



(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2017-0090093
(43) 공개일자 2017년08월07일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)

G06F 19/26 (2011.01) G06F 17/27 (2006.01)
G06F 19/18 (2011.01) G06F 19/24 (2011.01)
G06F 19/28 (2011.01)

(52) CPC특허분류

G06F 19/26 (2013.01)
G06F 17/2705 (2013.01)

(21) 출원번호 10-2016-0010529

(22) 출원일자 2016년01월28일

심사청구일자 없음

(71) 출원인

연세대학교 산학협력단

서울특별시 서대문구 연세로 50 (신촌동, 연세대학교)

(72) 발명자

박상현

서울특별시 서대문구 연세로 50 (신촌동, 연세대학교)

김정우

서울특별시 서대문구 연세로 50 (신촌동, 연세대학교)

(뒷면에 계속)

(74) 대리인

특허법인우인

전체 청구항 수 : 총 1 항

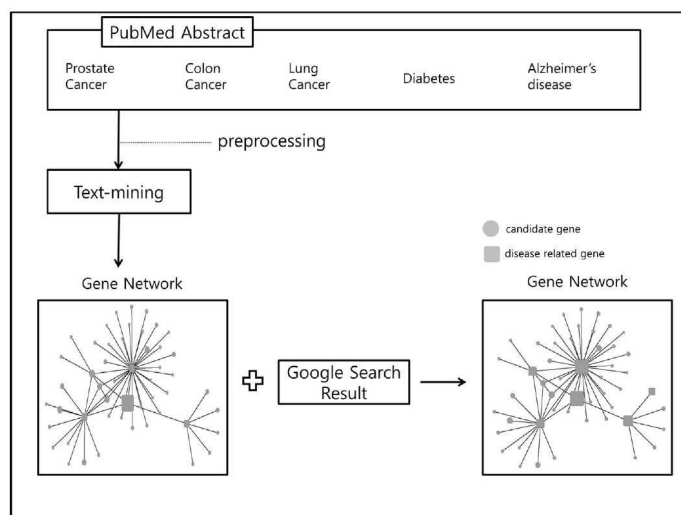
(54) 발명의 명칭 질병 관련 유전자 관계 분석 방법 및 그 장치

(57) 요약

본 발명은 유전자 관계를 분석하고, 질병과 관련된 유전자를 검색하는 방법과 그 장치에 관한 것이다.

이를 위하여 본 발명의 일 유형에 따른 유전자 관계 분석 방법은, 생물학 문헌을 전처리하여 제목 및 본문을 포함하는 텍스트 데이터를 추출하는 단계; 상기 추출한 텍스트 데이터를 문장 단위로 구분하고, 상기 구분한 문장을 구문 분석하여 상기 문장에 적어도 2개 이상의 유전자 명사가 포함된 경우 상기 유전자의 쌍을 추출하는 단계; 상기 텍스트 데이터에서 추출된 유전자를 노드로 하는 네트워크 그래프를 생성하는 단계; 상기 유전자의 쌍의 상기 텍스트 데이터에서의 출현 횟수에 따라 제1 가중치를 산출하는 단계; 상기 유전자의 쌍을 검색 엔진에서 검색하고, 상기 검색 결과 수에 따라 제2 가중치를 산출하는 단계; 상기 제1 가중치와 제2 가중치를 가중합하여 상기 네트워크 그래프에서의 노드 간 연결 에지의 가중치를 설정하는 단계를 포함할 수 있다.

