



(19) 대한민국특허청(KR)  
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2017-0090095  
(43) 공개일자 2017년08월07일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)  
G06F 17/30 (2006.01) G06F 15/18 (2017.01)  
G06F 17/27 (2006.01) G06F 19/00 (2011.01)  
G06F 19/24 (2011.01) G06F 19/28 (2011.01)  
(52) CPC특허분류  
G06F 17/30705 (2013.01)  
G06F 15/18 (2013.01)  
(21) 출원번호 10-2016-0010533  
(22) 출원일자 2016년01월28일  
심사청구일자 없음

(71) 출원인  
연세대학교 산학협력단  
서울특별시 서대문구 연세로 50 (신촌동, 연세대학교)  
(72) 발명자  
박상현  
서울특별시 서대문구 연세로 50, 제3공학관 533-1 (신촌동, 연세대학교)  
차준범  
서울특별시 서대문구 연세로 50, 제3공학관 533-1 (신촌동, 연세대학교)  
(뒷면에 계속)  
(74) 대리인  
특허법인우인

전체 청구항 수 : 총 1 항

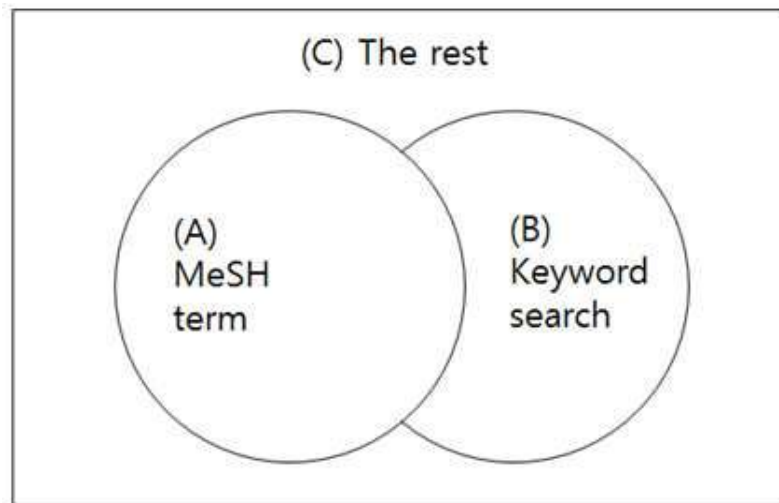
(54) 발명의 명칭 분류기를 이용한 추가적인 PubMed 데이터 확보 방법

(57) 요약

본 발명은 생물학 및 의학 분야의 문서를 분류하고 검색하는 방법에 관한 것이다.

이를 위하여 본 발명에 따른 문헌 분류 방법은, PubMed의 MeSH term과 관련된 문헌 집합과, MeSH term과 관련되지 않은 문헌 집합에 대하여, 각 문헌들로부터 특성 단어를 추출하고, 상기 추출한 특성 단어를 피처로 이용하여 서포트 벡터 머신 기반 분류기를 학습하는 학습 단계; 분류 대상 문헌에서 상기 특성 단어를 추출하고, 상기 추출한 특성 단어를 피처로 이용하고, 상기 학습한 분류기를 이용하여, 상기 분류 대상 문헌이 특정 주제와 관련된 문헌인지 여부를 판단하는 분류 단계를 포함할 수 있다.

