forma que los perfiles de los objetos que pertenecen a un mismo grupo sean similares entre sí, mientras que respecto a los otros sean distintos.

Para este tipo de clasificación no se tiene ningún conocimiento a priori, lo que dificulta el problema y, de hecho, después de clasificar tendremos que incluir un costoso proceso de interpretación y validación de los grupos obtenidos. Realizar una interpretación de la clasificación obtenida por un método de clustering requiere, en primer lugar, un conocimiento suficiente del problema analizado, a parte de estar abierto a la posibilidad de que no todos los grupos sean interpretables.

La actividad usual de clasificación no supervisada de un conjunto de objetos consta de los siguientes pasos [34]:

- Representación de los objetos incluyendo opcionalmente la extracción de características y/o selección.
- Definición de la medida de proximidad de los objetos al dominio de los datos.
- Clustering y agrupación.
- Abstracción de los datos, si es necesario.
- Valoración de los outputs.

La representación de los objetos hace referencia al número de clases, el número de objetos disponibles, y el nombre, tipo y escala de las características de un algoritmo de clustering. La selección de características es el proceso para identificar el subconjunto más efectivo de atributos originales para utilizar al clustering. La extracción de características es la utilización de una o más transformaciones del input para producirne de nuevas. Ambas técnicas pueden ser utilizadas para obtener un conjunto apropiado de características para utilizar. La proximidad de objetos es usualmente medida con una función llamada disimilaridad que más adelante explicaremos.

El paso de agrupación puede ser realizado de distintas maneras. El clustering de los outputs puede ser fuerte, en el que se realice una partición de los datos en grupos, o difuso, donde cada objeto tiene un grado de pertenencia a cada cluster del output. Existen dos tipos de métodos de clústering, los algoritmos de clustering jerárquicos, que producen una serie de particiones basadas en un criterio para combinar o separar clusters basados en la similaridad, y los algoritmos de clustering particionales, que identifican un subconjunto que resuelve usualmente un criterio de optimización.

La abstracción de datos es el proceso de extraer representaciones simples y compactas del conjunto de objetos. La valoración de un output del procedimiento de clustering tiene muchas facetas. Una es actualmete la evaluación del dominio de los dates frente a la del algoritmo del clustering utilizado. El estudio de la tendencia al clustering, donde los inputs de los datos son examinados para ver si hay algún mérito en realizar el análisi por clusters a priori de que sea procesado, es una investigación relativamente inactiva en esta área, y no estará considerada en este trabajo. El lector interesado puede tomar referencias en [4] y [10] para más información.

La validez del análisi por clusters, por contrario, es la valoración del output del procedimiento. Utiliza un criterio específico de optimización, aunque puede llegar incluso a la subjetividad [9].

3.4. El clustering como método de clasificación

El clustering es una técnica de análisis multivariante no supervisada que tiene como objetivo organizar un conjunto de datos a partir de sus distancias. El análisis por clusters es la organización de objetos, usualmente representados como vectores de medidas, o puntos en un espacio multidimensional, en conjuntos basados en la similaridad. Intuitivamente, los objetos de un cluster son más similares entre ellos que con los de otro. La variedad de técnicas para representar los datos, medir proximidades entre distintos elementos y agrupar los datos ha producido un amplio repertorio de métodos de clasificación no supervisada.

Definiremos primero el concepto de disimilaridad:

Definición. *Disimilaridad*

Sea $\mathscr{X}$ un conjunto de objetos, y sea la aplicación:

$$\mathfrak{d} : \mathscr{X} \times \mathscr{X} \longrightarrow \mathbb{R}$$

$$(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) \longmapsto \mathfrak{d}(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j)$$

la llamaremos disimilaridad si cumple las siguientes propiedades:

(D1) $\mathfrak{d}(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) \geq 0 \ \ \forall i, j \in \{1, \ldots, d\}$ (Definida positiva)

(D2) $\mathfrak{d}(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) = 0 \longleftrightarrow \ \mathbf{x}_i = \mathbf{x}_j \ \forall i, j \in \{1, \ldots, d\}$

(D3) $\mathfrak{d}(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) = \mathfrak{d}(\mathbf{x}_j, \mathbf{x}_i) \ \ \forall i, j \in \{1, \ldots, d\}$ (Simetría)

Observamos que si le añadimos una condición:

(D4) $\mathfrak{d}(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) \leq \mathfrak{d}(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_k) + \mathfrak{d}(\mathbf{x}_k, \mathbf{x}_j) \ \ \forall i, j, k \in \{1, \ldots, d\}$

tenemos la definición formal de distancia, aunque no es utilizada en las técnicas de clasificación no supervisada.

Podemos entender así, que cuando más grande sea $\mathfrak{d}(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j)$, mayor será la "diferencia"/disimilaridad entre los objetos $\mathbf{x}_i$ i $\mathbf{x}_j$, es decir, presentan menos similitud.

Ejemplo.

Se define el coeficiente de correlación de Pearson entre f y g como:

$$R(f,g) = \frac{\sum_{i=1}^{n}(x_{if} - m_f)(x_{ig} - m_g)}{\sqrt{\sum_{i=1}^{n}(x_{if} - m_f)^2}\sqrt{\sum_{i=1}^{n}(x_{ig} - m_g)^2}}$$

donde las x_{ij} el elemento de la matriz de datos que representa la variable j de la observación i, y las m_f la medias de todos los valores para la variable f.

Entonces a partir de aquí podemos generar la siguiente disimilaridad:

$$d(f,g) = \frac{1 - R(f,g)}{2}$$

El algoritmo que utilizaremos es el PAM (Partitioning Around Medoids), en el que se van seleccionando elementos de los datos iniciales como centro de los clusters (medoides) y se van agrupando los datos a partir de modelos de optimización lineal.

El clustering es una técnica de mucha utilidad en la exploración de análisis de patrones, agrupaciones, toma de decisiones y aprendizaje automático (machine learning), minería de datos, recuperación de documentos, segmentación de imágenes y detección de datos anómalos.

El algoritmo PAM

Pasamos a resumir brevemente como funciona este algoritmo, que se utilizará en la parte práctica. Si se desean más detalles se sugiere la consulta de [7].

- En la fase de construcción, el algoritmo comienza con la búsqueda de un número k, previamente especificado, de objetos representativos o medoides entre las observaciones del conjunto de datos. Utilizando la matriz de disimilaridades, se asigna cada objeto a su medoide más cercano. Esta matriz puede darse como un input o calcularse si se le introduce la disimilaridad a utilizar.

- En la fase de intercambio se modifica el conjunto de objetos representativos con el fin de mejorar la partición a la que da lugar. Esto se realiza considerando todos los pares de objetos (i,h) para los que el objeto i había sido seleccionado como un medoide mientras que el objeto h no. Se determina el efecto que tiene llevar a cabo el intercambio, es decir, seleccionar h en vez de i. Este efecto se mide en términos de la suma de disimilaridades entre cada objeto y el objeto representativo más similar a él. Cuando se encuentra un mínimo local de ésta función objetivo el algoritmo se detiene.

Cuando construimos particiones con un gran número fijo de k clusters, se asume que existe una función la cual mide la calidad de distintos clusterings finales, donde el objetivo es minimizar la distancia total entre los objetos.

El algoritmo está basado en dos decisiones las cuales derivan en un modelo a resolver. La primera es definir para un conjunto de n objetos x_i, un vector y_i de variables binarias la cual sea 1 cuando el objeto x_i sea representativo y 0 en caso contrario. A la segunda, para cada objeto x_j se le asignará una variable z_{ij} binaria la cual será 1 si y sólo si el

objeto j es asignado al cluster donde x_i es el objeto representativo. Cabe recordar que PAM es un algoritmo de clustering fuerte, por lo que un elemento sólo podrá pertenecer a un único cluster.

Así, el modelo que tendremos que resolver será el siguiente:

$$minimizar \sum_{i=1}^{n}\sum_{j=1}^{n} d(x_i, x_j) z_{ij}$$

sujeto a:

$$\sum_{i=1}^{n} z_{ij} = 1, \qquad j = 1, 2, \ldots, n$$

$$z_{ij} \leq y_i, \qquad i, j = 1, 2, \ldots, n$$

$$\sum_{i=1}^{n} y_i = k, \qquad k = \text{número prefijado de clusters}$$

$$y_i,\, z_{ij} \in \{0, 1\}, \qquad i, j = 1, 2, \ldots, n$$

Usualmente no se conoce el número de clusters óptimos de un conjunto de datos, así que el trabajo de optimización ha de ser complementado con la ejecución de éste para distintos valores k. Una manera posible de seleccionar este valor es mediante las siluetas que explicaremos a continuación.

3.5. Silueta y silueta media

Los conceptos de *silueta* y *silueta media*, así como su representación gráfica, son muy útiles para la evaluación de la clasificación de un método de clustering. *Kaufman i Rousseeuw* [7] son una referencia básica para la descripción de estos conceptos.

Definición. *Silueta*

La silueta de la i-ésima observación, que denotaremos por $s(i)$, se calcula como:

$$s(i) = \frac{b(i) - a(i)}{max\{a(i), b(i)\}}$$

siendo $a(i)$ la disimilaridad media entre la observación i y todas las otras que pertenecen al mismo grupo en el que está i, y $b(i)$ es la disimilaridad media entre i y el cluster vecino, es decir, el más cercano según la distancia definida sin ser él mismo.

Queda claro que los valores con una $s(i)$ grande están bien situados en su grupo. Que $s(i)$ se acerque a 0 indica que la observación está cercana a dos clusters, y si el valor es negativo es que probablemente estén situados en el cluster equivocado.

Un ejemplo puede ser el siguiente:

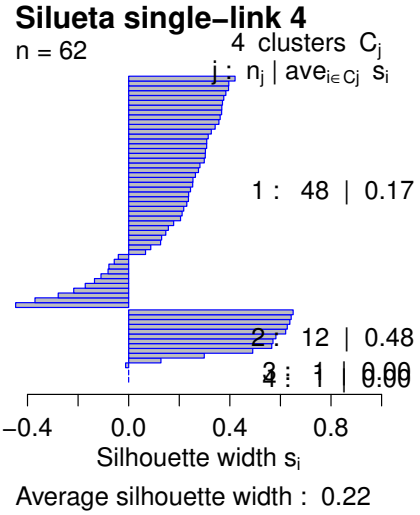


Figura 1: Silueta de un procedimiento de clustering
Fuente: Elaboración propia para otro trabajo.

Donde se observa como se le asocia una silueta a cada elemento y se observa su pertenencia al cluster al que se ha incluido.