대표도 - 도2



(52) CPC특허분류

G06F 17/277 (2013.01)

G06F 19/18 (2013.01)

G06F 19/24 (2013.01)

G06F 19/28 (2013.01)

(72) 발명자

김현진

서울특별시 서대문구 연세로 50 (신촌동, 연세대학교)

윤영미

경기도 성남시 수정구 성남대로 1342 (복정동, 가천대학교)

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

유전자 관계 분석 방법에 있어서,

생물학 문헌을 전처리하여 제목 및 본문을 포함하는 텍스트 데이터를 추출하는 단계;

상기 추출한 텍스트 데이터를 문장 단위로 구분하고, 상기 구분한 문장을 구문 분석하여 상기 문장에 적어도 2 개 이상의 유전자 명사가 포함된 경우 상기 유전자의 쌍을 추출하는 단계;

상기 텍스트 데이터에서 추출된 유전자를 노드로 하는 네트워크 그래프를 생성하는 단계;

상기 유전자의 쌍의 상기 텍스트 데이터에서의 출현 횟수에 따라 제1 가중치를 산출하는 단계;

상기 유전자의 쌍을 검색 엔진에서 검색하고, 상기 검색 결과 수에 따라 제2 가중치를 산출하는 단계; 및

상기 제1 가중치와 제2 가중치를 가중합하여 상기 네트워크 그래프에서의 노드 간 연결 에지의 가중치를 설정하는 단계를 포함하는 것을 특징으로 하는 유전자 관계 분석 방법.

발명의 설명

기술 분야

[0001] 본 발명은 유전자 관계를 분석하고, 질병과 관련된 유전자를 검색하는 방법과 그 장치에 관한 것이다.

배경 기술

[0002] 게놈 프로젝트 이후 질병에 관한 많은 연구들이 수행되면서, 그 결과가 다량의 문서로 축적되었다. 하지만 그 양이 방대하고 필요한 문서들이 산재되어 있어 사람의 힘으로 정보를 찾고 분석하는데 어려움이 있다.

[0003] 이에 텍스트 마이닝 기법을 이용하여 문서를 분석하여, 문서에 포함된 생물학적 정보를 도출하고자 하는 연구가 진행되어 왔다. 생물학 문서 분석에 있어서 텍스트 마이닝의 대표적인 방법으로 동시출현 분석 방법이 있다. 이 방법은 특정한 두 개 이상의 개체들이 한 문서 혹은 한 문장에 동시에 등장할 경우, 둘 사이의 관계가 있다고 가정하는 방법론이다. 질병의 발생 원인은 단순히 하나의 생물학적 개체(유전자, 약물, 질병, 단백질 등)에 의한 경우도 있지만, 대부분 여러 생물학적 개체들이 상호 작용을 하여 발생하는 경우가 많다. 때문에 이러한 생물학적 관계를 추론하는 것이 생물학 연구에서 중요한 주제이며, 이러한 이유로 생물학 관련 문헌에서 동시에 출현하는 단어를 분석하는 방법론이 제안되어 사용되고 있다.

[0004] 하지만 생물학 문헌들은 문서화 작업에 시간이 소요되기 때문에 이를 이용하여 새로운 생물학적 개체들 간의 관계를 추론하는 것에는 한계가 있다. 또한 새로운 데이터를 함께 사용할 경우 결과 값이 새로운 데이터에 의존적이라는 한계가 있다.

선행기술문헌

[0005] (특허문헌 0001) 대한민국 공개특허공보 제2012-0043977호(2012.05.07)

발명의 내용

해결하려는 과제

[0006] 이에 본 발명에서는 생물학 문헌 데이터와 함께 검색 엔진의 검색 결과 데이터 - 예를 들면 구글 검색 데이터 - 를 분석하여, 특정 질병과 관련 있는 유전자들의 관계를 추론하는 기법을 제공하고자 한다.

