# A Comparison of Four Methods with two ways for Missing Data Imputation

임소현\* \* 이화여자대학교 통계학과

#### 요 약

결측치를 처리하는 문제는 모든 연구의 일부분이며 데이터 분석에 중요한 요소이다. 우리는 효율적이고 유효한 분석을 제공하기 위해 결측치를 제거하거나 적절한 값으로 대체해야 한다. 또한 결측치를 처리함에 있어서 train data 와 test data 가 각각 주어졌을 때, 나누어 처리할지, 합쳐서 처리할지는 중요한 문제이다. 따라서, 이 연구에서는 네 가지의 대입 방법: Mean imputation, KNN imputation, MICE, MissForest을 이용하여 비교해보고자 한다. 실제 분류 문제를 다루는 데이터를 이용하여 MCAR, MAR, MNAR를 가정하고, 결측치를 잘 채워 넣는지와 잘 예측하는지에 대해 RMSE, Miscalssification error 로 비교해 보고자 한다.

키워드: missing values, multiple imputation

# 1. 서 론

결측치는 대부분의 연구 분야에서 일어나는 공통적인 문제이다. Rubin 에 따르면 결측치는 세 가지 메커니즘에 의해 발생한다. MCAR(Missing Completely at Rnadom) 은 변수의 종류와 변수의 값과 상관없이 완전히 랜덤하게 발생한다. 이 경우에는 분석에 영향을 주지 않지만, 실제로 MCAR 인 경우는 거의 없다고 알려져 있다. MAR(Missing at Random)은 한 변수에 대하여 관측된 값에는 의존하지만, 관측되지 않은 값에는 의존하지 않는 경우이다. Dropout case 가 이 경우에 해당한다. MNAR(Missing Not at Random)은 누락된 변수의 관측된 값 및 관측되지 않은 값에도 의존하는 경우이다. 누락된 변수의 값과 누락된 이유가 관련이 있다.

Complete-Case Analysis(CC)는 결측치가 존재하는 관측치를 제거하는 방법으로 결측값이 MCAR 일 때, 주로사용한다. 결측치를 쉽게 처리할 수 있다는 장점이 있지만, 데이터 수가 적거나, 결측치의 비율이 높다면 불필요한 정보의 손실이 일어날 수 있다. 따라서 결측치를 제거하지 않고, 적절한 값으로 대체하는 것이 중요하다. 본 연구에서는 네 가지 Missing Imputation 방법을이용하여, 세 종류의 결측치(MCAR, MAR, MNAR)에 대해서 비교해 보고자 한다.

네 가지 방법 비교 시, train data, test data 를 나누어 처리하는 방법과, 두 데이터를 합쳐서 처리하는 방법으로 나누어서 비교해보고자 한다. 대부분의 분류 문제들은 train data 와 test data 를 나누어 분석을 진행한다. 기존 연

구에서는 나누어져 있는 데이터에 대해서 missing imputation 을 할 때, 어떻게 처리하는지에 대해서는 다루지 않는다. 본 연구에서는 이 두 가지 방법에 대해서 중점적으로 다툼으로써 다른 연구들과의 차별점을 갖는다. 결측치를 채울 때, 해당 값을 실제 값과 비교해서 얼마나 잘 채웠는지(RMSE), 채운 후, 분류 문제에 대해서 얼마나 좋은 예측력을 보이는지(Misclassfication error)로 비교한다.

# 2. 모형 및 Imputation Methods

# 2.1 로지스틱 회귀모형

반응변수가 범주형 변수인 자료에 흔히 쓰이는 모형은 로지스틱 회귀모형(logistic regression model)이다. 반응변수(Y)가 두 개의 범주로 이루어진 경우, 이 변수는 성공에 대한 확률  $P(Y=1)=\pi$ 와 실패에 대한 확률  $P(Y=0)=1-\pi$ 를 갖는 이항분포로 표현할 수 있다. 로지스틱 모형은 이러한 반응변수 Y 와 여러 독립변수와의 관계를 설명하는데 사용된다.

$$\log \operatorname{logit}(\pi_i) = \log \frac{\pi_i}{1 - \pi_i} = \beta \cdot X_i$$

$$\pi_i = \frac{e^{\beta \cdot X_i}}{1 + e^{\beta \cdot X_i}}$$

#### 2.2 평균 대치법(Mean Imputation)

이 방법은 관측 또는 실험되어 얻어진 자료의 평균값으로 결측값을 대치하는 방법이다. 평균 대치법은 사용하기가 간단하고 Complete Analysis 에 비해 효율성이 향상된다. 그러나 관측된 자료를 토대로 한 추정값으로 결측값을 대치함으로써 통계량의 표준오차가 과소 추정되는 문제가 있다.