대표도 - 도2



(52) CPC특허분류

G06F 17/277 (2013.01)  
G06F 17/30011 (2013.01)  
G06F 19/24 (2013.01)  
G06F 19/28 (2013.01)  
G06F 19/32 (2013.01)  
G06F 19/3443 (2013.01)

여윤구

서울특별시 서대문구 연세로 50, 제3공학관 533-1  
(신촌동, 연세대학교)

(72) 발명자

김정우

서울특별시 서대문구 연세로 50, 제3공학관 533-1  
(신촌동, 연세대학교)

이 발명을 지원한 국가연구개발사업

과제고유번호 NRF-2015R1A2A1A05001845

부처명 미래창조과학부

연구관리전문기관 한국연구재단

연구사업명 중견연구자지원사업

연구과제명 데이터마이닝 분석기법을 이용한 질병 모듈 탐색 및 질병 네트워크 구축에 관한  
연구(1/3)(2015.5.1~2018.4.30)

기 여 율 1/1

주관기관 연세대학교 산학협력단

연구기간 2015.05.01 ~ 2016.04.30

---

## 명세서

### 청구범위

#### 청구항 1

문헌 주제 분류 방법에 있어서,

PubMed의 MeSH term과 관련된 문헌 집합과, MeSH term과 관련되지 않은 문헌 집합에 대하여, 각 문헌들로부터 특성 단어를 추출하고, 상기 추출한 특성 단어를 피쳐로 이용하여 서포트 벡터 머신 기반 분류기를 학습하는 학습 단계; 및

분류 대상 문헌에서 상기 특성 단어를 추출하고, 상기 추출한 특성 단어를 피쳐로 이용하고, 상기 학습한 분류기를 이용하여, 상기 분류 대상 문헌이 특정 주제와 관련된 문헌인지 여부를 판단하는 분류 단계를 포함하는 것을 특징으로 하는 문헌 주제 분류 방법.

### 발명의 설명

#### 기술 분야

[0001] 본 발명은 생물학 및 의학 분야의 문서를 분류하고 검색하는 방법에 관한 것이다.

#### 배경 기술

[0002] 텍스트 마이닝은 문서를 분석하여 사용자가 원하는 정보를 추출하는 기법에 관한 것이다. 특히 생물학 분야에서 텍스트 마이닝은 생명과학 및 생의학 등의 분야에서 문헌의 양이 급격히 증가함에 따라, 이들 문헌들 중에서 특정 주제(질병, 유전자, 물질 등)와 관련성이 있는 문헌을 선별하여 활용하기 위하여 필요한 기술로 연구가 되고 있다.

[0003] 기존에 생물학 및 의학 관련 문서의 데이터베이스로는 PubMed DB가 존재하고 있고, PubMed에 포함된 문헌들에는 MeSH(Medical Subjects Headings) term이 부여되어 있다. 즉 위와 같은 데이터베이스에 포함된 문헌들은 각각 관련된 주제에 관한 키워드 단어 또는 인덱스 단어가 부여되어 있다. 따라서 특정 주제의 문헌을 찾고자 하면, 해당 주제를 키워드 단어로 가지는 문헌을 데이터베이스에서 검색하여 관련 문헌을 찾을 수 있다.

[0004] 그런데 기존의 PubMed를 비롯한 데이터베이스는 각 문헌의 키워드를 사람이 문헌의 내용을 이해한 다음 수동적으로 부여하는 방식으로 구성되었다. 따라서 문헌의 키워드가 부여되는 데에 장기간이 소요되는 문제점이 있었다. 또한 이와 같은 수동적인 키워드 부여 과정에서 키워드가 잘못 부여되어, 특정 주제와 관련된 문헌을 검색할 때에 관련 문헌이 검색되지 못하는 오류가 발생할 가능성이 있었다. 뿐만 아니라, 미국 국립도서관에 의한 MeSH term 색인은 문헌의 주제에 대한 색인이기 때문에 주제가 아니라면 다른 키워드에 대해 유의미한 정보를 갖고 있다고 하더라도 MeSH term을 부여받지 못한다는 문제가 있다.

### 선행기술문헌

[0005] (특허문헌 0001) 대한민국 등록특허공보 제10-1363335호(2014.02.19.)