Definición. *Silueta media*

La media de los valores de $s(i)$ para todos los objetos de un cluster recibe el nombre de amplitud mediana de la silueta de dicho cluster y se obtiene teniendo en cuenta el conjunto de datos, es decir $\sum_{i \in Cluster} \frac{s(i)}{n}$.

La amplitud media de la silueta varía entre -1 y 1 y ha sido utilizada tanto como para evaluar la calidad de una clasificación como para estimar el número correcto de grupos: la partición con mayor amplitud media de la silueta se toma como partición óptima.

Kaufmann i Rousseeuw nombraron este máximo como *silhouette coefficient* y daron interpretaciones subjetivas a su valor. Estas interpretaciones son: si pertenece al intervalo [0,71, 1] es una estructura *fuerte*, si pertenece al intervalo [0,51, 0,70], la partición es *razonable*, mientras que si los valores son inferiores a 0,51, se sugiere que la estructura encontrada es *débil*.

Introduciremos ahora el modelo de mortalidad que se utilizará para modelizar las causas, el modelo de Lee-Carter.

3.6. El modelo de Lee-Carter

El modelo de Lee-Carter ha sido muy utilizado desde su publicación en 1992 [8]. Ronald D. Lee and Lawrence R. Carter proponen un modelo basado en una variación de trabajos previos [6] [24]. El modelo tiene dos factores, edad y tiempo. Más específicamente, utiliza el método de descomposición en valores singulares para extraer los parámetros específicos de la edad así como el correspondiente al índice de variación en el tiempo,

que se ajusta reajustando el número total de muertes observadas. Dos puntos fuertes del modelo son su simplicidad y su robustez para las tasas de mortalidad, ya que produce resultados equilibrados, a parte de que se puede diferenciar claramente los elementos que dependen de la edad y los que dependen del año.

En particular, el modelo de Lee-Carter trata de estimar $m_{x,t}$, la tasa central de mortalidad, para la edad x y el año t. El modelo ajusta la matriz de tasas de mortalidad siguiendo la expresión:

$$log(m_{x,t}) = a_x + b_x k_t + \varepsilon_{x,t} \tag{4}$$

Las a_x recogen el efecto en la mortalidad (log-mortalidad) exclusivo de la edad, las b_x son las constantes respecto a la edad indicando qué tasas decrecen más lentamente en respuesta a los cambios y la variación del tiempo. k_t son los índices de variación en el tiempo del nivel de mortalidad, y los $\varepsilon_{x,t}$, que tratan de recoger las mejoras (o empeoramientos) de la mortalidad debido al momento en el que se tomó cada $m_{x,t}$ y son los términos correspondientes a las fluctuaciones aleatorias con esperanza 0 y varianza $\sigma^2_{x,t}$ que describen las influencias no capturadas por el modelo. El modelo no proporciona una solución única, por lo que se le añaden dos restricciones: $\sum_x b_x = 1$ y $\sum_t k_t = 0$.

3.7. Los modelos ARIMA

Principalmente, se definen los procesos ARIMA necesitaremos primero definir los subprocesos que lo componen. Primero definiremos los procesos aleatorios puros o ruido blanco, AP. Se denotan como $Y_t =_t$, y satisfacen las siguientes propiedades:

$$E[\varepsilon_t] = 0 \quad \forall t$$

$$Var[\varepsilon_t] = E[\varepsilon_t] = \sigma^2 \quad \forall t$$

$$Cov[\varepsilon_t, \varepsilon'_t] = E[\varepsilon_t \varepsilon'_t] = \sigma^2 \quad t \neq t'$$

Seguidamente definiremos los procesos autorregresivos de orden p, AR(p), definidos como:

$$Y_t = \phi_1 Y_{t-1} + \phi_2 Y_{t-2} + \cdots + \phi_p Y_{t-p} + \varepsilon_t$$

donde p denota el retardo máximo, las $\phi_i son los parmetros del modelo, y \varepsilon$ denota un proceso aleatorio puro.

Seguidamente definiremos los procesos autorregresivos de medias móviles de orden q, MA(q), como una combinación lineal de procesos aleatorios puros:

$$Y_t = \varepsilon_t - \theta_1 \varepsilon_{t-1} - \theta_2 \varepsilon_{t-2} - \cdots - \theta_q \varepsilon_{t-q}$$

Un proceso de tipo ARMA(p,q) está formado por un AR(p) y un MA(q):

$$Y_t = \phi_1 Y_{t-1} + \phi_2 Y_{t-2} + \cdots + \phi_p Y_{t-p} + \varepsilon_t - \theta_1 \varepsilon_{t-1} - \theta_2 \varepsilon_{t-2} - \cdots - \theta_q \varepsilon_{t-q}$$

Además, cuando no se tiene un proceso estacionario, existen transformaciones que lo convierten en estacionario. Por ejemplo a través de difrencias de orden 1, 2, ...

Así pues, definiremos un proceso Y_t como ARIMA(p,d,q), si al tomar las diferencias de orden d se obtiene un proceso de tipo ARMA(p,q).

4. La mortalidad por causas

En esta sección nos proponemos introducir los datos obtenidos de las defunciones de las causas y estudiar su distribución. Lo primero que nos proponemos es observar cómo ha evolucionado la mortalidad en el periodo 1987-2014.

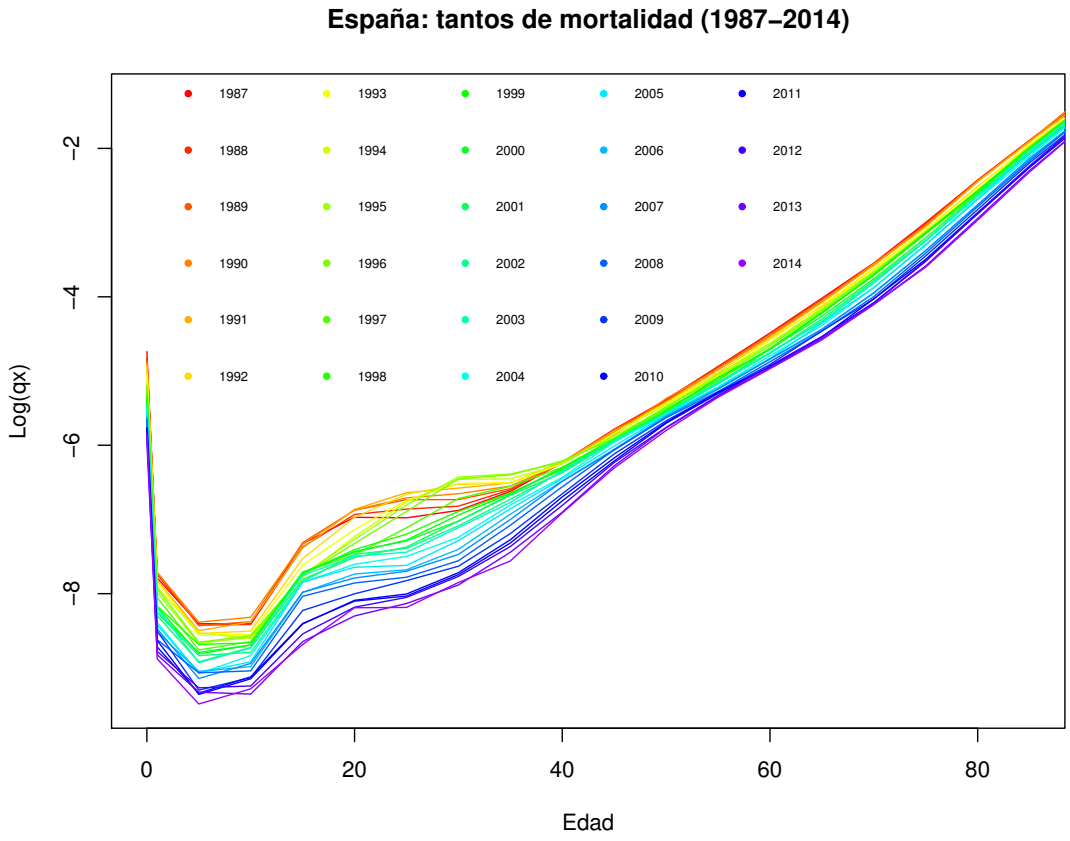


Figura 2: Evolución de la mortalidad española desde 1987 hasta 2014.
Fuente: Elaboración propia a partir de datos del INE.

En la figura 2 se observa como la mortalidad ha ido reduciéndose progresivamente excepto entre las edades 20 y 40, en las que desde 1987 hasta el 1998 aparecen aumentos de la mortalidad. Cabe destacar varias cosas de este gráfico, la primera es el gran descenso que aparece de 0 a 1 años, que como ya sabemos, es una edad crítica en la supervivencia humana. Otra curiosidad a destacar es el descenso a partir de los 90 años de la mortalidad, ya que la esperanza de vida al nacer en España es de sobre 84 años, por lo que son pocos los que superan tal edad, y de ahí el descenso.

Por lo que respeta a las causas de la mortalidad, los datos se estructuran en 17 grupos causales, formados por 102 causas específicas. Nos proponemos a estudiar un total de 17 conjuntos a los que referenciaremos por causas.

