

Disease Prediction By Learning Clinical Concept Relations

Seung-Hyeon Jo[†] · Kyung-Soon Lee^{††}

ABSTRACT

In this paper, we propose a method of constructing clinical knowledge with clinical concept relations and predicting diseases based on a deep learning model to support clinical decision-making. Clinical terms in UMLS(Unified Medical Language System) and cancer-related medical knowledge are classified into five categories. Medical related documents in Wikipedia are extracted using the classified clinical terms. Clinical concept relations are established by matching the extracted medical related documents with the extracted clinical terms. After deep learning using clinical knowledge, a disease is predicted based on medical terms expressed in a query. Thereafter, medical terms related to the predicted disease are selected as an extended query for clinical document retrieval. To validate our method, we have experimented on TREC Clinical Decision Support (CDS) and TREC Precision Medicine (PM) test collections.

Keywords : Clinical Decision Support, Clinical Concept Relation, Deep Learning, Disease Prediction, Query Expansion

딥러닝 기반 임상 관계 학습을 통한 질병 예측

조 승 현[†] · 이 경 순^{††}

요 약

본 논문에서는 임상 의사 결정 지원을 위하여 의학 지식을 통해 임상 관계를 추출하고 딥러닝 모델을 이용하여 질병을 예측하는 방법을 제안한다. 의학 사전인 UMLS(Unified Medical Language System)와 암 관련 의학 지식에 포함된 임상 용어를 5가지로 분류한다. 분류된 임상 용어들을 사용하여 위키백과 의학 문서를 추출한다. 추출한 위키백과 의학 문서와 추출한 임상 용어를 매칭하여 임상 관계를 구축한다. 구축한 임상 관계를 이용하여 딥러닝 학습을 진행한 후 질의에서 표현된 의학 용어를 바탕으로 질의와 연관된 질병을 예측한다. 이후, 예측한 질병과 관계가 있는 의학 용어를 확장 질의로 선택한 뒤 질의를 확장한다. 제안 방법의 유효성을 검증하기 위해 TREC Clinical Decision Support(CDS), TREC Precision Medicine(PM) 테스트 컬렉션에 대해 비교 평가한다.

키워드 : 임상 의사 결정 지원, 임상 관계, 딥러닝, 질병 예측, 질의 확장

1. 서 론

의사들이 환자가 가지고 있는 증상에 대하여 임상 의사 결정을 내릴 때 해당 환자와 증상이 비슷한 환자들을 다른 의학 데이터를 이용할 수 있다면 임상 의사 결정에 큰 도움을 줄 수 있을 것이다. 하지만 존재하는 의학 데이터의 양이 너무 많고 내용이 복잡하기 때문에 환자의 진단에 사용하기에는 어려움이 있다. 이를 해결하기 위해 최근 의학 연구에서는 기계학습을 통해 의학 데이터들을 학습하여 환자의 질병을 예측하거나 의학 데이터 검색 시의 성능 향상을 꾀하는 연구가

진행되고 있다[1, 2].

최근 정보 처리 분야에서는 의학 문서 처리에 대하여 많은 연구가 진행 중에 있다. National Institute of Standards and Technology(NIST)에서 진행 중인 TREC(Text REtrieval Conference)에서는 지속적으로 생물 의학 정보 검색(Bio-medical information retrieval)에 대한 연구가 진행 중이며 2021년에 진행된 임상 시험 트랙(Clinical Trials Track)에서는 환자의 증상, 검사 방식, 치료 결과에 대한 정보를 질의로 구성하고 해당 질의와 관계가 있는 임상시험 문서들을 검색하는 방법에 대한 연구가 진행되었다. 이전 연구에서 2014년부터 2016년까지 진행된 임상 의사 결정 지원 트랙(Clinical Decision Support(CDS) Track)[3]에서는 환자가 겪고 있는 증상들을 질의로 주며 병을 진단하거나, 검사 방법 또는 치료 방법에 관하여 서술된 논문을 검색하는 방법에 대한 연구가 진행되었으며, 2017년부터 2020년까지 진행된 정밀 의학 트랙 (Precision Medicine (PM) Track)[4] 에

※ This research was supported by Basic Science Research Program through the National Research Foundation of Korea(NRF) funded by the Ministry of Education(NRF-2017R1D1A1B03036275).