### 발명의 내용

#### 해결하려는 과제

[0006] 이에 본 발명에서는 문헌에서 구문 분석을 통하여 문헌을 대표하는 특성 단어를 추출하고, 이 특성 단어를 피쳐(Feature)로 이용하여 SVM 분류기를 학습한다. 이렇게 학습한 분류기를 통해 기존의 MeSH term 검색으로는 활용하지 못하던 데이터들 중 유의미한 데이터들을 분류하여 보다 풍부한 문헌들을 사용할 수 있는 방법을 제공하고자 한다.

#### 과제의 해결 수단

[0007] 상기 과제를 해결하기 위해, 본 발명의 일 유형에 따른 문헌 분류 방법은, PubMed의 MeSH term과 관련된 문헌

집합과, MeSH term과 관련되지 않은 문헌 집합에 대하여, 각 문헌들로부터 특성 단어를 추출하고, 상기 추출한 특성 단어를 피쳐로 이용하여 서포트 벡터 머신 기반 분류기를 학습하는 학습 단계; 분류 대상 문헌에서 상기 특성 단어를 추출하고, 상기 추출한 특성 단어를 피쳐로 이용하고, 상기 학습한 분류기를 이용하여, 상기 분류 대상 문헌이 특정 주제와 관련된 문헌인지 여부를 판단하는 분류 단계를 포함할 수 있다.

### 발명의 효과

[0008] 본 발명에 따른 문헌 분류 방법에 의하면, PubMed DB를 이용하여 학습한 분류기를 이용하여, 특정 문헌이 특정 주제와 관련이 있는지 여부를 판단하거나, 특정 주제와 관련있는 문헌들을 검색할 수 있다. 또한 이를 통해 기존의 MeSH term 검색으로는 사용할 수 없었던 데이터들을 활용할 수 있는 효과가 있다.

### 도면의 간단한 설명

[0009] 도 1은 본 발명의 일 유형에 따른 문헌 분류 방법의 흐름도이다.

도 2는 학습 단계(S100) 이용하는 긍정 및 부정 데이터를 설명하기 위한 참고도이다.

도 3은 데이터의 관련성 탐색 결과를 나타내는 그래프이다.

도 4는 데이터의 정보량 탐색 결과를 나타내는 그래프이다.

### 발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0010] 이하, 본 발명의 바람직한 실시예를 첨부된 도면들을 참조하여 상세히 설명한다. 우선 각 도면의 구성요소들에 참조 부호를 부가함에 있어서, 동일한 구성요소들에 대해서는 비록 다른 도면상에 표시되더라도 가능한 동일한 부호를 가지도록 하고 있음에 유의해야 한다. 또한, 본 발명을 설명함에 있어, 관련된 공지 구성 또는 기능에 대한 구체적인 설명이 본 발명의 요지를 흐릴 수 있다고 판단되는 경우에는 그 상세한 설명은 생략한다. 또한, 이하에서 본 발명의 바람직한 실시예를 설명할 것이나, 본 발명의 기술적 사상은 이에 한정하거나 제한되지 않고 당업자에 의해 변형되어 다양하게 실시될 수 있음은 물론이다.

[0011] 텍스트 마이닝은 자연언어로 된 문서를 분석하여 사용자가 원하는 정보를 선별하고, 그 결과를 정제되고 가공된 형태로 제시하는 것이다. 이와 같은 텍스트 마이닝 기법은 1980년대에 처음 소개되어, 1990년대에 접어들며 급격하게 발전하기 시작했다. 텍스트 마이닝의 발전에 따라 생물학적 문헌에 대한 연구도 같이 진행되었다. 이뿐만 아니라 1990년부터 진행된 인체 유전연구 프로젝트(Human Genome Project)는 유전자에 대한 다양한 연구를 가능케 했으며, 이 프로젝트의 가시적인 결과가 나타나기 시작한 1995년 경부터 방대한 자료를 다루는 분자생물학과 전산학의 결합인 생물정보학(Bioinformatics)이라는 분야가 성장하기 시작하였다. 이러한 연구의 발전에 따라, 생물학 분야에서의 텍스트 마이닝은 매년 급격하게 성장하고 있다.