Número	Nombre completo
Grupo causal 1	001-008 I.Enfermedades infecciosas y parasitarias (1)
Grupo causal 2	009-041 II.Tumores
Grupo causal 3	042-043 III.Enfermedades de la sangre y de los órganos hematopoyéticos, y ciertos trastornos que afectan al mecanismo de la inmunidad
Grupo causal 4	044-045 IV.Enfermedades endocrinas, nutricionales y metabólicas
Grupo causal 5	046-049 V.Trastornos mentales y del comportamiento
Grupo causal 6	050-052 VI-VIII.Enfermedades del sistema nervioso y de los órganos de los sentidos
Grupo causal 7	053-061 IX.Enfermedades del sistema circulatorio
Grupo causal 8	062-067 X.Enfermedades del sistema respiratorio
Grupo causal 9	068-072 XI.Enfermedades del sistema digestivo
Grupo causal 10	073 XII.Enfermedades de la piel y del tejido subcutáneo
Grupo causal 11	074-076 XIII.Enfermedades del sistema osteomuscular y del tejido conjuntivo
Grupo causal 12	077-080 XIV.Enfermedades del sistema genitourinario
Grupo causal 13	081 XV.Embarazo, parto y puerperio
Grupo causal 14	082 XVI.Afecciones originadas en el periodo perinatal
Grupo causal 15	083-085 XVII.Malformaciones congénitas, deformidades y anomalías cromosómicas
Grupo causal 16	086-089 XVIII.Síntomas, signos y hallazgos anormales clínicos y de laboratorio, no clasificados en otra parte (2)
Grupo causal 17	090-102 XX.Causas externas de mortalidad

El anexo contiene el listado completo de causas de mortalidad según la clasificación CIE-10, así como su correspondencia con la nomenclatura anterior, CIE-9. La distribución de las defunciones que se presenta en 2014 para toda España es la siguiente:

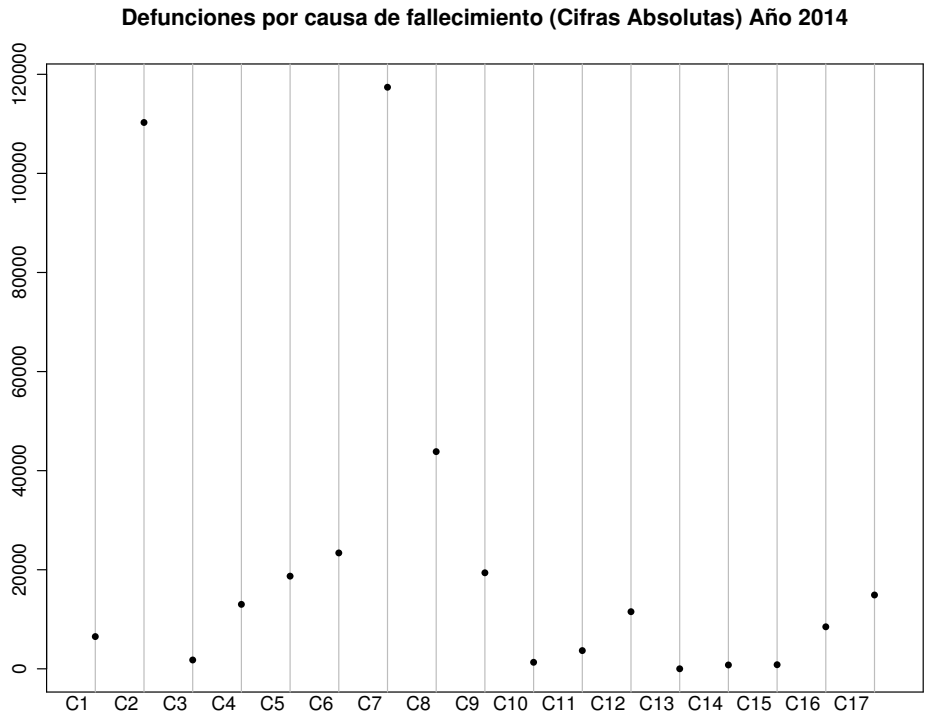


Figura 3: Distribución de las defunciones por causas en 2014.
Fuente: Elaboración propia a partir de datos del INE.

Observamos como la causa 2, tumores, y la causa 7, enfermedades del sistema circulatorio, se diferencian respecto al resto en el tamaño de defunciones que les pertenecen, seguidas por la causa 8, enfermedades del sistema respiratorio. Para poder estudiar con mejor detalle cuáles son las diferencias que presentan, se incluye a continuación un diagrama de caja y bigotes según el tamaño de las causas:

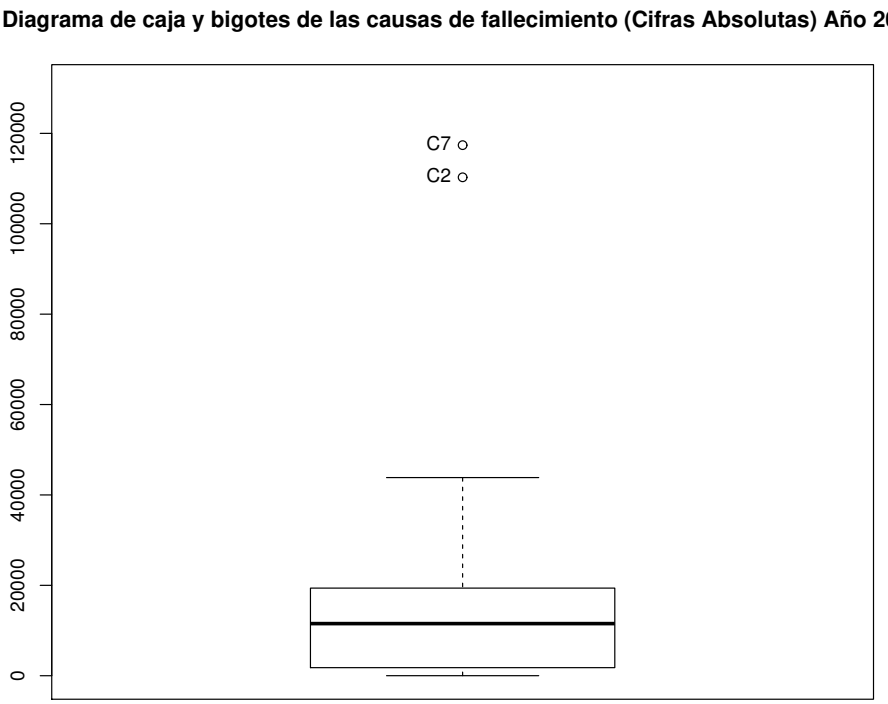


Figura 4: Diagrama de caja y bigotes de las defunciones por causas en 2014.
Fuente: Elaboración propia a partir de datos del INE.

No era de extrañar que tanto la cuantía de defunciones de las causas 2 y 7 tienen valores anómalos respecto a todas las otras en cuanto a cuantía se refiere, como habíamos observado en la figura 3.

Si observamos todas las otras causas tendremos la siguiente distribución de defunciones:

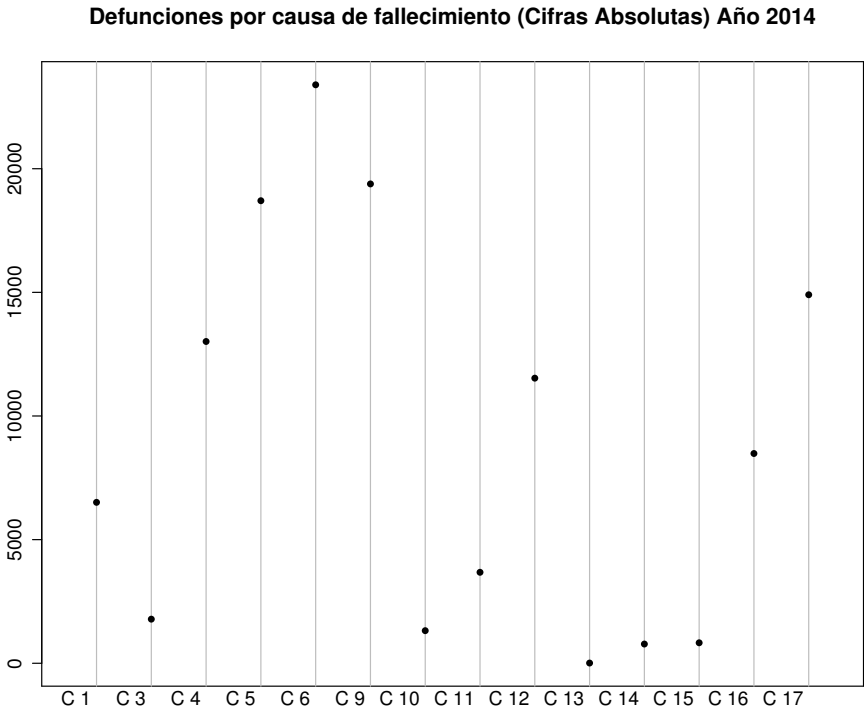


Figura 5: Distribución de las defunciones por causas menos comunes en 2014.
Fuente: Elaboración propia a partir de datos del INE.

Donde se observa que las causas más relevantes, después de las tres nombradas anteriormente, son la causa 6, enfermedades del sistema nervioso y de los órganos de los sentidos, junto con la causa 5, trastornos mentales y del comportamiento, y la causa 9, enfermedades del sistema digestivo.

Ya que el objetivo de este trabajo es modelizar las causas de mortalidad por separado y, debido a que existen varias causas con un número pequeño de muestras, se ha propuesto la agregación de los datos para estudiar conjuntamente diversas causas y poder obtener modelos más estables que los que se obtendrían con pocos datos. Así pues, se ha decidido agrupar por evolución histórica, por lo que se requiere de la creación de una matriz de distancias entre las causas dependiente de la evolución de la mortalidad que han presentado durante todos los años, sobre la que se aplicara el algoritmo PAM explicado anteriormente. En resumen, se considerarán 17 matrices de 21×27 elementos, los cuales son valores enteros positivos que representan las defunciones, siendo las filas el grupo de edad al que pertenecen y en las columnas el año de ocurrencia, siendo cada matriz la correspondiente a cada causa, a partir de las cuales se obtendrá la matriz de distancias entre las causas.

5. Resultados

El objetivo de este apartado es presentar los resultados que se han ido obteniendo a lo largo del estudio, así como la intuición que nos ha llevado a realizarlos.

Como se ha concluido en la sección anterior, para empezar a estudiar la similitud de la evolución de las causas de mortalidad requeriremos de una matriz de correlación o matriz de similitudes con la que poder empezar a trabajar. Al introducir los datos en el programa R, y estudiar cómo han evolucionado respectivamente a lo largo del tiempo, hemos representado la matriz de correlaciones como mapa de calor para poder observar mejor los valores obtenidos.

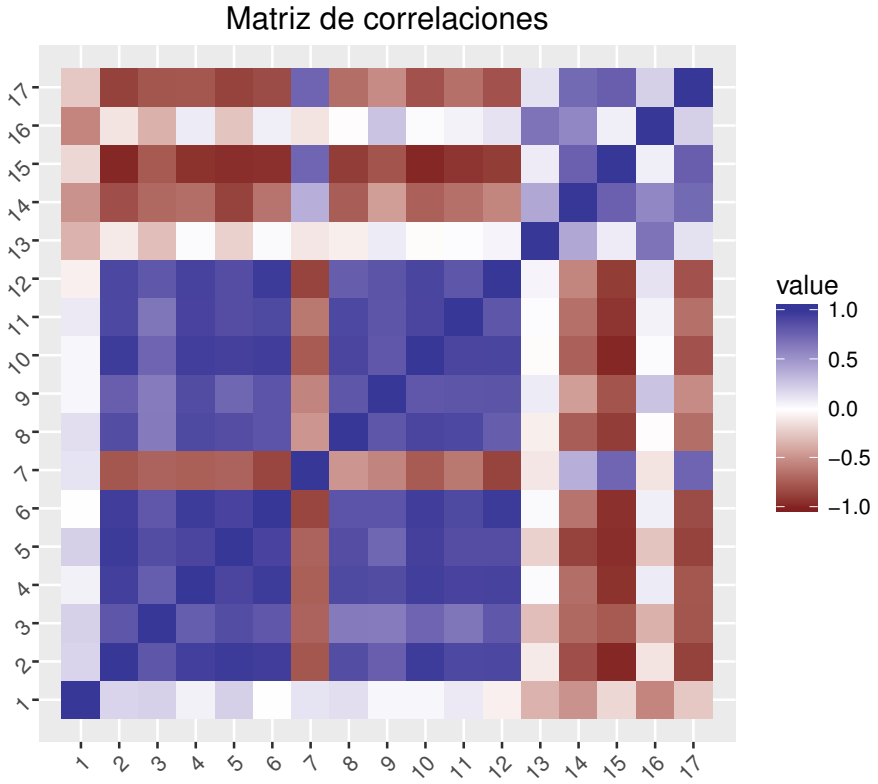


Figura 6: Mapa de calor de la matriz de correlación entre las causas de mortalidad.
Fuente: Elaboración propia.