† 준 회원 : 전북대학교 컴퓨터공학과 박사과정

†† 비 회원 : 전북대학교 컴퓨터공학부 교수

Manuscript Received : October 8, 2021

Accepted : October 19, 2021

* Corresponding Author : Kyung-Soon Lee(selfsolee@jbnu.ac.kr)

서는 환자가 가지고 있는 질병과 유전자 변형에 따른 암 예측에 대한 연구가 진행되었다.

2009년부터 진행 중인 ACL의 워크샵 중 하나인 BioNLP (Biomedical Natural Language Processing) 공유 태스크 (Shared Task)[5]에서는 개체 추출 및 표현, 이벤트 및 관계 추출과 관련된 연구가 진행되었으며 2020년부터는 코로나와 연관된 문서 검색 및 관계 추출에 대한 연구가 진행 중이다.

본 연구의 기본 접근은 질의에 증상 정보가 있으면 증상에 대한 의학 지식을 활용하여 주어진 증상 정보들과 연관된 질병을 예측하고 추가 증상 또는 치료 방법과 같은 관련 용어로 질의 확장을 하여 성능개선을 하는 것이다. TREC에서 제공하는 질문과 문서들의 정보를 관찰한 결과 질문들에는 환자의 증상이 표현되어 있었으며, 이를 통해 환자가 겪고 있는 질병을 예측할 수 있었으며 질병과 다른 의학 용어들의 관계를 이용하여 의학 질문과 관련된 의학 문서를 선택할 수 있었다. 이를 통해, 의학 용어 간의 임상 관계를 구축할 수 있다면 질의와 관련된 질병을 예측하는데 도움을 줄 수 있다고 판단할 수 있다. 또한, 의학 용어 간의 임상 관계를 통하여 질병을 예측했다면 예측한 질병과 관계된 의학 용어들을 이용하여 질의를 확장하는 것도 가능하다.

본 연구에서는 환자의 질병 예측을 위하여 의학 용어 사이의 관계를 구축하고 딥러닝을 이용하여 환자의 질병을 예측하는 방법을 제안한다. 의학 용어 간의 관계를 구축하기 위해 의학 사전인 UMLS(Unified Medical Language System)와 위키피디아에 존재하는 의학 데이터를 이용하여 병명-증상-검사방법-약물/치료방법-유전자 관련 의학 용어의 임상 관계를 구축하고, 딥러닝을 통해 구축한 임상 관계를 학습한다. 이후, 학습된 내용을 바탕으로 질의와 관련된 질병을 예측하고 질의 확장을 진행한다. 제안 방법의 유효성을 검증하기 위해 TREC CDS(Clinical Decision Support), TREC PM (Precision Medicine) 테스트 컬렉션에 대해 비교 평가를 진행함으로써 본 연구가 의학 문서 검색에 도움을 줄 수 있음을 확인한다.

본 논문의 구성은 다음과 같다. 2장에서는 의학 정보들을 이용한 연구에 대하여 소개하며, 3장에서는 의학 정보를 이용하여 의학 용어 사이의 임상 관계 정보를 구축하는 방법을 이야기한다. 4장에서는 딥러닝 기반 질병 예측 및 확장 질의 선택을 하는 방법을 기술하며, 5장에서는 실험 결과 및 분석, 6장에서는 결론에 대하여 이야기한다.

2. 관련 연구

2.1 임상 관계 추출

임상 관계 추출 관련 연구에서 M. Hassan[6]은 종속성 그래프를 이용하여 병명과 증상 사이의 관계를 추출하기 위해 SPARE라는 관계 추출을 위한 구문 패턴을 제안하였다. SPARE를 통해 병명-증상 관계 패턴을 학습시킨 뒤, 증상이

묘사되어 있는 패턴을 주고 병명-증상 관계를 추출하는 연구를 진행하였다. Wang[7]은 병명-치료 방법 관계를 추출하기 위하여 rich function을 적용한 최대 엔트로피 모델을 이용하였다.

본 연구에서는 UMLS와 위키피디아를 이용하여 의학 용어 사이의 임상 관계를 구축한다.

2.2 의학 데이터를 이용한 기계학습

기계학습을 통한 의학 Lee[1]의 연구에서는 기계학습 중 하나인 트랜스포머 양방향 인코더 표현인 BERT(Bidirectional Encoder Representations from Transformers)를 통해 의학 데이터를 제공해주는 사이트인 PubMed Central (PMC)에서 제공되는 문서들을 학습 데이터로 하여 학습한 뒤 관계 추출, 개체명 인식, 질의응답에 사용하였다. Park[2]의 연구에서는 KAGGLE에서 주어진 데이터를 이용하여 Deep Neural Network(DNN) 중 하나인 AlexNet을 사용해 MRI 사진을 분류하는 연구를 진행하였다.