[0012] 이처럼 생물학 분야에서 텍스트 마이닝(text mining) 분야가 급격하게 성장하면서, 텍스트 마이닝의 핵심 리소스인 텍스트 데이터(text data)의 중요성도 함께 증가하고 있다. 생물학 텍스트 마이닝(biomedical text mining)을 위한 텍스트 데이터는 일반적으로 PubMed의 MEDLINE(Medical Literature Analysis and Retrieval System Online) 데이터베이스의 MeSH(Medical Subjects Headings) term 검색을 통해 검색될 수 있다. 그런데 위 방법은 MeSH 분류에 포함되지 않은 충분히 가치 있는 문헌들을 사용할 수 없게 된다는 문제가 있다. 이와 같이 MeSH 분류에 포함되지 않는 문헌들은 크게 두 종류로 분류될 수 있다.

[0013] 첫 번째로 아직 MeSH 분류가 되지 않은 문헌들이 있다. MeSH 분류는 미국 국립의학도서관(NLM)에서 수작업으로 이루어지기 때문에 문헌이 PubMed에 등록된 후 MeSH term이 할당되기까지 평균 1년 가량의 기간이 소모되며 길게는 수년까지 걸리기도 한다. 따라서 위와 같은 방법으로는 급변하는 과학기술 분야에서 가장 중요하다고 할 수 있는 최신의 문헌들을 분류 및 검색하여 사용할 수 없다는 문제점이 있다.

[0014] 두 번째로는 MeSH 분류로는 포함되지 않으나 가치 있는 정보를 가지고 있는 문헌들이 있다. 예를 들어, 폐암에 대한 논문이 아니더라도 특정 문서가 폐암에 대해 가치 있는 정보를 담고 있을 수 있다. 따라서 이러한 문헌들이 분류 및 검색될 수 없는 것은 MeSH 분류만을 이용하는 경우의 큰 한계점이라고 할 것이다.

[0015] 이에 본 발명에서는 이러한 문제들을 해결하고, 최신의 문헌을 비롯하여 더 많은 텍스트 리소스를 확보하기 위한 방법을 제공하고자 한다.

[0016] 이를 위하여 본 발명의 일 유형에 따른 문헌 분류 방법은, PubMed의 MeSH term과 관련된 문헌 집합과, MeSH

term과 관련되지 않은 문헌 집합에 대하여, 각 문헌들로부터 특성 단어를 추출하고, 상기 추출한 특성 단어를 피쳐로 이용하여 서포트 벡터 머신 기반 분류기를 학습하는 학습 단계(S100), 분류 대상 문헌에서 상기 특성 단어를 추출하고, 상기 추출한 특성 단어를 피쳐로 이용하고, 상기 학습한 분류기를 이용하여, 상기 분류 대상 문헌이 특정 주제와 관련된 문헌인지 여부를 판단하는 분류 단계(S200)를 포함할 수 있다.

[0017] 도 1은 본 발명의 일 유형에 따른 문헌 분류 방법의 흐름도이다.

[0018] 먼저 학습 단계(S100)에 대하여 보다 상세히 설명한다.

[0019] 학습 단계(S100)는 먼저 PubMed의 MeSH term과 관련된 문헌 집합과, MeSH term과 관련되지 않은 문헌 집합에 대하여, 각 문헌들로부터 특성 단어를 추출한다. 여기서 문헌에서 특성 단어를 추출하는 과정은, The C&C Tool이나 GENIA corpus를 이용하여 문헌에서 명사를 추출하고, 이와 같이 추출한 명사를 TF-IDF 분석하여 해당 문헌 고유의 특징적인 단어를 특성 단어로 추출하는 방식으로 수행될 수 있다.