Observamos que las causas 1, 13 y 16 tienen una correlación prácticamente nula con todos los otros elementos; las causas 7, 14, 15 y 17 presentan una correlación negativa con la gran mayoría de las otras causas, y los elementos del 2 al 6 y del 8 al 12 presentan una correlación positiva entre ellos y negativa con los otros, por lo que se propone estudiar si el número de clusters final es 3, 4 o 5.

No se debe confundir correlación con dependencia de las causas tratada en la metodología, ya que se habla de correlación cuando a lo largo de los años la mortalidad ha evolucionado de manera similar. En este contexto, la correlación indica que el número de fallecidos entre dos causas está (o no) relacionado. Por lo que respeta a la dependencia, nos referimos a que una muerte ha sido causada por más de una causa. El concepto de "dependencia" en este trabajo no es el de dependencia estadística, sino el de determinación de causalidad.

Si se realiza un Escalado Multidimensional, se pueden validar estos resultados:

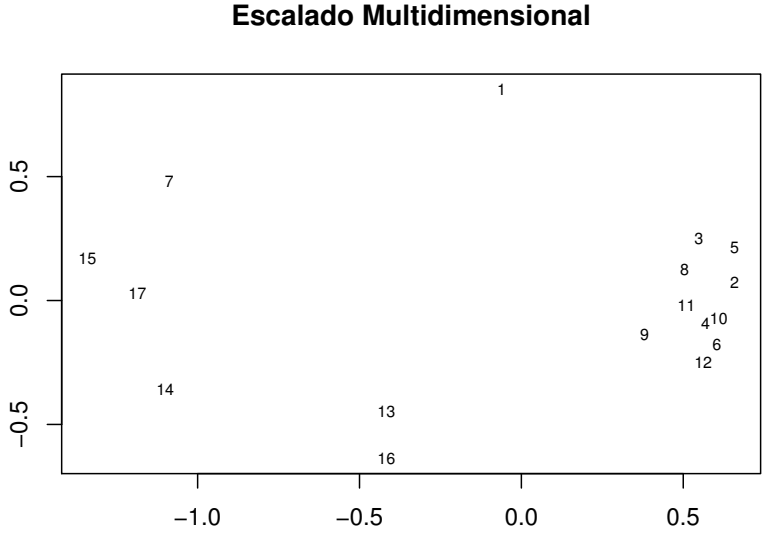


Figura 7: Escalado multidimensional de las causas de mortalidad.
Fuente: Elaboración propia haciendo uso de los datos del INE.

El Escalado Multidimensional es una herramienta muy útil cuando se realiza análisis multivariante con vectores de 4 dimensiones o más, ya que a priori no puede visualizar correctamente la cercanía que presentan. Este gráfico representa en dos dimensiones la distancia que separa las causas de mortalidad, que no son más que vectores de 21 dimensiones, respetando la distancia que hemos calculado en tal espacio vectorial y, efectivamente, se observan claramente cómo los elementos que habíamos juntado aparecen más cercanos.

Una vez verificada nuestra intuición, podemos pasar a realizar el algorítmo PAM de clustering. Recordemos que PAM es un algoritmo de clasificación no supervisada, por lo que se le han de introducir el número de clusters finales que se desean y, a la vista del escalado multidimensional realizado, los clusters finales para los que ejecutaremos el algoritmo serán 3, 4 y 5. Los resultados obtenidos son los que siguen:

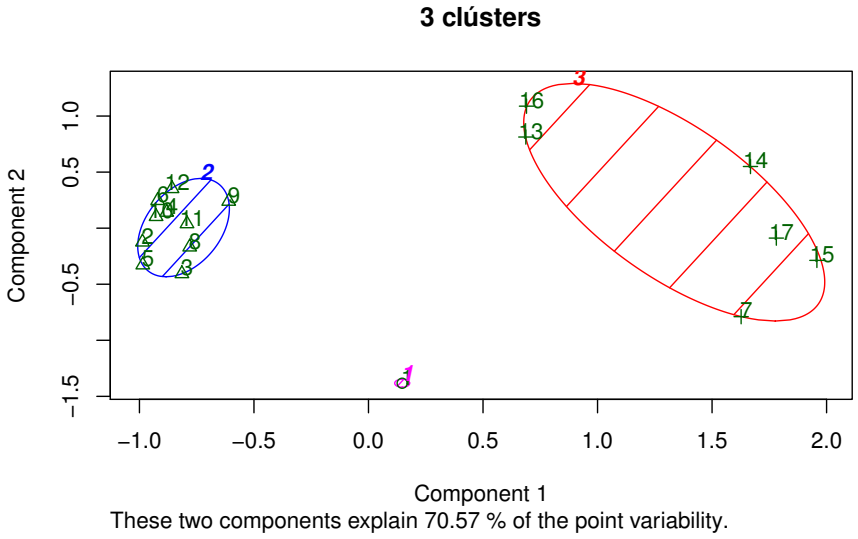


Figura 8: clusters resultantes con objetivo final 3.
Fuente: Elaboración propia haciendo uso de los datos del INE.

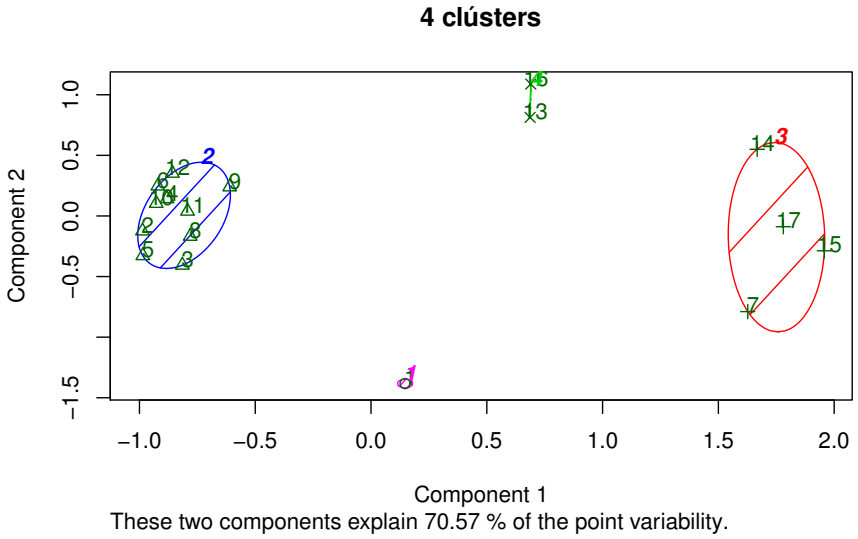


Figura 9: clusters resultantes con objetivo final 4.
Fuente: Elaboración propia haciendo uso de los datos del INE.

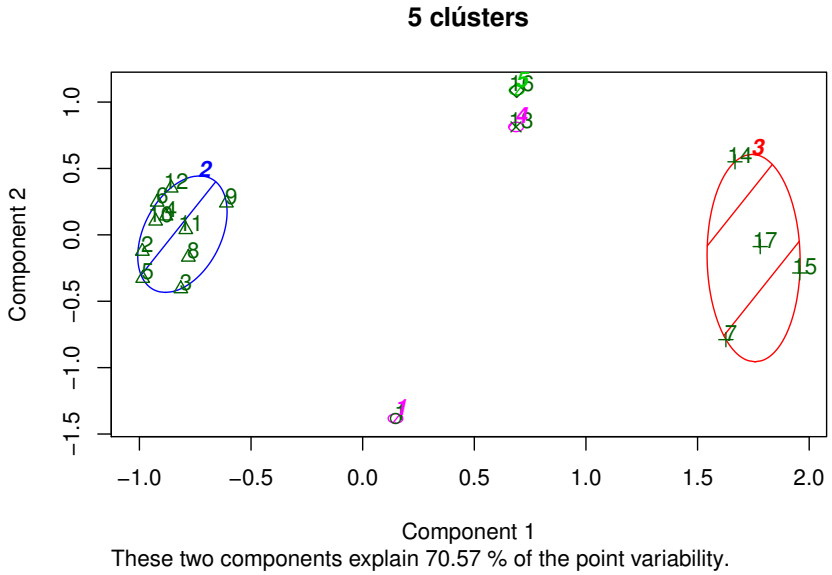


Figura 10: clusters resultantes con objetivo final 5.
Fuente: Elaboración propia haciendo uso de los datos del INE.

Las figuras 8, 9 y 10 ponen de manifiesto, a partir de una representación por componentes principales que explican el 70.57 % de la variabilidad, la intuición que proporciona la figura 7, de manera que se evicencia que la elección quedará entre 3 o 4 clusters, aunque no es algo trivial y, como sucede en este caso, puede depender del punto de vista del analista. En esta ocasión, el número de clusters seleccionados es 4. En parte, esto viene respaldado en que los elementos de cada cluster han de ser lo más parecidos entre sí, pero que estas agrupaciones sean más homogéneas y simplifiquen el análisis, siempre evitando el exceso de "singletons", que son clusters con un solo elemento, y que se producirían en el caso de aumentar en más de 4 los clusters finales.

Para confirmar esta elección, se ha obtenido la silueta media de las agrupaciones de 3 y 4 clusters, para tomar un indicador cuantitativo objetivo. Los resultados son claros:

Silueta media	3 grupos	4 grupos
cluster 1	0	0
cluster 2	0.8478620	0.8416253
cluster 3	0.4478921	0.5642511
cluster 4	-	0.6133732

Cuadro 1: Siluetas medias para 3 y 4 clusters finales.
Fuente: Elaboración propia.