과제의 해결 수단

[0007] 상기 과제를 해결하기 위해, 본 발명의 일 유형에 따른 유전자 관계 분석 방법은, 생물학 문헌을 전처리하여 제

목 및 본문을 포함하는 텍스트 데이터를 추출하는 단계; 상기 추출한 텍스트 데이터를 문장 단위로 구분하고, 상기 구분한 문장을 구문 분석하여 상기 문장에 적어도 2개 이상의 유전자 명사가 포함된 경우 상기 유전자의 쌍을 추출하는 단계; 상기 텍스트 데이터에서 추출된 유전자를 노드로 하는 네트워크 그래프를 생성하는 단계; 상기 유전자의 쌍의 상기 텍스트 데이터에서의 출현 횟수에 따라 제1 가중치를 산출하는 단계; 상기 유전자의 쌍을 검색 엔진에서 검색하고, 상기 검색 결과 수에 따라 제2 가중치를 산출하는 단계; 상기 제1 가중치와 제2 가중치를 가중합하여 상기 네트워크 그래프에서의 노드 간 연결 에지의 가중치를 설정하는 단계를 포함할 수 있다.

발명의 효과

[0008] 본 발명에 의하면, 생물학 문헌과 함께 검색 엔진의 검색 결과를 분석하여 생물학적 개체들 간의 관계를 분석함으로써, 최신 정보를 고려하여 분석 결과를 생성할 수 있는 효과가 있다.

도면의 간단한 설명

[0009] 도 1은 본 발명의 일 실시예에 따른 유전자 관계 분석 방법의 흐름도이다.
 도 2는 본 발명에 따른 유전자 관계 분석 방법의 동작을 설명하기 위한 참고도이다.
 도 3은 이와 같은 문장 분석기의 동작을 나타내는 참고도이다.
 도 4는 이와 같이 구축된 유전자 네트워크를 나타내는 참고도이다.
 도 5는 구글 검색 결과를 나타내는 참고도이다.
 도 6은 최종 에지 가중치를 설정하는 동작을 설명하는 참고도이다.

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] 게놈 프로젝트 이후 질병에 관한 많은 연구들이 수행되면서, 그 결과가 다량의 문서로 축적되었다. 또한 데이터 저장 기술의 발달로 이런 문서들을 손쉽게 관리 및 사용이 가능하게 되었다.

[0012] 축적된 데이터의 양 만큼 그 데이터 속에서 새로운 정보를 추출 가능하게 되었다. 하지만 그 양이 방대하고 필요한 문서들이 산재되어 있어 사람의 힘으로 정보를 찾고 분석하는데 어려움이 있다.

[0013] 이러한 문제를 해결하는 방안 중에 하나가 텍스트 마이닝 기법이다. 텍스트 마이닝 기법은 텍스트를 분석하여 중요한 부분(사용자가 원하는 문서)을 추출하는 작업을 말한다. 생물학에서 텍스트 마이닝의 대표적인 방법으로 동시출현이 있다. 동시 출현은 특정한 두 개 이상의 개체들이 한 문서 혹은 한 문장에 동시에 등장할 경우, 둘 사이의 관계가 있다고 가정하는 방법론이다.

[0014] 질병의 발생 원인은 단순히 하나의 생물학적 개체(유전자, 약물, 질병, 단백질 등)에 의한 경우도 있지만, 대부분 여러 생물학적 개체들이 상호 작용을 하여 발생되는 경우가 많다. 때문에 이러한 생물학적 관계를 추론하는 것이 생물학 연구에서 중요한 주제이며, 이러한 이유로 문서 상에서 관계를 추출하는 방법론이 동시 출현 방법론이 많이 사용되고 있다.

[0015] 기존의 많은 연구들은 생물학 관련 문헌들을 데이터로 하여, 해당 문헌들에서 유효한 관계를 찾는 방법을 고안하였다. 또 다른 방법으로는 생물학 문헌들로부터 추출한 관계들과 생물학 실험을 통해 검증된 결과로부터 파생되는 관계 정보를 혼합하여, 더 유의미한 관계를 찾고자 하였다.

[0016] 하지만 생물학 문헌들을 이용하여, 새로운 관계를 추론하는 것에는 한계가 있고, 또 새로운 데이터를 함께 사용할 경우 결과 값이 새로운 데이터에 의존적이라는 한계가 있다.