[0020] 다시 말하면 학습 단계(S100)는 먼저 각 문헌을 The C&C Tool(JR Curran, S Clark, J Bos, Linguistically Motivated Large-Scale NLP with C&C and Boxer. ACL, pp. 33-36, 2007)이나 GENIA corpus(JD Kim, T Ohta, Y Tateisi, J Tsujii, GENIA corpus, a semantically annotated corpus for bio-textmining. Bioinformatics, Vol. 19, No. 1, pp. 180-182, 2003)를 사용해서 품사 분석(POS tagging & parsing)을 수행한다. 이렇게 구분한 품사들 중 명사만을 사용하여, TF-IDF(Term Frequency - Inverse Document Frequency) 분석을 수행한다. TF-IDF 분석은 각 문헌에서 등장하는 단어들의 빈도와, 전체 문헌에서 해당 단어가 등장하는 문헌의 빈도를 분석하여 각 문헌 고유의 특징적인 단어들을 추출하는 기법이다. 학습 단계(S100)는 위와 같이 추출한 단어들을 각 문헌을 나타내는 고유값으로서의 특성 단어로 사용한다.

[0021] 다음으로 학습 단계(S100)는 상기 추출한 특성 단어를 피쳐로 이용하여 분류기를 학습할 수 있다. 이때 학습 단계(S100)는 MeSH term 검색으로 얻어진 문헌들(A)을 긍정 데이터로, MeSH term 과 관련이 없는 것으로 미리 분류된 문헌들(B)를 부정 데이터로 하여, 분류기의 학습을 수행할 수 있다.

[0022] 이와 같은 학습 대상이 되는 데이터의 설정은 데이터 마이닝(data mining)의 수행에 있어서의 선결과제이다. 본 발명에서는 생물학 분야에서 특정 주제에 대해, 그 주제에 대한 정보를 담고 있는 문헌과 그렇지 않은 문헌들을 학습 대상 데이터로 이용한다. 여기서 해당 정보를 담고 있는 문헌은 긍정 데이터(positive data)에 속하고, 해당 정보를 담고 있지 않은 문헌은 부정 데이터(negative data)에 속한다. 본 발명에서는 분류기의 학습을 위해 아래와 같이 분류된 데이터 중 긍정 데이터와 부정 데이터를 이용하여 분류기를 학습한다.

[0023] 도 2는 학습 단계(S100) 이용하는 긍정 및 부정 데이터를 설명하기 위한 참고도이다.

[0024] (A) MeSH term 검색 결과 : MeSH는 미국 국립의학도서관(NLM[11])이 정하는 주제명표목으로, 각 문헌마다 문헌의 내용을 나타내는 적절한 10~15개의 용어가 부여된다. 따라서 MeSH term 검색으로 얻은 데이터는 미국 국립의학도서관에서 검증한 관련문헌이라고 할 수 있어, 긍정 데이터로 이용한다.

[0025] (C) MeSH term 검색과 키워드 검색 결과를 제외한 나머지 : MeSH term에도 포함되지 않으면서, 키워드 검색 결과에도 포함되지 않는 즉 전혀 키워드와 관련없는 문헌들에 해당하므로 부정 데이터로 이용한다.

[0026] (B) MeSH term 검색 결과(A)를 제외한 키워드 검색 결과 : 관련 문헌일 수도, 아닐 수도 있는 나머지 검색 결과에 해당하며, 학습된 분류기를 이용하여 분류를 수행할 수 있는 데이터들이다.

[0027] 여기서 학습 단계(S100)는 바람직하게는 서포트 벡터 머신(SVM) 기반 분류기를 이용할 수 있다.