En el cuadro 1 se observa como seleccionar 4 clusters queda justificado ya que, si recordamos, la silueta marca la pertenencia a un conjunto de los elementos del mismo

cluster, por lo que a mayor silueta, más seguridad tendremos que los elementos de un cluster deben de pertenecer a éste, y como podemos observar, el escoger 4 clusters frente a 3 produce un notable aumento de las siluetas medias.

Otro algoritmo diferente que permite hacer agrupaciones son las técnicas de clustering jerárquico, ya que no requieren de un número de grupos finales desde un inicio, sino que bajo la previa definición de una distancia se podrán dibujar directamente los dendrogramas correspondientes. La distancia que se utilizará es 1-correlación, la cual es trivial que cumple los tres axiomas de disimilaridad. Realizándolo para tres métodos, el single, el complete y el ward, obtenemos resultados que concuerdan con lo anterior.

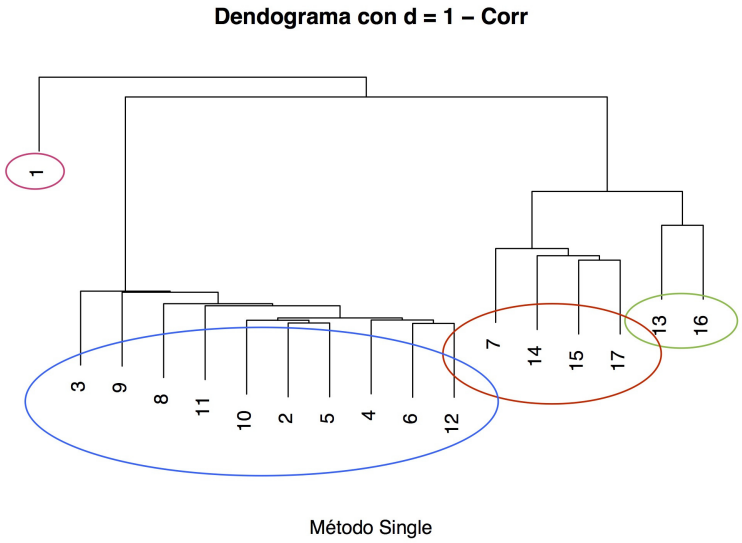


Figura 11: Dendrograma con el método single.
Fuente: Elaboración propia.

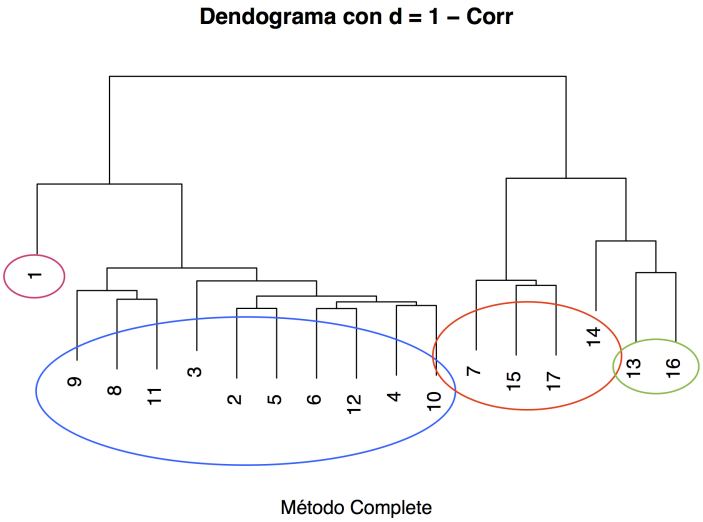


Figura 12: Dendrograma con el método complete.
Fuente: Elaboración propia.

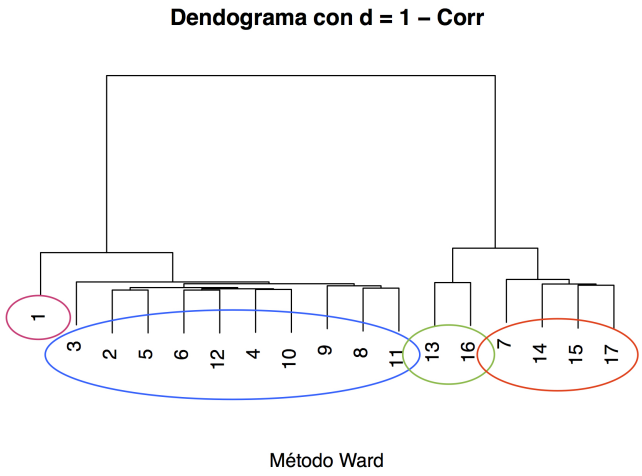


Figura 13: Dendrograma con el método ward.
Fuente: Elaboración propia.

Como se observa en las figuras 11, 12 y 13, los resultados que se obtienen son similares a los obtenidos con PAM, a parte de que las tres representan resultados muy parecidos para los distintos métodos utilizados.

En el cuadro 2 se puede observar cuáles son las causas que se han agrupado, con el nombre de cada causa y el cluster al que corresponden.

cluster	Causa	Nombre completo
1	1	001-008 I.Enfermedades infecciosas y parasitarias (1)
2	2	009-041 II.Tumores
2	3	042-043 III.Enfermedades de la sangre y de los órganos hematopoyéticos,
2		y ciertos trastornos que afectan al mecanismo de la inmunidad
2	4	044-045 IV.Enfermedades endocrinas, nutricionales y metabólicas
2	5	046-049 V.Trastornos mentales y del comportamiento
2	6	050-052 VI-VIII.Enfermedades del sistema nervioso y de los órganos de los sentidos
2	8	062-067 X.Enfermedades del sistema respiratorio
2	9	068-072 XI.Enfermedades del sistema digestivo
2	10	073 XII.Enfermedades de la piel y del tejido subcutáneo
2	11	074-076 XIII.Enfermedades del sistema osteomuscular y del tejido conjuntivo
2	12	077-080 XIV.Enfermedades del sistema genitourinario
3	7	053-061 IX.Enfermedades del sistema circulatorio
3	14	082 XVI.Afecciones originadas en el periodo perinatal
3	15	083-085 XVII.Malformaciones congénitas, deformidades y anomalías cromosómicas
3	17	090-102,XX.Causas externas de mortalidad
4	13	081,XV.Embarazo, parto y puerperio
4	16	086-089,XVIII.Síntomas, signos y hallazgos anormales clínicos y de laboratorio,
		no clasificados en otra parte (2)

Cuadro 2: Agrupación de las causas por clusters

A partir de las agrupaciones (clusters) que se realizan por causas de mortalidad a partir del análisis anterior, se procede a analizar cada uno de los nuevos grupos de manera aislada del resto. La figura 14 muestra el número de fallecidos total en 2014 para cada una de las agrupaciones realizadas.

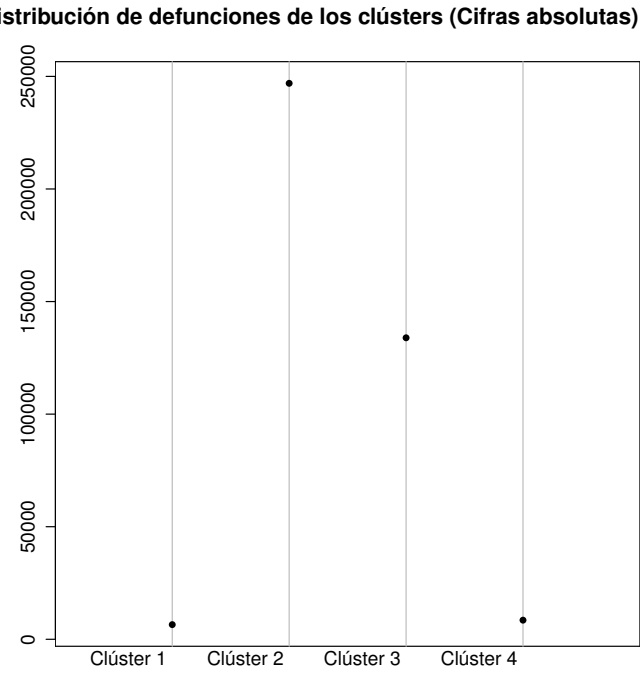


Figura 14: Distribución de la mortalidad en cada cluster.
Fuente: Elaboración propia.

Se observa, y es consistente con la realización de las agrupaciones, que los clusters 1 y 4 incluyen muy pocas defunciones en comparación con los clusters 2 y 3. Esto indica que la tendencia de la mortalidad total dependerá en mayor medida de estos dos grandes clusters. Aún así, nos proponemos a modelizar los cuatro clusters a partir de los modelos de Lee-Carter ya estudiados. Observamos ahora en la figura como han ido evolucionando las distintas agrupaciones a lo largo de los años.

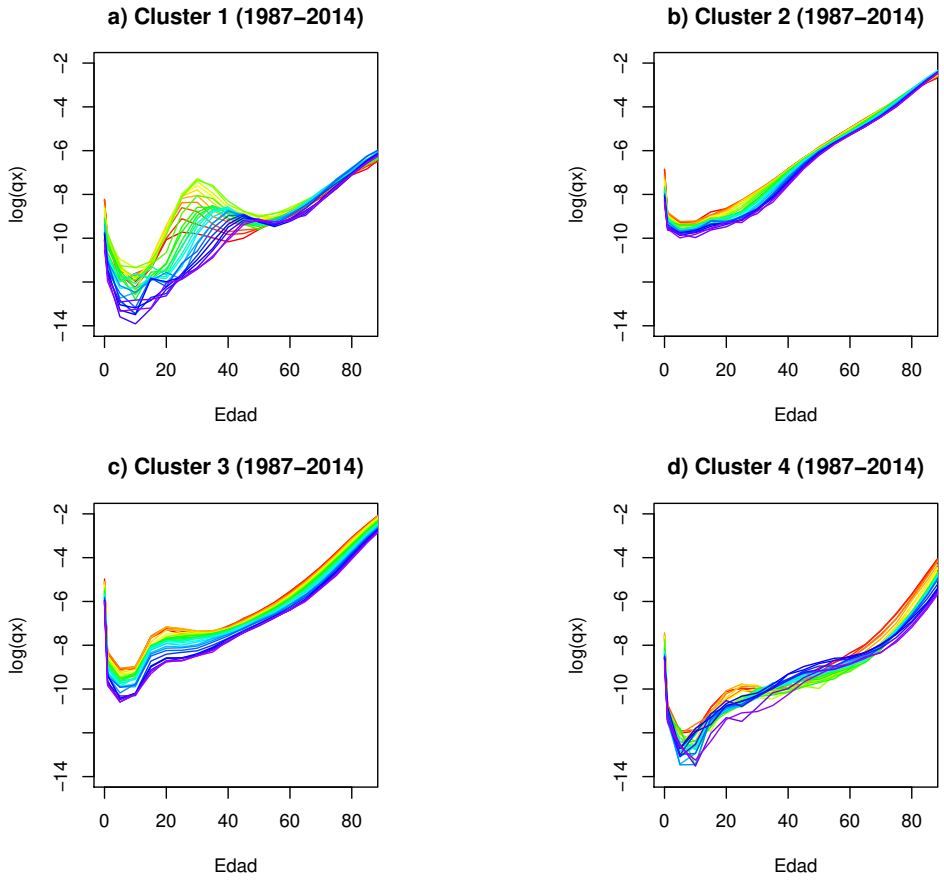


Figura 15: Evolución de la mortalidad en cada cluster por año.
Fuente: Elaboración propia.