#### 2.3 K-Nearest Neighbor imputation

KNN 은 다차원 공간에서 가장 가까운 k 개의 이웃과 점을 연결하는 데 유용한 알고리즘이다. 연속형, 이산형, 범주형 등 데이터의 종류에 상관없이 데이터의 결측치를 처리하는 데 유용하다. 결측치를 처리할 때, KNN 을 사용하여 관측치가 있는 다른 변수들을 기준으로 값이가장 가까운 점의 값으로 근사치를 구할 수 있다.

#### **2.4 MICE**

MICE 는 연쇄방정식을 이용한 대중결측대치 알고리즘으로, 단순 대치법에 비해 여러 대치를 생성하여 결측 값의 불확실성을 관리한다. 변수별로 대체값을 만드는모델을 지정하여 변수별로 결측치를 대체한다

- 1. 결측치들을 적당한 값으로 초기값을 정한다.
- 2. 결측치의 양에 따라 변수의 인덱스를 정렬하여 벡터를 k로 둔다.
- 3. 종료 조건 γ 을 충족하지 않는다면 다음을 반복한다.:
- 4.  $X_{old}^{imp}$ 에 이전에 결측 대치한 자료 행렬을 할당한다.
- 5. k의 각 원소 s에 대해 다음을 반복한다.
- 6. 랜덤 포레스트 모형  $y_{obs}^{(s)} \sim x_{obs}^{(s)}$ 을 적합시킨다.
- 7. 6의 모형을 이용하여  $y_{miss}^{(s)} \sim x_{miss}^{(s)}$ 을 적합시킨다.
- 8. 추정된  $y_{miss}^{(s)}$ 를 이용해 결측 대치하여  $x_{new}^{imp}$ 행렬을 만든다.
- γ 을 갱신한다.
- 10. 최종 결측 대치된 행렬  $x^{imp}$ 을 얻는다.
- <표 1> Mice 알고리즘

#### 2.5 MissForest

missForest 는 기계학습 알고리즘인 랜덤 포레스트 (random forest)를 이용한 결측 대치 알고리즘이다. 알고리즘 실행 과정은 <표 2>과 같다.

- 1. 결측치들을 적당한 값으로 대체한다.
- 2. 결측치 양에 따라 변수의 index 를 정렬한 벡터를 k로 둔다.
- 3. γ를 충족하지 않는 동안 다음을 반복한다.
- $X_{old}^{imp}$ 에 이전에 결측 대치한 자료 행렬을 할당한다.
- 5. k의 각 원소 s에 대해 다음을 반복한다.
- 6. 랜덤 포레스트 모형  $y_{obs}^{(s)} \sim x_{obs}^{(s)}$ 을 적합시킨다.

- 7. 6의 모형을 이용하여  $x_{mis}^{(s)}$ 로  $y_{mis}^{(s)}$ 를 추정한다.
- 8. 추정된  $y_{mis}^{(s)}$ 를 이용해 결측 대치하여  $X_{now}^{imp}$  행렬을 만든다.
- 9. γ를 업데이트 시킨다.
- 10. 최종 결측 대치된 행렬 *X<sup>imp</sup>를* 얻는다.
- <표 2> MissForest 알고리즘

종료조건 γ는 양의 실수이고, 알고리즘 실행 전에 미리 설정되는 값이다. γ는 이전 단계의 대치 결과와 현재 단계의 대치 결과 간의 차이가 충분히 작을 때 알고리즘을 종료한다. missForest 가 랜덤 포레스트 모형을 이용하기 때문에 알고리즘 운용을 조절하는 매개변수는 랜덤 포레스트 알고리즘의 매개변수를 따른다.

#### 3. Datasets

Imputation 결과를 비교하기 위해서 UCI machine learning repository 에서 제공하는 Blood Transfusion Service Center Data Set 을 사용하였다. Transfusion 데이터는 2007 년 5 월에 헌혈 여부에 대한 분류 문제로, 총 499 개의 관측치와 5 개의 변수(Recency - 마지막 기증 이후 개월 / Frequency - 여태까지의 기증 횟수 / Monetary - 총 기증한 헌혈의 양(c.c). / Time - 첫 기증 이후 개월 / Y)를 가지고 있다. 전체 데이터의 종속변수(Y)는 0 이 271 개 (54.3%), 1 이 178 개(35.7%)로 이루어져 있다.