[0028] SVM(Support Vector Machine)은 V. N. Vapnik등이 1963년에 처음으로 그 개념을 소개하였으며, 1992년에 B. E. Boser, I. M. Guyon 그리고 V. N. Vapnik에 의해 구체적인 내용이 발표되었다. 이후 1995년에 과적합(overfitting)을 피할 수 있어 현재 널리 사용되는 소프트 마진(soft margin) 개념이 소개되었다(C Cortes, V Vapnik, Support-Vector Networks. Machine Learning, Vol. 20, No. 3, pp. 273-297, 1995). SVM은 기존의 알고리즘들과 달리 일반화를 고려한 분류기를 생성하여 높은 정확도를 보여준다. 이에 따라 다양한 연구에 활용되기 시작했으며 텍스트 마이닝 분야에도 성공적으로 적용되어, SVM을 활용한 텍스트 마이닝 기법들이 다수 존재하고 있다(T. Joachims, Text categorization with Support Vector Machines: Learning with many relevant features. European Conf. on Machine Learning, Vol. 1398, pp. 137-142, 1998, S Dumais, J Platt, D Heckerman, M Sahami, Inductive learning algorithms and representations for text categorization. Conference on Information and Knowledge Management, pp. 148-155, 1998).

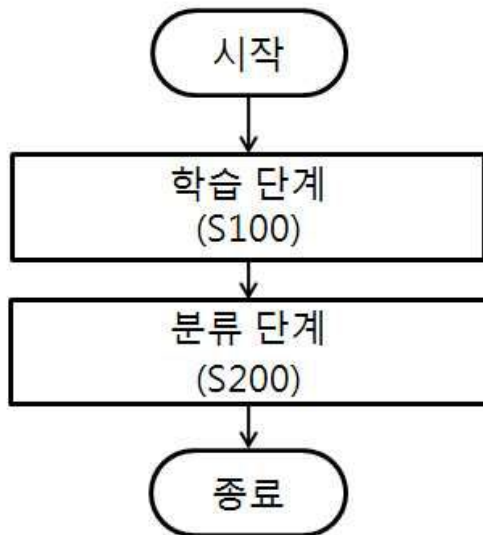
- [0029] 이와 같은 SVM은 기계학습 알고리즘 중 지도학습(supervised learning)에 속하는 알고리즘으로, MMH(maximal marginal hyperplane)를 구하는 점에서 다른 알고리즘들과 차별화된다. 다른 기계학습 알고리즘들이 단순히 트레이닝 데이터에서 분류 경계(decision boundary)를 구하는 것에 그치는 반면 SVM은 가장 일반화된 분류 경계를 의미하는 MMH를 구한다. 즉, 더욱 일반화된 분류기(classifier)의 모델링이 가능하며 따라서 더욱 좋은 분류(classification) 결과를 보여준다.
- [0030] 따라서 학습 단계(S100)에서는 이와 같은 SVM 기반 분류기를 학습하여 이용할 수 있다.
- [0031] 다만 학습 단계(S100)는 필요에 따라 다른 종류의 기계 학습 기반 분류기를 이용할 수 있음은 물론이다.
- [0032] 다음으로는 분류 단계(S200)에 대하여 보다 상세히 설명한다.
- [0033] 분류 단계(S200)는 분류 대상 문헌에서 상기 특성 단어를 추출하고, 상기 추출한 특성 단어를 피쳐로 이용하고, 상기 학습한 분류기를 이용하여, 상기 분류 대상 문헌이 특정 주제와 관련된 문헌인지 여부를 판단한다.
- [0034] 분류 단계(S200)에서는 상기 학습 단계(S100)에서 학습된 SVM 분류기를 이용하여 분류 대상 문헌들을 분류하거나 특정 주제와의 관련성 여부를 판단할 수 있다.
- [0035] 이상과 같이 학습된 분류기의 성능을 확인하기 위하여, 도 2의 (B)에 해당하는 문헌들에 대하여 분류를 수행하고, 그 분류 결과가 실제 전문가에 의하여 분류된 결과와 일치하는지를 검증할 수 있다.
- [0036] 여기서 Support Vector Machine (SVM) 분류기를 이용하여 학습을 수행하고, 추가적으로 확보한 데이터의 생물학적 관련성 및 정보량을 탐색한 결과, 성공적으로 데이터를 추출했다는 사실을 확인할 수 있다.
- [0037] 도 3은 lung cancer에 대한 추가적으로 확보한 데이터의 관련성 탐색 결과를 나타내는 그래프이다.