Se observa como el cluster 1, formado sólo por la causa 1 (Enfermedades infecciosas y parasitarias), presenta una joroba con una varianza muy alta a lo largo de estos últimos 30 años. Se observa como la mortalidad entre las edades 20 y 40 ha ido creciendo durante varios años y se ha mantenido elevada desde entonces, siendo actualmente, la tasa en 2014 a los 40 años superior a la del 1987.

Observamos por otra parte que en el cluster 2 no se presenta una gran variación de la mortalidad, pese al gran volumen de fallecimientos que engloba. Se aprecia una disminución continuada de la mortalidad, aunque la joroba social que se produce entorno a los 25 años para las enfermedades del cluster 1, en este caso no sólo no se produce, sino que parece que sea en sentido inverso, mientras que recupera su "tendencia natural" a los 50 años.

El tercer cluster presenta la forma característica del modelo de Helligman-Pollard, de manera que se aprecian tres partes claramente diferenciadas: Adaptación, de 0 a 1 años, joroba social, de 1 a 35 años, y longevidad natural, superiores a 35 años.

El cuarto y último cluster tiene unas tasas muy reducidas al igual que el primero, y una varianza notable, a parte, se puede observar como estos últimos años la mortalidad entre los 40 y 60 años ha ido en aumento y se mantiene por encima de años anteriores. Recordemos que las causas que forman este cluster son el embarazo, parto y puerperio y los síntomas, signos y hallazgos anormales clínicos y de laboratorio.

Esto puede verse desde otra perspectiva en los siguientes gráficos, que representan la evolución de todos los grupos de edad a lo largo de los años frente a las tasas de mortalidad de cada uno de los clusters.

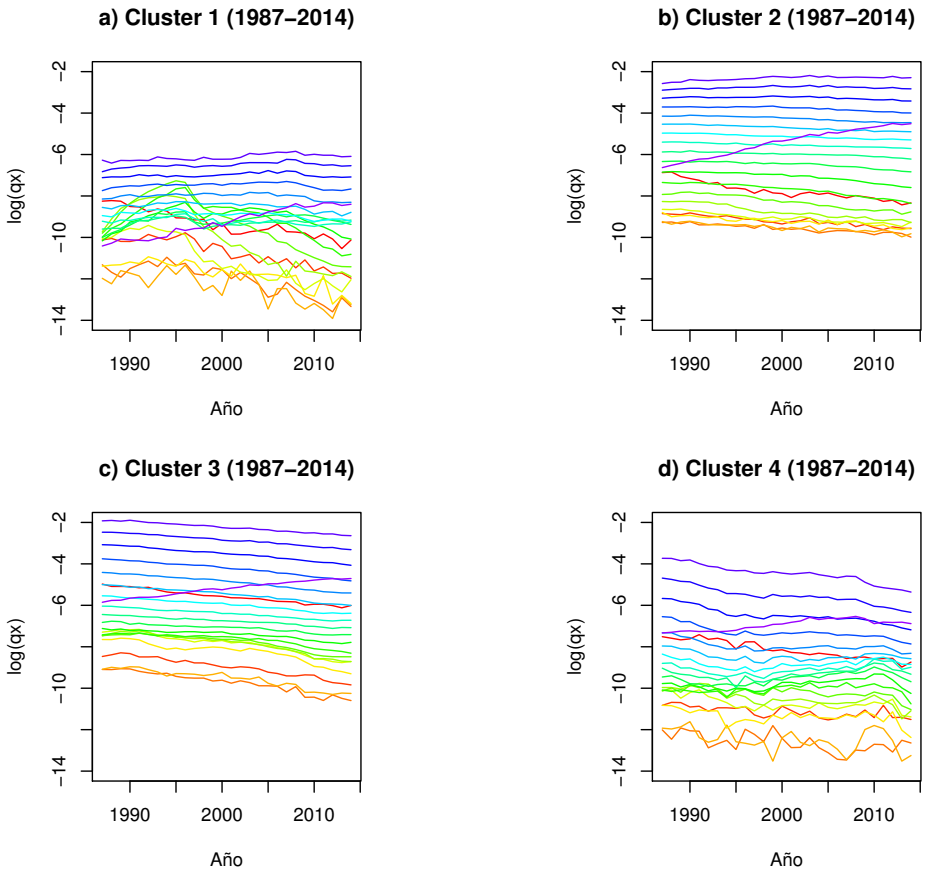


Figura 16: Evolución de la mortalidad en cada cluster por grupos de edad.
Fuente: Elaboración propia.

Es en la figura 16 donde se observa la diferencia de evoluciones que han tenido los distintos grupos de edad. El cluster 2 se ha mantenido estable para todos los grupos de edad excepto para los más jóvenes, que han disminuido su probabilidad de fallecimiento, siendo el grupo de edad más mayor el que presenta un comportamiento contrario.

Por lo que respeta al clúster 3, en términos generales la mortalidad de estas causas se ha ido reduciendo ligeramente a lo largo de los años, manteniéndose con un nivel similar al del cluster 2.

Los clusters 1 y 4 presentan una evolución anómala que ha sido la que ha provocado la separación por parte de los algoritmos de clústering utilizados. Cabe destacar que esta inestabilidad se presenta sobretodo en los grupos de edad más jóvenes, en los que se rompe el patrón clásico que indica que a mayor edad mayor probabilidad de fallecer.

6. Conclusiones

Se han realizado los modelos correspondientes de Lee-Carter para cada uno de los clusters y para el total sin desagregar, con el ánimo de poder comparar ambas predicciones. Los parámetros que se obtienen para todos los modelos son los que siguien:

	Total		Cluster 1		Cluster 2		Cluster 3		Cluster 4	
Edad	a_x	b_x	a_x	b_x	a_x	b_x	a_x	b_x	a_x	b_x
0	-5.78	-0.00	-9.32	0.01	-8.49	-0.02	-5.59	0.01	-8.32	1.04
1	-7.71	0.02	-10.78	0.02	-9.29	0.00	-8.77	0.01	-10.97	-0.27
2	-8.08	0.03	-11.27	0.02	-9.45	0.01	-9.33	0.01	-11.56	-0.54
3	-8.26	0.03	-11.59	0.02	-9.52	0.01	-9.56	0.01	-11.86	-0.67
4	-8.35	0.03	-11.82	0.02	-9.55	0.01	-9.63	0.01	-12.03	-0.72
5	-8.39	0.03	-11.98	0.02	-9.56	0.01	-9.63	0.01	-12.11	-0.74
6	-8.39	0.03	-12.08	0.02	-9.56	0.01	-9.57	0.01	-12.13	-0.72
7	-8.37	0.02	-12.13	0.02	-9.55	0.01	-9.47	0.01	-12.10	-0.69
8	-8.33	0.02	-12.15	0.02	-9.52	0.01	-9.35	0.01	-12.05	-0.64
9	-8.29	0.02	-12.14	0.02	-9.49	0.01	-9.21	0.01	-11.97	-0.58
10	-8.23	0.02	-12.10	0.02	-9.46	0.01	-9.07	0.01	-11.87	-0.51
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮

Cuadro 3: Parámetros a_x y b_x de los distintos modelos
Fuente: Elaboración propia.

Año	k_t Total	k_t Clust. 1	k_t Clust. 2	k_t Clust. 3	k_t Clust. 4
1987	41.09	-29.38	14.95	45.13	1.68
1988	41.88	-47.34	18.50	44.77	1.63
1989	40.71	4.98	19.95	42.56	1.31
1990	41.65	24.36	26.38	40.63	1.36
1991	39.49	36.79	23.50	38.99	1.00
1992	33.30	45.65	18.93	32.36	0.60
1993	34.40	53.63	22.76	31.39	0.52
1994	29.52	56.43	22.01	25.01	0.05
1995	28.55	61.58	23.19	22.00	0.01
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮

Cuadro 4: Parámetros k_t de los distintos modelos
Fuente: Elaboración propia.

Las tablas completas se puede encontrar en `https://github.com/JuanJoseVidal/Mortalidad-por-causas.-Desagregaci-n-y-predicci-n./tree/master/Tablas`.

Para poder realizar una mejor comparación de los modelos, se decide dibujar las predicciones de las q_x para los futuros años. Es así como se observa que, al desagregar

por clusters, si sumamos las q_x de todos los modelos de las subagrupaciones estaremos obteniendo una aproximación de la mortalidad total, y si lo dibujamos sobre el modelo obtenido sin desagregar, observamos las predicciones para una gran cantidad de edades no varía excepto entre los años 0 y 10, donde claramente se observa que la desagregación (verde) produce una mayor estabilidad en la predicción que sin desagregar (rojo), lo cual nos indica que el modelo ha sido mejorado.