본 연구에서는 임상 관계를 기계학습을 통해 학습하여 질의와 연관된 질병 예측을 진행한다.

2.3 질의 확장

TREC CDS 및 PM track에서는 질의에 대하여 적합한 의학 문서를 찾기 위하여 의학 지식(UMLS, Medical Subject Headings(MeSH), 위키피디아 등)을 이용한 질의 확장, 문서 재순위화와 같은 문서 검색 연구가 진행되어 왔다. Georgetown University[8]에서는 IDF 질의 확장 기법을 이용하여 질의를 재정립했으며, University of Michigan[9]에서는 UMLS 개념 식별자(concept unique identifiers(CUIs))를 이용하여 의학 개념을 추출하였다. Northwestern/Utah/UNC[10]에서는 UMLS 의미 유형(semantic type)을 이용하여 질의와 관련이 적은 의학 용어를 제외시키고 UMLS 개념 식별자를 이용하여 질의 확장을 진행하였다. Fudan University[11]에서는 생물의학 개념 부착 도구(biomedical concept annotation tool)를 이용하여 각 질의에서 키워드를 추출하고 Medical Subject Headings(MeSH)를 이용하여 질의와 관련된 30개의 의학 용어를 추출하여 질의 확장을 진행하였다.

본 연구에서는 UMLS CUIs와 위키피디아를 통해 추출한 의학 용어 간 관계 정보를 통해 예측한 질병을 이용하여 질의와 관계된 의학 용어를 확장 질의로 선택한다.

3. 임상 관계 구축

이 장에서는 의학 자원을 이용하여 의학 용어 간 관계를 구축하고, 구축된 정보를 딥러닝 기반 학습하여 질의와 연관된 질병을 예측하는 방법에 대하여 설명한다. Fig. 1은 제안 방법의 시스템 구조이다.

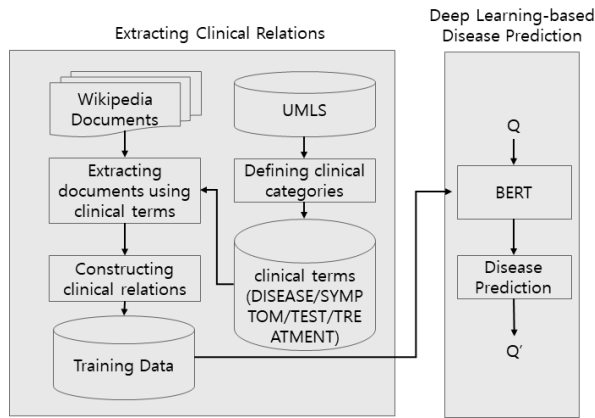


Fig. 1. System Architecture

3.1 임상 관계 구축을 위한 의학 지식 기반 의학 용어 추출 및 분류

본 연구에서는 의학 사전인 UMLS의 개념식별자(CUIs)에서 나타나는 의학 개념을 4가지로 분류(질병(#DISEASE), 증상(#SYMPTOM), 검사방식(#TEST), 약물/치료(#TREATMENT))하였으며 분류 작업을 통해 추출한 의학 용어의 수는 질병 610,356개, 증상 정보 1,224,254개, 검사 방식에 관련된 의학 용어 296,161개, 치료 방법 및 약물과 관련된 의학 용어 609,675개이다. 또한, 암 관련 의학 자료인 Atlas[12], CANgene, RCGD, Sanger[13] 등에서 암과 관련된 2,027개의 유전자 정보(#GENE)를 추출하였다.

3.2 질병 예측을 위한 임상 관계 구축

본 연구에서는 UMLS CUIs 및 암 관련 의학 자료에서 추출한 임상 용어를 이용하여 46,128개의 위키피디아 문서를 추출하였으며, 이 중 질병을 설명하는 페이지는 7,862개, 증상을 설명하는 페이지는 31,677개, 검사방식에 관한 내용을 설명하는 페이지는 1,176개, 약물/치료 정보가 설명된 페이지는 4,607개, 유전자 정보가 설명된 페이지는 806개이다. 추출한 위키피디아 의학 페이지에 임상 용어가 존재한다면 임상 용어의 유형에 따라 태깅을 한 뒤, 의학 용어 간의 단어 쌍을 생성하였다. 태그는 총 5개(#DISEASE, #SYMPTOM, #TEST, #TREATMENT, #GENE)이며 구축된 관계 정보는 약 400만개이다. Fig. 2는 위키피디아의 감기(common cold) 내용을 바탕으로 임상 관계를 구축한 내용이다.