[0017] 이에 본 발명에서는 생물학 문헌데이터와 추가적으로 검색 엔진의 검색 결과 데이터를 함께 사용하는 방법을 제

공하고자 한다. 여기서 활용하는 검색 데이터는 검색 엔진이 수집하는 데이터를 작성한 모든 사용자들로부터 생성되는 데이터이기 때문에 기존의 생물학 문헌들과는 차이가 있다.

[0018] 이하에서 검색 데이터라 함은 검색 엔진 또는 검색 사이트에 키워드 또는 정보를 입력하여 검색된 결과 데이터를 지칭한다. 예를 들면 구글과 같은 검색 엔진을 이용하여 검색한 결과 데이터가 될 수 있다.

[0019] 본 발명에서는 생물학 문헌 데이터와 검색 데이터로부터 관계를 추론하는 방법을 제공한다. 본 발명에서는 생물학 문헌 데이터를 활용하는 부분에서는 기존의 동시 출현 방법을 사용할 수 있고, 이렇게 추출된 관계들에 검색 데이터를 활용하여 새로운 가중치를 부여하는 방법을 제공한다.

[0020] 도 1은 본 발명의 일 실시예에 따른 유전자 관계 분석 방법의 흐름도이다.

[0021] 본 발명에 따른 유전자 관계 분석 방법은 생물학 문헌을 전처리하여 제목 및 본문을 포함하는 텍스트 데이터를 추출하는 단계(S100), 상기 추출한 텍스트 데이터를 문장 단위로 구분하고, 상기 구분한 문장을 구문 분석하여 상기 문장에 적어도 2개 이상의 유전자 명사가 포함된 경우 상기 유전자의 쌍을 추출하는 단계(S200), 상기 텍스트 데이터에서 추출된 유전자를 노드로 하는 네트워크 그래프를 생성하는 단계(S300), 상기 유전자의 쌍의 상기 텍스트 데이터에서의 출현 횟수에 따라 제1 가중치를 산출하는 단계(S400), 상기 유전자의 쌍을 검색 엔진에서 검색하고, 상기 검색 결과 수에 따라 제2 가중치를 산출하는 단계(S500), 상기 제1 가중치와 제2 가중치를 가중합하여 상기 네트워크 그래프에서의 노드 간 연결 에지의 가중치를 설정하는 단계(S600)를 포함할 수 있다.

[0022] 도 2는 본 발명에 따른 유전자 관계 분석 방법의 동작을 설명하기 위한 참고도이다.

[0023] 먼저 전처리 과정을 통해 생물학 텍스트에서 필요 없는 부분(저자 정보, 논문 정보, 기관, 날짜 등)을 제외하고 필요한 부분(제목과 본문)만 추출할 수 있다.

[0024] 다음으로는 전처리된 데이터에서 동시 출현하는 유전자들의 관계들을 찾고, 이러한 유전자 관계들을 네트워크로 구축할 수 있다.

[0025] 다음으로는 구축된 네트워크에 검색 엔진의 검색 결과인 검색 데이터를 사용하여 가중치를 다시 계산하여, 유전자 네트워크를 재구축할 수 있다.

[0026] 다음으로는 본 발명에 따른 유전자 네트워크 구축 방법에 대하여 보다 상세히 설명한다.

[0027] 1. 전처리 단계

[0028] 먼저 생물학 텍스트에서 필요 없는 부분(저자 정보, 논문 정보, 기관, 날짜 등)을 제외하고 필요한 부분(제목과 본문)만 추출할 수 있다. 이를 위하여 본 발명에 따른 유전자 관계 분석 방법은 생물학 문헌을 전처리하여 제목 및 본문을 포함하는 텍스트 데이터를 추출하는 단계(S100), 상기 추출한 텍스트 데이터를 문장 단위로 구분하고, 상기 구분한 문장을 구문 분석하여 상기 문장에 적어도 2개 이상의 유전자 명사가 포함된 경우 상기 유전자의 쌍을 추출하는 단계(S200),를 포함할 수 있다.