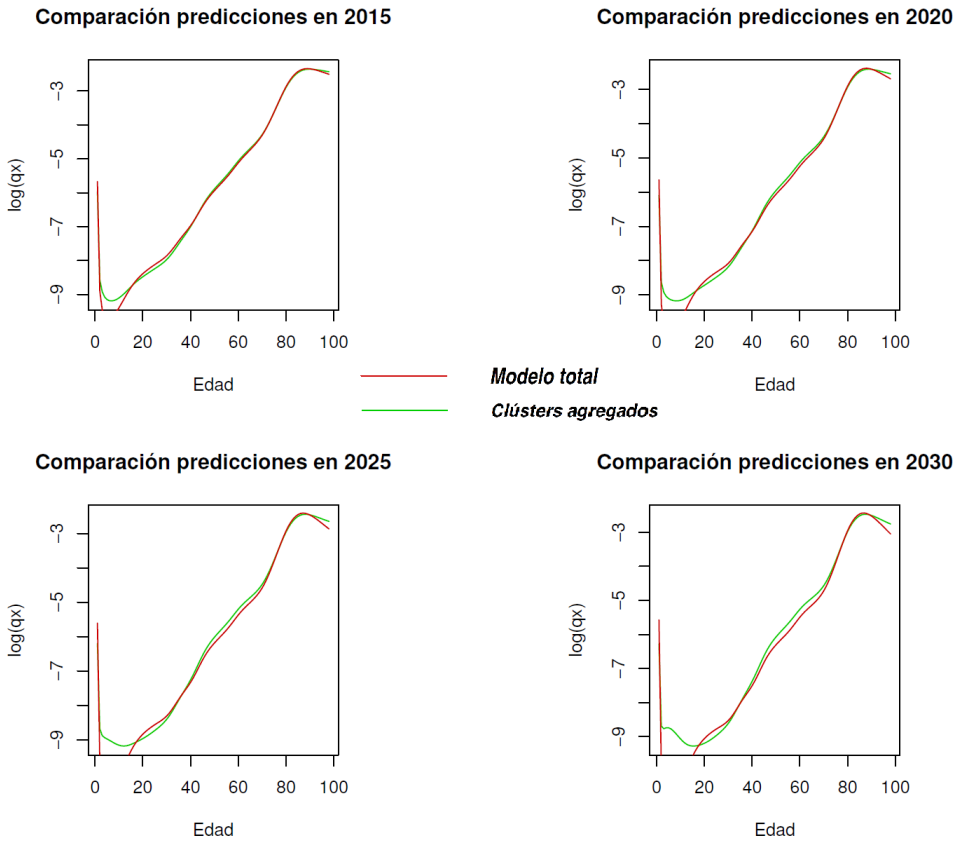


Figura 17: Comparación de las predicciones de la mortalidad total.
Fuente: Elaboración propia.

Finalmente, destacar que se ha comprobado también que estos modelos pueden mejorarse aún más si los datos que se utilizan desde el inicio contienen las edades año a año, ya que cabe recordar que el INE sólo proporciona las defunciones por causas para grupos de edades de 5 años. Así, la estabilización que obtendríamos sería muy superior y las diferencias entre modelizar el total y los clusters pasarían a ser más acentuadas.

Concluímos así que la desagregación de las causas para la predicción de la mortalidad es un método de estabilización de las predicciones a largo plazo, siendo las agrupaciones las encontradas a partir de distintos algoritmos de clustering para la similitud de evolu-

ciones y los modelos utilizados para la modelización los clásicos modelos de mortalidad de Lee-Carter.

Lista reducida de causas de muerte CIE-10 y su correspondencia con la CIE-9.

		Grupos de causas (desde 2009)[0]	*Código de la lista detallada CIE-10*	*Código de la lista detallada CIE-9*
001-102		**Todas las causas**	**A00-Y89**	**001-E999**
I. 001-008		**Enfermedades infecciosas y parasitarias** [1]	**A00-B99, R75, U04.9**	**001-139, 279.5.6, 795.8**
	001	Enfermedades infecciosas intestinales	A00-A09	001-009
	002	Tuberculosis y sus efectos tardíos	A15-A19, B90	010-018, 137
	003	Enfermedad meningocócica	A39	036
	004	Septicemia	A40, A41	038
	005	Hepatitis vírica	B15-B19	070
	006	SIDA	B20-B24	279.5.6
	007	VIH+ (portador, evidencias de laboratorio del VIH,.).	R75	795.8
	008	Resto de enfermedades infecciosas y parasitarias y sus efectos tardíos	Resto A00-B99, U04.9	Resto 001-139
II. 009-041		**Tumores**	**C00-D48**	**140-239, 273.1.3, 289.8**
	009	Tumor maligno del labio, de la cavidad bucal y de la faringe	C00-C14	140-149
	010	Tumor maligno del esófago	C15	150
	011	Tumor maligno del estómago	C16	151
	012	Tumor maligno del colon	C18	153
	013	Tumor maligno del recto, de la porción rectosigmoide y del ano	C19-C21	154
	014	Tumor maligno del hígado y vías biliares intrahepáticas	C22	155
	015	Tumor maligno del páncreas	C25	157
	016	Otros tumores malignos digestivos	Resto C15-C26, C45.1, C48	Resto 150-159
	017	Tumor maligno de la laringe	C32	161
	018	Tumor maligno de la tráquea, de los bronquios y del pulmón	C33, C34	162
	019	Otros tumores malignos respiratorios e intratorácicos	Resto C30-C39, C45.0.2	Resto 160-165
	020	Tumores malignos del hueso y de los cartílagos articulares	C40, C41	170
	021	Melanoma maligno de la piel	C43	172
	022	Otros tumores malignos de la piel y de los tejidos blandos	C44-C47, C49 (excepto C45.0.1.2)	171, 173
	023	Tumor maligno de la mama	C50	174,175
	024	Tumor maligno del cuello del útero	C53	180
	025	Tumor maligno de otras partes del útero	C54, C55	179,182
	026	Tumor maligno del ovario	C56	183.0
	027	Tumores malignos de otros órganos genitales femeninos	Resto C51-C58	Resto 179-184
	028	Tumor maligno de la próstata	C61	185
	029	Tumores malignos de otros órganos genitales masculinos	Resto C60-C63	186,187
	030	Tumor maligno del riñón, excepto pelvis renal	C64	189.0
	031	Tumor maligno de la vejiga	C67	188
	032	Otros tumores malignos de las vías urinarias	Resto C64-C68	Resto 188-189
	033	Tumor maligno del encéfalo	C71	191
	034	Otros tumores malignos neurológicos y endocrinos	Resto C69-C75	Resto 190-194
	035	Tumor maligno de sitios mal definidos, secundarios y de sitios no especificados	C76-C80, C97	195-199
	036	Tumores malignos del tejido linfático, de los órganos hematopoyéticos y de tejidos afines (excepto leucemia)	C81-C90, C96	200-203, 273.3
	037	Leucemia	C91-C95	204-208
	038	Tumores in situ	D00-D09	230-234
	039	Tumores benignos	D10-D36	210-229
	040	Síndrome mielodisplásico[2]	D46	289.8
	041	Otros tumores de comportamiento incierto o desconocido	D37-D45, D47, D48	235-239, 273.1
III. 042-043		**Enfermedades de la sangre y de los órganos hematopoyéticos, y ciertos trastornos que afectan al mecanismo de la inmunidad**	**D50-D89**	**273.0.2, 279-289 (excepto 279.5.6, 289.8)**
	042	Enfermedades de la sangre y de los órganos hematopoyéticos	D50-D77	280-289 (excepto 289.8)
	043	Ciertos trastornos que afectan al mecanismo de la inmunidad	D80-D89	273.0.2, 279 (excepto 279.5.6)

		Grupos de causas (desde 2009)[0]	*Código de la lista detallada CIE-10*	*Código de la lista detallada CIE-9*
IV. 044-045		**Enfermedades endocrinas, nutricionales y metabólicas**	**E00-E90**	**240-278, 330.0.1 (excepto 273.0.1.2.3, 274)**
	044	Diabetes mellitus	E10-E14	250
	045	Otras enfermedades endocrinas, nutricionales y metabólicas	Resto E00-E90	Resto 240-278, 330.0.1 (excepto 273.0.1.2.3, 274)
V. 046-049		**Trastornos mentales y del comportamiento**	**F00-F99**	**290-319**
	046	Trastornos mentales orgánicos, senil y presenil	F00-F09	290
	047	Trastornos mentales debidos al uso de alcohol	F10	291, 303
	048	Trastornos mentales debidos al uso de drogas (drogodependencia, toxicomanía)	F11-F16, F18, F19	304, 305
	049	Otros trastornos mentales y del comportamiento	Resto F00-F99	Resto 290-319
VI-VIII. 050-052		**Enfermedades del sistema nervioso y de los órganos de los sentidos**	**G00-H95**	**320-389, 435 (excepto 330.0.1)**
	050	Meningitis (otras en 003)	G00-G03	320-322
	051	Enfermedad de Alzheimer	G30	331.0
	052	Otras enfermedades del sistema nervioso y de los órganos de los sentidos	Resto de G00-H95	Resto 320-389, 435 (excepto 330.0.1)
IX. 053-061		**Enfermedades del sistema circulatorio**[3]	**I00-I99**	**390-459, (excepto 427.5, 435, 446, 459.0)**
	053	Enfermedades cardíacas reumáticas crónicas	I05-I09	393-398
	054	Enfermedades hipertensivas	I10-I15	401-405
	055	Infarto agudo de miocardio	I21	410
	056	Otras enfermedades isquémicas del corazón	I20, I22-I25	411-414
	057	Insuficiencia cardíaca	I50	428
	058	Otras enfermedades del corazón	I00-I02, I26-I49, I51, I52	390-392,415-417,420-427, 429 (excepto 427.5)
	059	Enfermedades cerebrovasculares	I60-I69	430-434, 436-438
	060	Aterosclerosis	I70	440
	061	Otras enfermedades de los vasos sanguíneos	I71-I99	441-459 (excepto 446, 459.0)
X. 062-067		**Enfermedades del sistema respiratorio**	**J00-J99**	**460-519, 786.0**
	062	Influenza (gripe) (incluye gripe aviar y gripe A)	J09-J11	487
	063	Neumonía	J12-J18	480-486
	064	Enfermedades crónicas de las vías respiratorias inferiores (excepto asma)	J40-J44, J47	490-492, 494-496
	065	Asma	J45, J46	493
	066	Insuficiencia respiratoria[4]	J96	786.0
	067	Otras enfermedades del sistema respiratorio	Resto J00-J99	Resto 460-519
XI. 068-072		**Enfermedades del sistema digestivo**	**K00-K93**	**520-579**
	068	Úlcera de estómago, duodeno y yeyuno	K25-K28	531-534
	069	Enteritis y colitis no infecciosas	K50-K52	555, 556, 558
	070	Enfermedad vascular intestinal	K55	557
	071	Cirrosis y otras enfermedades crónicas del hígado	K70, K72.1, K73, K74, K76.1.9	571
	072	Otras enfermedades del sistema digestivo	Resto K00-K93	Resto 520-579
XII. 073	**073**	**Enfermedades de la piel y del tejido subcutáneo**	**L00-L99**	**680-709**
XIII. 074-076		**Enfermedades del sistema osteomuscular y del tejido conjuntivo**	**M00-M99**	**274, 446, 710-739**
	074	Artritis reumatoide y osteoartrosis	M05, M06, M15-M19	714, 715
	075	Osteoporosis y fractura patológica	M80-M82, M84.4	733
	076	Otras enfermedades del sistema osteomuscular y del tejido conjuntivo	Resto M00-M99	Resto 710-739, 274, 446
XIV. 077-080		**Enfermedades del sistema genitourinario**	**N00-N99**	**580-629**
	077	Enfermedades del riñón y del uréter	N00-N29	580-594
	078	Enfermedades de los órganos genitales masculinos	N40-N51	600-608
	079	Enfermedades de los órganos genitales femeninos y trastornos de la mama	N60-N64, N70-N98	610, 611, 614-629
	080	Otras enfermedades del sistema genitourinario	Resto N00-N99	Resto 580-629
XV. 081	**081**	**Embarazo, parto y puerperio**	**O00-O99**	**630-676**
XVI. 082	**082**	**Afecciones originadas en el periodo perinatal**	**P00-P96**	**760-779**