4. 딥러닝 기반 질병 예측 및 질의 확장

4.1 임상 관계를 이용한 딥러닝 학습

구축한 관계 정보와 위키피디아 의학 데이터의 문장들을 학습 데이터 구축에 사용하였으며 트랜스포머 양방향 인코더 표현인 BERT(Bidirectional Encoder Representations from Transformers)를 이용하여 학습을 진행하였다. 학습 방식은 마스크 언어 모델(Masked Language Model)을 사

- original text
The typical symptoms of a cold include cough, runny nose, sneezing, nasal congestion, and a sore throat, sometimes accompanied by muscle ache, fatigue, headache, and loss of appetite. Treatments of the common cold primarily involve medications and other therapies for symptomatic relief. Getting plenty of rest, drinking fluids to maintain hydration, and gargling with warm salt water are reasonable conservative measures.

- clinical relations established through the original text
#DISEASE(common cold) - #SYMPTOM(cough)
#DISEASE(common cold) - #SYMPTOM(runny nose)
#DISEASE(common cold) - #SYMPTOM(sneezing)
#DISEASE(common cold) - #SYMPTOM(nasal congestion)
#DISEASE(common cold) - #SYMPTOM(sore throat)
#DISEASE(common cold) - #SYMPTOM(muscle ache)
#DISEASE(common cold) - #SYMPTOM(fatigue)
#DISEASE(common cold) - #SYMPTOM(headache)
#DISEASE(common cold) - #SYMPTOM(loss of appetite)
#DISEASE(common cold) - #TREATMENT(rest)
#DISEASE(common cold) - #TREATMENT(maintain hydration)
#DISEASE(common cold) - #TREATMENT(gargling)

Fig. 2. Establishing Clinical Relations

- original text (tagged)
The typical symptoms of a #DISEASE(cold) include #SYMPTOM(cough), #SYMPTOM(runny_nose), #SYMPTOM(sneezing), #SYMPTOM(nasal_congestion), and a #SYMPTOM(sore_throat).

- masked sequence
[CLS] The typical symptoms of a [MASK] include [MASK], #SYMPTOM(runny nose), #SYMPTOM(runny_nose), #SYMPTOM(sneezing), #SYMPTOM(nasal_congestion), and a #SYMPTOM(sore_throat). [SEP]

- masked token index
6, 8

Fig. 3. Training Data on the Relations Between Common Cold and Cough

용하였다. Fig. 3은 감기(common cold)와 기침(cough)의 관계를 학습하기 위한 BERT의 학습 데이터이다.

이후, 마스킹 된 토큰(masked token)들을 인코딩 및 임베딩하여 벡터화한 후 학습을 진행한다. BERT 학습 시 파라미터는 layer=12, hidden layer size=768, total parameter=110M으로 진행하였다.

4.2 딥러닝 기반 질병 예측 및 질의 확장

질의에서 추출한 태그가 붙은 의학 용어를 학습된 BERT를 통해 질의와 가장 높게 연관된 질병을 예측한다. 이후, 예측한 질병에 대하여 학습된 BERT를 이용하여 예측한 질병과 연관된 의학 용어를 얻어 확장 질의를 한다.

Table 1은 TREC CDS 2015 2번 질의에 대하여 질병을

Table 1. Disease Prediction for TREC CDS 2015 Topic 2

topic	2
query	A 62-year-old immunosuppressed male with fever, cough and intranuclear inclusion bodies in bronchoalveolar lavage
extracting clinical terms	#SYMPTOM(fever), #SYMPTOM(cough)
proceeding of disease prediction	
result of disease prediction	common cold

예측한 내용이다. 질의에서 발열(fever), 기침(cough)이라는 임상 용어가 존재했으며 해당 용어들과 관계가 가장 높은 감기(common cold)가 질의와 연관된 질병으로 예측되었음을 알 수 있다.