# 3.1 분석 방법

Transfusion 데이터를 이용하여,  $U = \alpha_1 I^* + \alpha_2 Y + Z$  라는 새로운 변수를 생성하였다. 여기서  $I^*$ 는 결측치를 생성할 변수를, Y은 반응변수, Z는 정규분포로부터 독립적으로 생성한 값이다. U가 양수이면,  $I^*$ 로 사용된 설명변수의 값을 NA로 만들어 결측치를 생성하였다. MCAR, MAR, MNAR은  $\alpha_1$ 과  $\alpha_2$ 의 값을 각각 다르게 설정하였다. 자세한 값은 다음과 같다.

1. MCAR Selection :  $\alpha_1 = \alpha_2 = 0$ 2. MAR Selection :  $\alpha_1 = 0$ ,  $\alpha_2 = 1$ 3. MNAR Selection :  $\alpha_1 = 1$ ,  $\alpha_2 = 0$ 

위의 방법으로 세 종류의 결측치를 생성하였고, 결측치를 생성한 변수( $I^*$ )에는 Monetary, Time 두 변수가 사용되었다. 결측치를 만든 전체 데이터의 70%을 training data, 나머지 30%을 test data 로 임의로 나누어 분석에 사용하였다. 결측치 종류별 데이터에 존재하는 결측치 수와 비율은 <표 3>과 같다.

		Monetary	Time	
MCAR	train	92 (29%)	102 (32%)	194 (15.3%)
	test	37 (28%)	48 (35%)	85 (15.3%)
	Total 279 (15.5%)			

MAR	train	92 (29%)	106 (33%)	198 (15.7%)	
	test	40 (29%)	43 (32%)	83 (15.4%)	
	Total 281 (15.6%)				
MNAR	train	93 (29%)	101 (32%)	194 (15.3%)	
	test	36 (27%)	49 (36%)	85 (15.3%)	
	Total 279 (15.5%)				

<표 3> 데이터의 결측치 수 (비율)

각각의 경우에 대하여 split 방법과 combine 방법을 이용하여 분석을 진행하였다. split 방법은 train data 와 test data 를 나누어 놓고, 각각의 데이터를 가지고 결측치 처리를 하여 분석하는 방법이다. combine 방법은 train data 와 test data 를 하나로 합쳐서 결측치 처리를 하여 분석하였다.

#### 3.2 평가 기준

모델 성능은 두 가지 척도로 비교해보고자 한다.

평균 제곱근 오차(RMSE)는 일반적으로 회귀의 평가를 위한 지표로 오차를 제곱해 평균한 값에 루트를 씌운 값이다. 본 연구에서는 실제 값과 대입한 값의 차이를 사용하였고, 각 변수들의 가중치를 동일하게 해주기

위해 전체 데이터를 표준화 후 계산하였다.

$$RMSE = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^{n} (X_i^{obs} - X_i^{imputed})^2}{n}}$$

오분류율(Error rate, Misclassification rate)이란 전체 데이터에서 잘못 분류한 관측치의 비율이며, 직관적으로 모델 예측 성능을 나타내는 평가 지표이다.

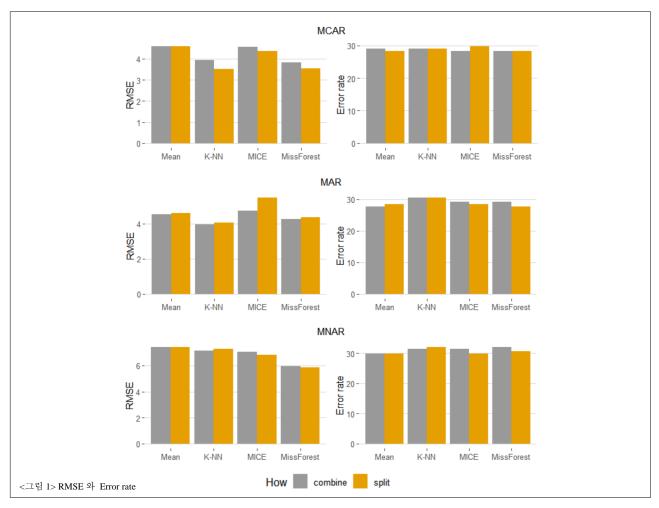
### Error rate = % of misclassified samples

결론적으로 대입된 값을 이용해 RMSE 를 구하고, 로 지스틱 회귀로 모델링 후 예측된 값으로 오분류율을 구 하여 여러 방법 별로 비교해 보았다.

# 4. 결 과

먼저 MCAR 에서 RMSE 의 경우, 평균값 대체를 제외하면 combine 보다 split 하여 결측치를 채웠을 때 낮은 오차를 보였다. Split 하였을 때는 K-NN, MissForest, Mice, Mean 순으로, combine 을 하였을 때는 MissForest, K-NN, Mice, Mean 순으로 좋았다.