		Grupos de causas (desde 2009)[0]	*Código de la lista detallada CIE-10*	*Código de la lista detallada CIE-9*
XVII. 083-085		**Malformaciones congénitas, deformidades y anomalías cromosómicas**	**Q00-Q99**	**740-759**
	083	Malformaciones congénitas del sistema nervioso	Q00-Q07	740-742
	084	Malformaciones congénitas del sistema circulatorio	Q20-Q28	745-747
	085	Otras malformaciones congénitas, deformidades y anomalías cromosómicas	Resto Q00-Q99	Resto 740-759
XVIII. 086-089		**Síntomas, signos y hallazgos anormales clínicos y de laboratorio, no clasificados en otra parte[1]**	**R00-R74, R76-R99**	**427.5, 459.0, 780-799 (excepto 786.0, 795.8)**
	086	Paro cardíaco, muerte sin asistencia y otra causa desconocida de mortalidad	R98, R99	427.5, 798.9, 799.9
	087	Senilidad	R54	797
	088	Muerte súbita infantil	R95	798.0
	089	Resto de síntomas, signos y hallazgos anormales clínicos y de laboratorio, no clasificados en otra parte	Resto R00-R74, R76-R99	459.0, Resto 780-799 (excepto 786.0, 795.8)
XX. 090-102		**Causas externas de mortalidad**	**V01-Y89**	**E800-E999**
	090	Accidentes de tráfico de vehículos de motor	V02-V04 con .1.9 V09.2.3 V12-V14 .3.4.5.9 V19.4.5.6.9 V20-V28 .3.4.5.9 V29.4.5.6.9 V30-V38.4.5.6.7.9 V39.4.5.6.9 V40-V48.4.5.6.7.9 V49.4.5.6.9 V50-V58.4.5.6.7.9 V59.4.5.6.9 V60-V68.4.5.6.7.9 V69.4.5.6.9 V70-V78.4.5.6.7.9 V79.4.5.6.9 V80.3.4.5 V81.1 V82.1 V83.0.1.2.3 V84.0.1.2.3 V85.0.1.2.3 V86.0.1.2.3 V87.0.1.2.3.4.5.6.7.8 V89.2.9	E810-E819
	091	Otros accidentes de transporte	Resto deV01-V99	E800-E807, E820-E848
	092	Caídas accidentales	W00-W19	E880-E888 (excepto E887)
	093	Ahogamiento, sumersión y sofocación accidentales	W65-W84	E910-E915
	094	Accidentes por fuego, humo y sustancias calientes	X00-X19	E890-E899, E924
	095	Envenenamiento accidental por psicofármacos y drogas de abuso	X41, X42, X44, X45	E850.0.9, E851-E855, E858.9, E860
	096	Otros envenenamientos accidentales	Resto de X40-X49	Resto de E850-E869
	097	Otros accidentes	Resto W00-X59	Resto E800-E849, Resto E880-E928
	098	Suicidio y lesiones autoinfligidas	X60-X84	E950-E959
	099	Agresiones (homicidio)	X85-Y09	E960-E969
	100	Eventos de intención no determinada	Y10-Y34	E980-E989
	101	Complicaciones de la atención médica y quirúrgica	Y40-Y84	E870-E879, E930-E949
	102	Otras causas externas y sus efectos tardíos	Resto Y35-Y89	Resto E929-E999

(Colaboración Registros de mortalidad de las CCAA - INE)

Referencias

[1] C. A. Ochoa Molina et al. *El modelo Lee-Carter para estimar y pronosticar mortalidad: una aplicación para Colombia*. PhD thesis, Universidad Nacional de Colombia-Sede Medellín.

[2] T. M. Cover and P. E. Hart. Nearest neighbor pattern classification. *Information Theory, IEEE Transactions on*, 13(1):21–27, 1967.

[3] L. Heligman and J. H. Pollard. The age pattern of mortality. *Journal of the Institute of Actuaries*, 107(01):49–80, 1980.

[4] R. C. Dubes. How many clusters are best?-an experiment. *Pattern Recognition*, 20(6):645–663, 1987.

[5] C. Cuadras Avellanas. Distancias estadísticas. *Estadística Española*, (119):295–357, 1988.

[6] J. Bozik and W. Bell. Time series modeling for the principal components approach to forecasting age-specific fertility. In *meetings of the Population Association of America, Baltimore*, 1989.

[7] L. R. Kaufman and P. Rousseeuw. Pj (1990) finding groups in data: An introduction to cluster analysis. *Hoboken NJ John Wiley & Sons Inc*, 1990.

[8] R. D. Lee and L. R. Carter. Modeling and forecasting us mortality. *Journal of the American statistical association*, 87(419):659–671, 1992.

[9] R. C. Dubes. Cluster analysis and related issues. In *Handbook of pattern recognition & computer vision*, pages 3–32. World Scientific Publishing Co., Inc., 1993.

[10] Y. Cheng. Mean shift, mode seeking, and clustering. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, 17(8):790–799, 1995.

[11] E. L. Cunningham, S. S. Jaswal, J. L. Sohl, and D. A. Agard. Kinetic stability as a mechanism for protease longevity. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 96(20):11008–11014, 1999.

[12] F. Muñoz. Modelos e historia de la mortalidad: una evaluación crítica. *Revista de Demografía Histórica*, pages 183–224, 2001.

[13] D. T. Rowland et al. Demographic methods and concepts. *OUP Catalogue*, 2003.

[14] T. Barugola and C. Maccheroni. Sensitivity analysis of the lee-carter model fitting mortality by causes of death. società italiana di statistica, rischio e previsione. *Atti della riunione intermedia, Padova*, page 481, 2007.

[15] H. Booth and L. Tickle. Mortality modelling and forecasting: A review of methods. *Annals of actuarial science*, 3(1-2):3–43, 2008.

[16] A. J. Cairns, D. Blake, and K. Dowd. Modelling and management of mortality risk: a review. *Scandinavian Actuarial Journal*, 2008(2-3):79–113, 2008.

[17] M.-C. Koissi and A. F. Shapiro. The lee-carter model under the condition of variables age-specific parameters. In *43rd Actuarial Research Conference*, 2008.

[18] J. Oeppen et al. Coherent forecasting of multiple-decrement life tables: a test using japanese cause of death data. 2008.

[19] S. Richards. Selected issues in modelling mortality by cause and in small populations. *British Actuarial Journal*, 15(S1):267–283, 2009.

[20] M. Kahm, G. Hasenbrink, H. Lichtenberg-Frat'e, J. Ludwig, and M. Kschischo. grofit: Fitting biological growth curves with R. *Journal of Statistical Software*, 33(7):1–21, 2010.

[21] B. Ridsdale, A. Gallop, I. Hall, and L. High Holborn. Mortality by cause of death and by socio-economic and demographic stratification 2010. In *Paper for the International Congress of Actuaries*, 2010.

[22] I. B. Sampere and F. G. M. Jurado. Using wavelet to non-parametric graduation of mortalily rates. In *Anales del Instituto de Actuarios Españoles*, number 17, pages 135–164. Instituto de Actuarios Españoles, 2011.

[23] S. Gaille and M. Sherris. Causes-of-death mortality: What can be learned from cointegration. Technical report, Working paper. Faculty of Business and Economics (HEC Lausanne), University of Lausanne, 2012.

[24] D. Lederman and J. Tabrikian. Classification of multichannel eeg patterns using parallel hidden markov models. *Medical & biological engineering & computing*, 50(4):319–328, 2012.

[25] J. M. Pavía, F. Morillas, and J. Lledó. Introducing migratory flows in life table construction. *SORT*, 36(1):103–114, 2012.

[26] K. G. van den Boogaart and R. Tolosana-Delgado. Fundamental concepts of compositional data analysis. In *Analyzing Compositional Data with R*, pages 13–50. Springer, 2013.

[27] T. Guan. Multiple-decrement compositional forecasting with the lee-carter model. 2014.

[28] F. Morillas and J. Valero. On a nonlocal discrete diffusion system modeling life tables. *Revista de la Real Academia de Ciencias Exactas, Fisicas y Naturales. Serie A. Matematicas*, 108(2):935–955, 2014.

[29] D. H. Alai, S. Arnold, and M. Sherris. Modelling cause-of-death mortality and the impact of cause-elimination. *Annals of Actuarial Science*, 9(01):167–186, 2015.

[30] S. Arnold and M. Sherris. Causes-of-death mortality: What do we know on their dependence? *North American Actuarial Journal*, 19(2):116–128, 2015.

[31] I. N. de Estadística. *INEbase, Censos de Población y Viviendas 2014.*, 2017.

[32] J. M. R.-P. del Castillo and I. A. Lozano. *El riesgo de longevidad y su aplicación práctica a Solvencia II: modelos actuariales avanzados para su gestión*. Fundación Mapfre, 2014.

[33] P. A. Devijver and J. Kittler. *Pattern recognition: A statistical approach*, volume 761. Prentice-Hall London, 1982.

[34] A. K. Jain and R. C. Dubes. *Algorithms for clustering data*. Prentice-Hall, Inc., 1988.

[35] M. Maechler, P. Rousseeuw, A. Struyf, M. Hubert, and K. Hornik. *cluster: Cluster Analysis Basics and Extensions*, 2016. R package version 2.0.5 — For new features, see the 'Changelog' file (in the package source).

[36] R Core Team. *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2016.

[37] D. J. Sharrow. *HPbayes: Heligman Pollard mortality model parameter estimation using Bayesian Melding with Incremental Mixture Importance Sampling*, 2012. R package version 0.1.

[38] R. J. H. with contributions from Heather Booth, L. Tickle, and J. Maindonald. *demography: Forecasting Mortality, Fertility, Migration and Population Data*, 2017. R package version 1.19.