5. 실험 및 평가

5.1 질병 예측 실험

본 연구에서는 TREC Clinical Decision Support 2014, 2015 테스트 컬렉션을 이용하여 제안한 질병 예측 방법을 테스트하였다. 학습에는 TREC CDS 2014 테스트 컬렉션, 테스트는 TREC CDS 2015 테스트 컬렉션을 사용하였다. 질의는 description 파트와 summary 파트로 나뉘며, 본 연구에서는 summary 파트를 사용하였다. 실험 집합에 대한 구성은 Table 2와 같다.

만약 질의와 연관된 병명을 정확하게 예측할 수 있다면 해당 질의에 대하여 검색 성능을 향상시킬 수 있을 것이다. 이에 따라, 우리는 TREC CDS의 질의를 통해 질병을 얼마나 정확하게 예측하였는지 실험하였다. 실험 결과는 Table 3과 같다.

Table 2. Test Collection of TREC Clinical Decision Support

# of documents	# of training queries	# of test queries
733,138	30	30

Table 3. Disease Prediction Accuracy Ratio Using Clinical Relations

# of queries	# of queries that succeeded in disease prediction	Accuracy
30	23	77%

5.2 질병 예측 실험 분석

Table 4는 TREC CDS 질의들의 정답 질병과 실험을 통해 예측한 질병을 비교한 표이다. 총 30개의 테스트 질의 중 23개의 질의에서 정답 질병을 예측할 수 있었다. 의학 용어 간 관계를 통해 질의와 관련된 질병 예측을 하지 못한 7개 질의에 대하여 이유를 분석해 본 결과 위키피디아에 해당 질병 정보가 부족하여 임상 관계 구축이 정상적으로 이루어지지 못한 경우 질병 예측에 실패했음을 알 수 있었다.

Table 4. Results of predicted disease

Topic	Correct disease	Predicted disease
1	Atrial fibrillation	Atrial fibrillation
2	Cold	Common cold
3	Sarcoidosis	N/A
4	Hypertension	Hypertension
5	Tuberculosis	N/A
6	Sarcoidosis	Sarcoidosis
7	Chronic fatigue syndrome	Chronic fatigue syndrome
8	Dengue	Dengue fever
9	Kawasaki disease	Kawasaki disease
10	Endometriosis	Endometriosis
11	Hypothyroidism	Hypothyroidism
12	Bacterial Meningitis	Meningitis
13	Epiglottitis	Epiglottitis
14	Paroxysmal nocturnal hemoglobinuria	N/A
15	Paroxysmal atrial fibrillation	Atrial fibrillation
16	Foreign Body Aspiration	N/A
17	Cervical Cancer precursor	Cancer
18	Congestive Heart Failure	Heart failure
19	Chronic Obstructive Pulmonary Disease	Chronic obstructive pulmonary disease
20	Creutzfeldt-Jakob disease	N/A
21	Giardiasis	Giardiasis
22	Aspergillosis	Aspergillosis
23	Dengue	Dengue fever
24	Community Acquired Pneumonia	Pneumonia
25	Osteomyelitis	Osteomyelitis
26	Ectopic pregnancy	N/A
27	Iron-Deficiency Anemia	Anemia
28	Lyme arthritis	Lyme disease
29	Kawasaki disease	Kawasaki disease
30	Elbow dislocation	N/A

5.3 질의 확장 실험 결과

본 연구에서는 TREC CDS 2014, 2015와 TREC PM 2017, 2018, 2019 테스트 컬렉션을 이용하여 질의 확장 방법을 실험하였다. TREC PM 실험 집합에서 학습에는 TREC PM 2017, 2018 테스트 컬렉션, 테스트는 TREC PM 2019 테스트 컬렉션을 사용하였다. Table 2는 TREC CDS 실험 집합의 구성이며 Table 5는 TREC PM 실험 집합의 구성이다.

언어모델(Language Model; LM)과 적합모델(Relevance Model; RM)에 대한 실험은 검색 엔진 중 매사추세츠 대학과 카네기 멜론 대학에서 만든 인드리(Indri) 시스템[14]을 사용하였다.