[0029] 2. 유전자 네트워크 구성 단계

[0030] 유전자 네트워크를 구성하기 위하여 본 발명에 따른 유전자 관계 분석 방법에서는 상기 텍스트 데이터에서 추출된 유전자를 노드로 하는 네트워크 그래프를 생성하는 단계(S300), 상기 유전자의 쌍의 상기 텍스트 데이터에서의 출현 횟수에 따라 제1 가중치를 산출하는 단계(S400),를 포함할 수 있다.

[0031] 이와 같이 유전자 네트워크를 구성하는 단계에서는 전처리된 데이터에서 동시 출현하는 유전자들의 관계들을 찾고, 이러한 유전자 관계들을 네트워크 그래프로 생성할 수 있다. 이때 위 1.항에서 상술한 바와 같이 전처리된 생물학 문헌들을 한 문장으로 나누고, 문장 분석기(pos-tagger)를 사용하여, 문장의 품사를 구분할 수 있다. 이때 문장 분석기를 사용하여 한 문장에 포함된 명사 중에서 동시에 두 개 이상의 유전자가 출현하는 경우를 검색할 수 있다.

[0032] 도 3은 이와 같은 문장 분석기의 동작을 나타내는 참고도이다.

[0033] 다음으로 위와 같이 검색된 두 유전자를 노드와 에지로 표현할 수 있다. 이때 문장의 품사 중에 명사에 해당하는 영역에서 동시에 두 개 이상의 유전자가 출현할 경우, 유전자 사이의 관계를 노드와 에지로 생성할 수 있다.

[0034] 다음으로 이와 같이 추출된 노드와 에지들을 모두 연결하여 유전자 네트워크를 구축하되, 동시 출현 횟수에 따라 에지의 가중치를 결정하고, 연결된 에지의 개수에 따라 노드의 크기를 설정할 수 있다. 즉 추출된 노드와 에지들을 연결하여 유전자 네트워크를 구축할 때, 중복 되어 추출된 관계들에 대하여는 에지의 가중치를

생성한다. 예를 들어 노드 A와 노드 B가 10번 같은 문장에서 등장할 경우, 노드 A와 B는 10의 가중치를 갖는 엣지로 연결할 수 있다. 여기서 중복 추출된 빈도수에 따라 엣지의 가중치가 설정되도록 할 수 있다.

[0035] 도 4는 이와 같이 구축된 유전자 네트워크를 나타내는 참고도이다.

[0036] 3. 검색 엔진의 검색 데이터 분석

[0037] 다음으로는 본 발명에서 검색 엔진의 검색 결과를 이용하여 가중치를 다시 계산하고, 유전자 네트워크를 재구축하는 방법에 대하여 보다 상세히 설명한다.

[0038] 여기서 본 발명에 따른 유전자 관계 분석 방법은 상기 유전자의 쌍을 검색 엔진에서 검색하고, 상기 검색 결과 수에 따라 제2 가중치를 산출하는 단계(S500), 상기 제1 가중치와 제2 가중치를 가중합하여 상기 네트워크 그래프에서의 노드 간 연결 엣지의 가중치를 설정하는 단계(S600)를 포함할 수 있다. 그리고 여기서 상기 설정한 엣지의 가중치를 반영하여 네트워크 그래프를 생성 및 갱신할 수 있다.

[0039] 여기서 네트워크에 포함된 노드 연결을 구성하는 유전자를 검색 엔진에서 검색하고, 검색 결과 수를 기초로 노드 간 연결의 가중치를 다시 산출할 수 있다. 검색 엔진의 검색 결과 수는 검색 엔진이 분석하는 데이터 안에서 두 단어들의 동시 출현 횟수라고 할 수 있고, 두 개의 단어가 더 밀접한 관계가 있을수록 더 높은 값을 가지게 된다. 이와 같이 도출된 검색 결과 수에 따른 가중치와 위 2.단계에서 생성한 가중치를 가중합하여 노드 간 연결의 가중치를 최종적으로 결정할 수 있다.