오분류율의 경우 K-NN 과 MissForest 는 두 방법의 값



이 같았고, Mean 은 split 이, Mice 는 combine 이 좀 더좋았다.

다음으로 MAR 일 때는 전체적으로 split 보다 combine 인 경우의 RMSE 가 더 낮았다. 특히 MICE 의 경우 차이가 0.75 정도로 다른 방법의 차는 0.1 인 것에 비해 큰폭으로 차이가 났다. Split 과 combine 모두, k-nn, MissForest, Mean, Mice 순으로 좋았다. 예측력의 관점에서는 Mean 의 경우는 combine 일 때가 더 좋았지만, MICE와 MissForest는 split에서 더 좋았다. K-NN의 두 결과는 동일하였다.

마지막으로 MNAR 에서는 RMSE 값이 MissForest, Mice, K-NN, Mean 순으로 좋았고 K-NN은 combine 인 경우에, MICE, MissForest는 split인 경우에 더 좋았다. 오분류율로 비교해 보았을 때는 Mean, Mice, MissForest, K-NN순으로 좋았다.

#### 5. 결 론

결측치가 있는 자료는 분석의 과정과 결과 전반을 왜 곡시킬 수 있다. 따라서 결측치가 있는 자료에서 올바르게 데이터를 채우는 방법이 필요하다. 본 연구는 결측치를 대치할 때, MCAR, MAR, MNAR 이라는 가정하에 올바르게 대치하기 위해 split 방법과 combine 방법을 두가지 측면(RMSE, 오분류율)으로 비교하였다. 표준화된 RMSE 를 비교함으로써 참값과 비교해 결측치를 잘 처리했는지를 검증했고, 오분류율 를 비교함으로써 예측력에는 어떤 차이가 있는지 검증하였다.

MCAR 의 경우 train 과 test 를 나누어 MissForest 로 결 측치를 채웠을 때, RMSE 도 낮고 예측력 또한 좋았다.

MAR 의 경우에는 train 과 test 를 합쳐서 결측치를 채우되, 결측값이 잘 채워졌는지를 기준으로 두면 K-NN을, 예측력 기준이면 평균값 대체가 좋았다. MissForest는 RMSE 와 오분류율이 네 방법 중 제일 좋지는 않았지만 전반적으로 나쁘지 않았다.

MNAR 에서는 MissForest 가 두 데이터를 나누어 결측 치를 처리하였을 때 다른 방법들에 비해 RMSE 가 현저 히 낮았고, 예측력 기준에 있어서도 다른 방법과 비슷 하였다.

다만, 한 가지의 데이터를 이용하여 분석을 진행하였기 때문에 본 연구의 결과가 다른 자료에도 똑같이 적용될 수 있는가에 대해서 확인이 필요하다. 또한 실제데이터에는 MCAR, MAR, MNAR 이 섞여 존재하는데 한가지로만 특정 지었기 때문에 추가 연구의 필요성도 제기된다.

몇 가지 한계점에도 불구하고 연구 의의는 크게 두가지의 기여점이 있다. 첫째, 결측치 대체값을 비교하는 기존 연구는 대부분 MCAR 을 가정하고 있지만, 우리는

MCAR, MAR, MNAR 세 가지 가정하에 분석을 진행하였다. 세 경우, 좋은 성능을 보인 방법론이 차이가 있었기때문에 좀 더 자세한 결과를 얻을 수 있었다. 둘째, 결측값을 잘 대치했는지 뿐만 아니라 예측률의 측면에서도 평가를 하였다. 또한, 전체 데이터로만 대치를 진행하지 않고 train data 와 test data 를 나눈 split 방법으로도 분석을 진행하였기 때문에 다양한 시도를 한 것에 의의가 있다.

# 참고문헌

- [1] Rubin DB (1976) Inference and missing data. Biometrika 63: 581-592.B
- [2] Schmitt et al.(2015) A comparison of Six Methods for Missing Data Imputation, Biomet Biostat 6:1
- [3] White et al.(2011) Multiple imputation using chained equations: issues and guidance for practice, AM Wood Statistics in medicine.
- [4] Therese D. Pigott (2001) A Review of Methods for Missing Data, Educational Research and Evaluation Vol. 7, No. 4, pp. 353-383
- [5] Stekhoven et al.(2012) MissForest—non-parametric missing value imputation for mixed-type data, BIOINFORMATICS Vol. 28 no. 1, pages 112–118
- [6] Stef et al (2010) Journal of Statistical Software
- [7] Margarida G. M. S. Cardoso, UCI machine learning repository