각 모델에 대하여 학습 질의를 통해 파라미터를 학습한 후 테스트 질의에 적용하여 성능을 평가하였다. 초기 질의에 대한 가중치가 높을수록 원 질의에서 등장한 용어가 검색에 더 큰 영향을 주기 때문에 확장 질의에 대한 가중치가 중요하다. $r(0 < r < 1)$ 만큼 가중치를 초기 질의에 부여한다면 확장 질의에는 $1-r$ 만큼의 가중치가 부여되기 때문에 초기 질의에 가중치를 얼마나 주느냐는 검색 성능에 큰 영향을 미칠 수 있다. 또한, 초기 확장 질의의 수가 예상보다 많아지거나 너무 적다면 검색 성능이 하락할 수 있다. 따라서 본 연구에서는 초기 질의에 대한 가중치와 확장 질의의 수에 대하여 학습을 진행하였으며 초기 질의에 대한 가중치($\lambda \in \{0.1, 0.2, \dots, 0.9\}$)와 확장 질의의 수($W \in \{5, 10, 15, 20, 25, 50, 75, 100\}$)는 학습 질의를 이용하여 최적의 값을 결정한 뒤 테스트 질의에 적용하였다.

성능 평가는 TREC CDS와 TREC PM에서 사용한 평가 척도를 이용하였다.

- P@10: 상위 10개 문서에서의 정확률을 측정
- R-prec: R-정확률(precision)을 측정
- infNDCG(inferred Normalized Discounted Cumulative Gain): 문서 관련성 등급(graded relevance scale)를 이용한 추정된 NDCG값. infNDCG는 상위 100개의 문서에 대한 NDCG값[3, 4]으로, NDCG(Normalized Discounted Cumulative Gain)는 정규화 된 할인 누적 이득을 측정하는 것으로, 검색에서 질의와의 적합성이 높은 결과를 상위권으로 예측했는가를 판단하는 평가지표이다.

TREC CDS 테스트컬렉션에 대한 비교 실험 방법은 아래와 같다. Table 6은 비교 실험 결과이다.

- LM: 언어 모델
- FDUDMIIP[11]: MeSH를 이용하여 질의와 관련된 MeSH 용어를 추출하여 질의 확장
- CBNU[17]: 질의에 등장한 증상과 임상 관계를 이용하여 일정 이상의 증상과 연관된 질병 예측
- 제안모델(Proposed): 임상 관계를 딥러닝으로 학습한 후 질의에 대한 질병을 예측하고, 예측한 질병 및 질병 관련 의학 용어로 질의 확장 후 검색

Table 5. Test Collection of TREC Precision Medicine

# of documents	# of training queries	# of test queries
26,968,857	80	40

Table 6. Results on TREC CDS

Comparison Methods	inferred NDCG	P@10	R-prec
LM	0.2179	0.3733	0.1863
FDUDMIIP	0.2469	0.3900	0.1847
CBNU	0.2501	0.4133	0.1971
Proposed	0.2572	0.4367	0.2306

Table 7. Results on TREC PM

Comparison Methods	infNDCG	P@10	R-prec
LM	0.4559	0.4658	0.3477
CCNL	0.4862	0.5947	0.3414
Proposed	0.5568	0.4921	0.4121

TREC PM에 대한 실험 방법은 아래와 같으며, Table 7은 비교실험 결과이다.

- LM: 언어 모델
- CCNL[15]: 의학사전 SNOMED Clinical Trials(CT), MeSH, ICD 기반 BM25 모델을 이용하여 질의 확장 후 검색
- 제안 모델(Proposed): 임상 관계를 딥러닝으로 학습한 뒤 질병 관련 의학 용어들로 질의 확장 후 검색

6. 결론

본 논문에서는 UMLS와 위키피디아를 이용하여 임상관계를 추출하여 임상 지식을 구축하였다. 임상관계 지식을 학습 데이터로 하여 질의와 관련된 질병을 탐지하고, 관련 임상 용어들을 확장 질의로 하여 검색하는 방법을 제안하였다. TREC 테스트컬렉션에 대한 실험을 통해, 딥러닝 기반 임상 관계 학습이 환자가 가지고 있는 증상, 검사, 치료 정보를 이용하여 질병을 예측할 수 있음을 알 수 있었다. 향후 연구로는 임상 관계 정보를 더 세분화하고 질병 관련문서들을 분류함으로써 의학 정보가 부족하여 질의에 대한 질병을 예측하지 못하는 것에 대한 연구가 필요하다.

References

[1] J. Lee, W. Yoon, S. Kim, D. Kim, S. Kim, S. H. So, and J. Kang, "BioBERT: a pre-trained biomedical language representation model for biomedical text mining," *Bioinformatics*, Vol.36, Iss.4, pp.1234-1240, 2020.