[0040] 여기서 구글 엔진을 검색 엔진으로 이용한 예에 대하여 설명하면 다음과 같다.

[0041] 구글 검색 결과 수는 관심 있는 두 개의 단어를 구글에서 검색하였을 때 반환 되는 값을 말한다. 그림에서 원안에 있는 값을 의미한다. 구글 검색 결과 수는 구글 데이터 안에서 두 단어들의 동시 출현 횟수라고 할 수 있다. 두 개의 단어가 더 밀접한 관계가 있을수록 더 높은 값을 가지게 된다.

[0042] 구글 검색 결과 같은 경우 모든 사람에 의해서 작성된 글에서 동시 출현 횟수를 계산하기 때문에, 보통의 경우 신뢰성이 떨어진다. 하지만 생물학 개체 명의 경우 기본적으로 전문적인 단어로 구성되어 있고, 생물학 전문가들이 아닌 경우 텍스트에서 사용이 어렵다. 때문에 다른 일반적인 검색과 달리 생물학 용어 검색의 경우 신뢰성 있는 데이터를 얻을 수 있다.

[0043] 도 5는 구글 검색 결과를 나타내는 참고도이다.

[0044] 여기서 검색 데이터로 구글 검색 엔진 이외에 다른 검색 엔진을 사용할 수 있음은 물론이다.

[0045] 다음으로는 가중치를 다시 계산하는 방법에 대하여 보다 상세히 설명한다.

[0046] 새로운 가중치에 대한 계산은 기존의 weighted degree centrality 방식을 사용할 수 있고, 이때 하기 수학적 식 1 및 수학적 식 2와 같은 2개의 엣지 가중치를 계산한 값을 이용하여, 하기 수학적 식 3과 같이 최종적인 엣지 가중치를 산출할 수 있다.

수학적 식 1

$$\text{Fre}(A) = \sum_{n=1}^{N(A)} \text{Frequency}(A, A_n^+)$$

[0047]

수학적 식 2

$$\text{SR}(A) = \sum_{n=1}^{N(A)} \text{SearchResult}(A, A_n^+)$$

[0048]

- [0049] 여기서 Fre(A)는 생물학 문헌 상에서의 동시 출현 횟수를 의미하고, SR(A)는 검색 엔진의 검색 결과 값을 의미한다. 여기서 Fre(A)와 SR(A)는 네트워크 상에서 노드 A와 연결된 모든 이웃의 값을 합하여 계산한다.
- [0050] 여기서 계산된 값은 차이가 크기 때문에 하기 수학식 3과 같이 정규화(Zscore)를 하고 두 값을 더하여 최종 에지 가중치인 LGscore 값을 계산한다. 여기서 최종 에지 가중치 LGscore는 모든 노드(유전자)들에 대해서 계산할 수 있다.

수학식 3

$$\text{LGscore}(A) = \text{Zscore}(\text{Fre}(A)) + \text{Zscore}(\text{SR}(A))$$