- [0038] 도 4는 lung cancer에 대해 추가적으로 확보한 데이터의 정보량 탐색 결과를 나타내는 그래프이다.
- [0039] 여기서 분류 결과를 평가하기 위하여 "M Sokolova, N Japkowicz, S Szpakowicz, Beyond Accuracy, F-Score and ROC: A Family of Discriminant Measures for Performance Evaluation. AI 2006: Advances in Artificial Intelligence(Book), Vol. 4304, pp. 1015-1021, 2006"에서 개시하고 있는 F-score 기법을 이용할 수 있다. 텍스트 데이터를 확보함에 있어, 가장 중요한 것은 정확한 데이터만을 확보하는 것이다. 즉, 관련 없는 문헌을 관련 없다고 분류하는 것 보다, 관련 있는 문헌을 관련 있다고 분류하는 것이 더욱 중요하다. 이와 같은 관점에서 분류기의 성능을 평가하기 위해, F-score를 사용한다. F-score는 이진 분류(binary classification)에 대한 통계적인 분석법으로, precision과 recall(DM Powers, Evaluation: From Precision, Recall and F-Measure to ROC, Informedness, Markedness and Correlation. Journal of Machine Learning Technologies, Vol. 2, No. 1, pp. 37-63, 2011)을 사용하여 테스트의 정확도를 측정한다.
- [0040] 본 발명에 따른 문헌 분류 방법에 의하면, PubMed DB를 이용하여 학습한 분류기를 이용하여, 특정 문헌이 특정 주제와 관련이 있는지 여부를 판단하거나, 특정 주제와 관련있는 문헌들을 검색할 수 있는 효과가 있다.
- [0041] 이상에서 설명한 본 발명의 실시예를 구성하는 모든 구성요소들이 하나로 결합하거나 결합하여 동작하는 것으로 기재되어 있다고 해서, 본 발명이 반드시 이러한 실시예에 한정되는 것은 아니다. 즉, 본 발명의 목적 범위 안에서라면, 그 모든 구성요소들이 하나 이상으로 선택적으로 결합하여 동작할 수도 있다.
- [0042] 또한, 그 모든 구성요소들이 각각 하나의 독립적인 하드웨어로 구현될 수 있지만, 각 구성요소들의 그 일부 또는 전부가 선택적으로 조합되어 하나 또는 복수개의 하드웨어에서 조합된 일부 또는 전부의 기능을 수행하는 프로그램 모듈을 갖는 컴퓨터 프로그램으로서 구현될 수도 있다. 또한, 이와 같은 컴퓨터 프로그램은 USB 메모리, CD 디스크, 플래쉬 메모리 등과 같은 컴퓨터가 읽을 수 있는 기록매체(Computer Readable Media)에 저장되어 컴퓨터에 의하여 읽혀지고 실행됨으로써, 본 발명의 실시예를 구현할 수 있다. 컴퓨터 프로그램의 기록매체로서는 자기 기록매체, 광 기록매체, 캐리어 웨이브 매체 등이 포함될 수 있다.
- [0043] 또한, 기술적이거나 과학적인 용어를 포함한 모든 용어들은, 상세한 설명에서 다르게 정의되지 않는 한, 본 발명이 속하는 기술 분야에서 통상의 지식을 가진 자에 의해 일반적으로 이해되는 것과 동일한 의미를 갖는다. 사전에 정의된 용어와 같이 일반적으로 사용되는 용어들은 관련 기술의 문맥상의 의미와 일치하는 것으로 해석되어야 하며, 본 발명에서 명백하게 정의하지 않는 한, 이상적이거나 과도하게 형식적인 의미로 해석되지 않는다.
- [0044] 이상의 설명은 본 발명의 기술 사상을 예시적으로 설명한 것에 불과한 것으로서, 본 발명이 속하는 기술 분야에서 통상의 지식을 가진 자라면 본 발명의 본질적인 특성에서 벗어나지 않는 범위 내에서 다양한 수정, 변경 및