- [2] C. Park, C. C. Took, and J. K. Seong, "Machine learning in biomedical engineering," *Biomedical Engineering Letters*, Vol.8, pp.1-3, 2018.
- [3] K. Roberts and E. M. Voorhees, "Overview of the TREC 2016 clinical decision support track," In *Proceedings of the Text Retrieval Conference 2016*, 2016.
- [4] K. Roberts and E. M. Voorhees, "Overview of the TREC 2020 precision medicine track," In *Proceedings of the Text Retrieval Conference 2020*, 2020.
- [5] K. B. Cohen, D. D. Fushman, S. Ananiadou, and J. Tsujii, "Stronger biomedical NLP in the face of COVID-19," In *Proceedings of the 20th Workshop on Biomedical Language Processing*, 2020.
- [6] M. Hassan, O. Makkaoui, A. Coulet, and Y. Toussaint, "Extracting disease-symptom relationships by learning syntactic patterns from dependency graphs," In *Proceedings of the 2015 Workshop on Biomedical Natural Language Processing (BioNLP 2015)*, pp.71-80, 2015.
- [7] L. Yao, C. J. Sun, X. L. Wang, and X. Wang, "Relationship extraction from biomedical literature using Maximum Entropy based on rich features," In *Proceedings of the Ninth International Conference on Machine Learning and Cybernetics(ICMLC'10)*, pp.3358-3361, 2010.
- [8] L. Soldaini, A. Cohan, A. Yates, N. Goharian, and O. Frieder, "Query Reformulation for Clinical Decision Support Search," In *proceedings of the Text Retrieval Conference 2014*, 2014.
- [9] F. Hu, D. T. Y. Wu, Q. Mei, and V. G. V. Vydiswaran, "Learning from medical summaries: The university of michigan at TREC 2015 clinical decision support track," In *Proceedings of the Text Retrieval Conference 2015*, 2015.
- [10] J. Stober, B. S. E. Heale, K. Fulghum, and G. D. Fiol, "Concept based information retrieval for clinical case summaries," In *Proceedings of the Text Retrieval Conference 2015*, 2015.
- [11] R. You, S. Peng, S. Zhu, and Y. Zhou, "FDUMedSearch at TREC 2015 clinical decision support track," In *Proceedings of the Text Retrieval Conference 2015*, 2015.
- [12] Atlas of Genetics and Cytogenetics in Oncology and Haematology [Internet], <http://atlasgeneticsoncology.org>
- [13] 1000 Genomes Project in Sanger Data Directory [Internet], <https://www.sanger.ac.uk/data/1000-genomes/>
- [14] T. Strohman, D. Metzler, H. Turtle, and W. B. Croft, "Indri: A language model-based search engine for complex queries," In *Proceedings of the International Conference on Intelligence Analysis*, <http://www.lemurproject.org/indri>. 2005.
- [15] X. Lium, L. Li, Z. Yang, and S. Dong, "SCUT-CCNL at TREC 2019 Precision Medicine Track," In *Proceedings of the Text Retrieval Conference 2019*, 2019.
- [16] S. H. Jo and K. S. Lee, "CBNU at TREC 2019 precision medicine track," In *Proceedings of the Text Retrieval Conference 2019*, 2019.
- [17] S. H. Jo and K. S. Lee, "CBNU at TREC 2015 clinical decision support track," In *Proceedings of the Text Retrieval Conference 2015*, 2015.



조 승 현

<https://orcid.org/0000-0001-5452-4422>

e-mail : jackaa@chonbuk.ac.kr

2014년 전북대학교 컴퓨터공학부(학사)

2016년 전북대학교 컴퓨터공학부(석사)

2021년 ~ 현 재 전북대학교 컴퓨터공학과 박사과정

관심분야 : 정보검색, 정보마이닝, 기계학습



이 경 순

<https://orcid.org/0000-0003-2145-3802>

e-mail : selfsolee@jbnu.ac.kr

1997년 한국과학기술원 전자전산학(석사)

2001년 한국과학기술원 전자전산학(박사)

2001년 ~ 2003년 일본 국립정보학연구소 연구원

2007년 미국 매사추세츠주립대학 방문교수

2004년 ~ 현 재 전북대학교 컴퓨터공학부 교수

관심분야 : 정보검색, 정보마이닝, 기계학습