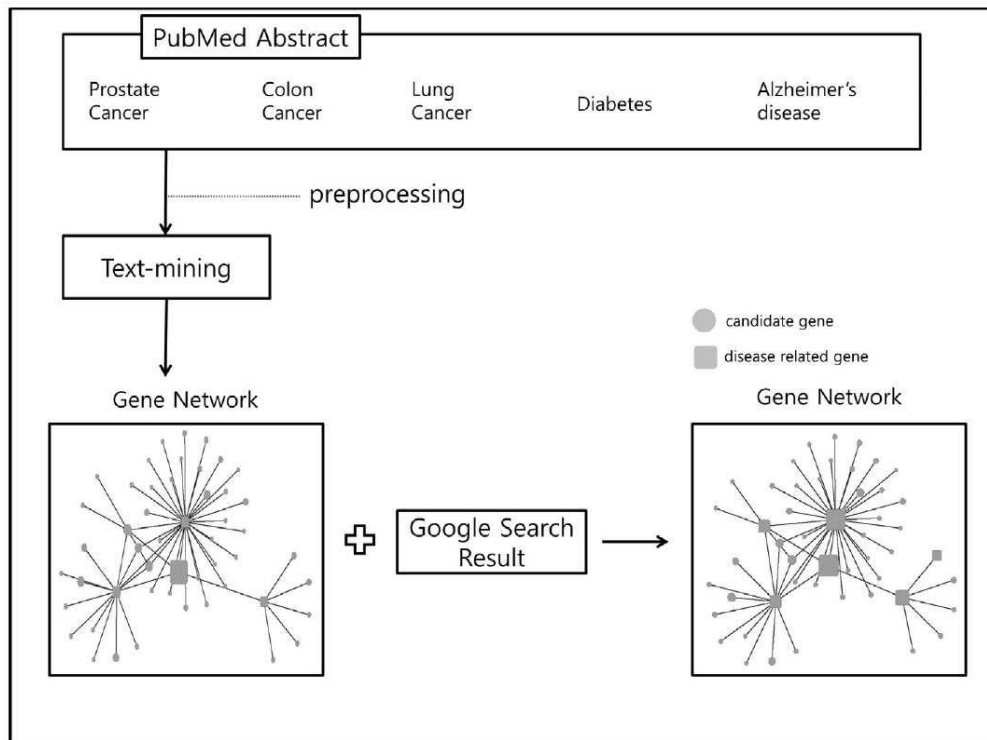
- [0051]
- [0052] 도 6은 최종 에지 가중치를 설정하는 동작을 설명하는 참고도이다.
- [0053] 본 발명에 따른 유전자 관계 분석 방법에 의하면, 생물학 문헌과 함께 검색 엔진의 검색 결과 정보를 이용하여 생물학적 개체들 간의 관계를 분석함으로써, 최신 정보를 고려하여 분석 결과를 생성할 수 있는 효과가 있다.
- [0054] 특히 본 발명에서 제안하는 유전자 관계 분석에서는 검색 엔진의 검색 결과를 사용하여, 기존의 생물학 문헌들에서 찾을 수 없었던 새로운 관계를 추출하는 것이 가능하게 한 효과가 있다. 예를 들면 약과 부작용에 관한 관계가 그 대표적이 예이다. 신약이 개발되고 상용화되기까지 많은 실험을 거치고, 임상 시험을 통해 부작용에 대해서도 검증을 수행하게 된다. 하지만 사람의 개인적 특성에 따라서 임상 시험에서 통과되었던 부작용이 생기기도 하며, 때로는 예상치 못했던 부작용이 발생하는 경우도 있다. 이러한 경우 검색 데이터를 활용하면 새로운 약과 부작용의 관계에 대해서 추론이 가능하다. 만약 약을 복용하고 그 약에 대한 알려지지 않은 부작용에 대해서 일반 사용자가 웹 상에 기록할 경우, 텍스트 마이닝을 활용하여 그 정보들을 추출할 수 있다. 실제로 약을 복용하는 사람들이 약을 먹은 후 증상을 자유롭게 기술하는 웹사이트도 운영 중에 있기 때문에, 본 발명에서 제공하는 유전자 관계 분석 방법은 효용성이 있다고 할 것이다.
- [0055] 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.
- [0056] 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.
- [0057] 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.
- [0058] 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