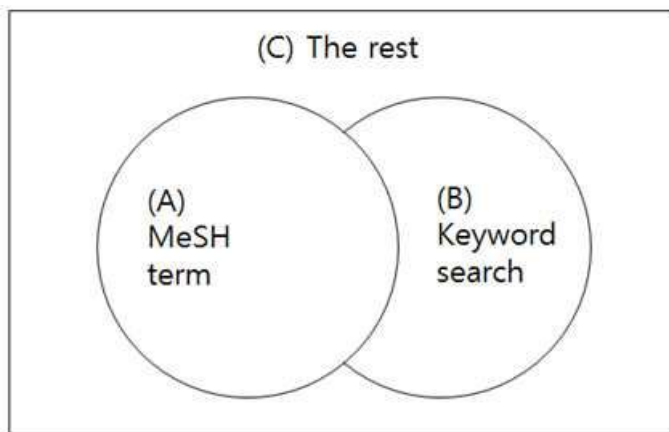
치환이 가능할 것이다. 따라서, 본 발명에 개시된 실시예 및 첨부된 도면들은 본 발명의 기술 사상을 한정하기 위한 것이 아니라 설명하기 위한 것이고, 이러한 실시예 및 첨부된 도면에 의하여 본 발명의 기술 사상의 범위가 한정되는 것은 아니다. 본 발명의 보호 범위는 아래의 청구 범위에 의하여 해석되어야 하며, 그와 동등한 범위 내에 있는 모든 기술 사상은 본 발명의 권리 범위에 포함되는 것으로 해석되어야 할 것이다.

## 도면

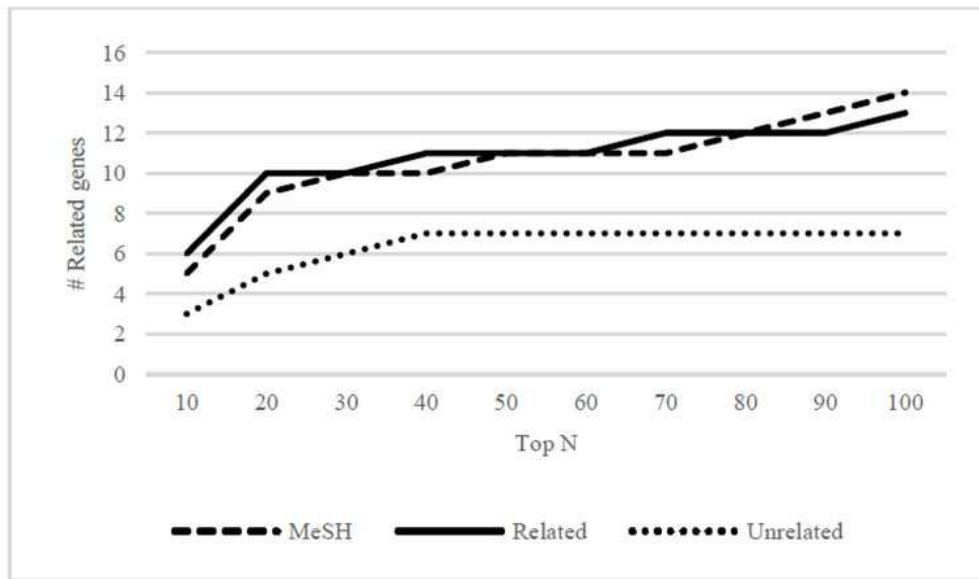
### 도면1



### 도면2



도면3



도면4