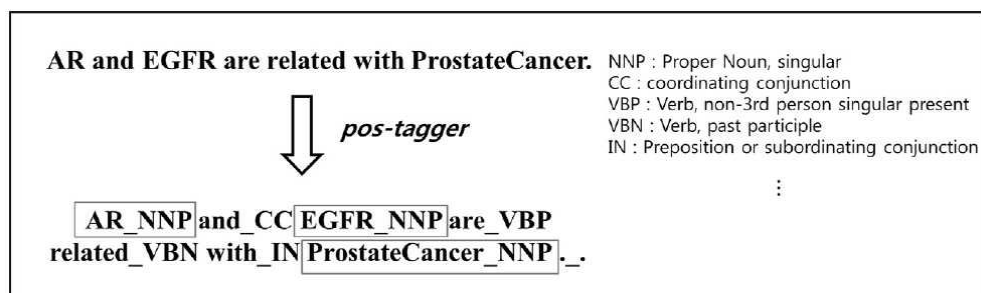
도면1



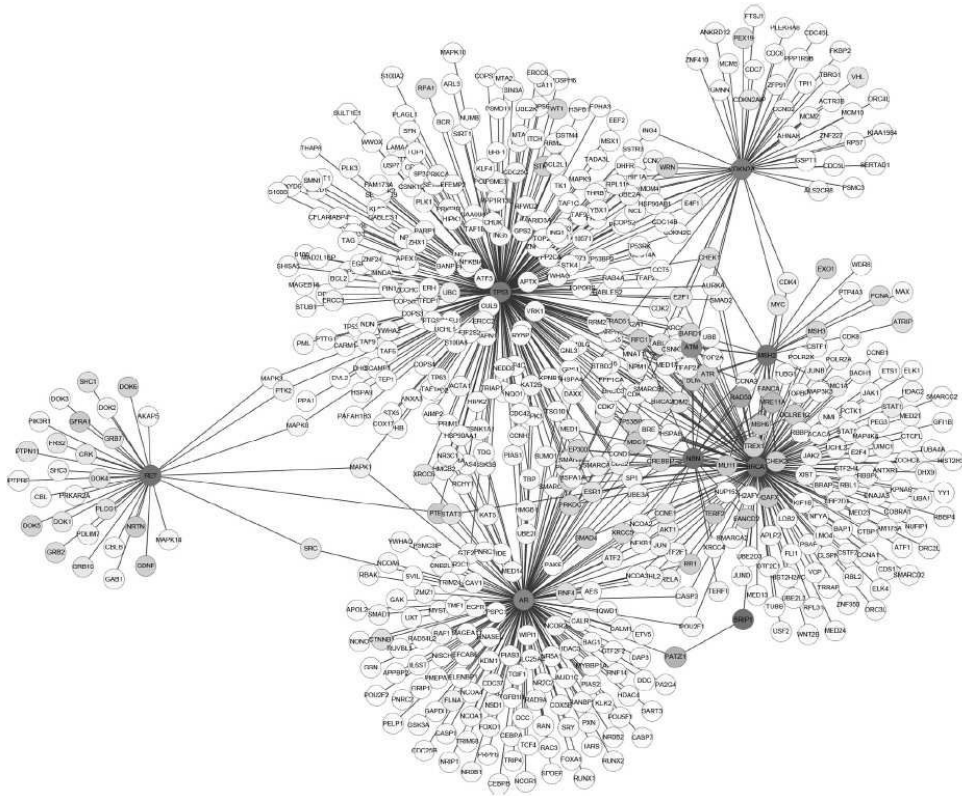
도면2



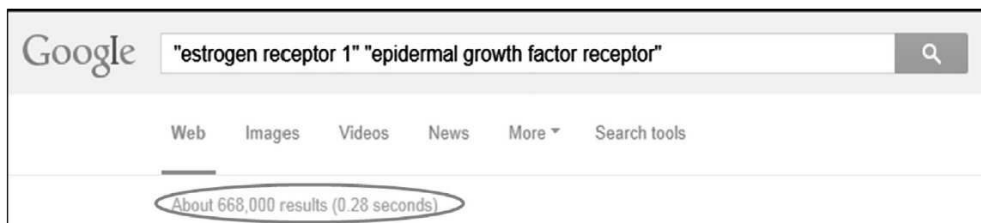
도면3



도면4



도면5



도면6

