

## 다음세대 식물지에 대하여

오철수, 신명호

위대한 령도자 김정일동지께서는 다음과 같이 교시하시였다.

《모든 과학자, 기술자들이 과학기술발전의 추세에 맞게 첨단과학과 기초과학발전에 힘을 넣어 나라의 과학기술을 세계적수준에 올려세우도록 하여야 합니다.》(《김정일선집》 증보판 제20권 62페이지)

문명강국을 건설하고 전민과학기술인재화를 실현하기 위한 사업이 전사회적범위에서 힘 있게 진행되고있는 오늘 식물학부문앞에는 식물지를 혁신적으로 발전시켜야 중요한 과제가 나서고있다. 식물지는 식물분류연구성과를 가장 집중적으로 반영하고있는 전문도서로서 여기에는 식물에 대하여 관심을 가지고있는 사람이라면 누구나 다 요구하고 알고싶어하는 식물의 이름과 학명, 형태와 특징, 분포와 쓸모, 그림이나 사진 등 자료들이 기재되어있으며 특히는 분류등급별로 목적하는 대상을 찾을수 있는 검색표가 포함되어있다. 최근 과학기술이 급속히 발전하고 식물에 대한 이해와 요구가 보다 높아지면서 식물지의 세대교체는 더는 미룰수 없는 절박한 문제로 나서게 되였고 이미 적지 않은 나라들에서 이 사업에 착수하여 성과를 내고있다. 우리는 지금까지 우리가 인식하고있던 식물지와 새로운 형태의 식물지인 다음세대 식물지에 대하여 계승과 혁신의 측면에서 보려고 한다.

식물지(Flora)는 전통적으로 어떤 나라나 지역의 식물종류를 기재한 분류학전문저서로서 식물분류, 계통발육, 진화, 생태, 식물지리, 보호생물학을 연구하는 기초서적이라고 할수 있다. 현재 거의 모든 나라들이 자기의 식물지를 가지고있으며 끊임없는 식물분류연구결과를 보충하여 식물지를 갱신하고있다. 우리 나라에서도 이미 1970년대에 전 7권으로 된 《조선식물지》가 나오는데 이어 2000년대초까지 《조선식물지(증보판)》(전 10권)이 완성되어 나라의 생물학발전을 더욱 추동할수 있게 되었다.[1] 이러한 식물지는 전통적으로 식물의 외부형태와 내부해부특징에 근거하고 지리분포자료들을 결합하여 종류에 대한 검색, 서술, 명명과 분류를 진행하는 분류학연구사업의 종합적인 결과물이다. 과학이 발전하면서 특히는 20세기 1950~1960년대부터 시작하여 세포분류학, 화학분류학, 초미세구조, 분자표식자, 유전자배열결정 등 새로운 기술과 방법이 급속히 출현하고 표징분류, 수량분류, 계통발육분류 등 새로운 리론과 방법들이 점차 성숙되어 식물분류학(Plant Taxonomy)은 식물계통학(Plant Systematic)으로 발전되었다. 이에 따라 린네이래 줄곧 식물분류연구의 핵심으로 되어온 전통적인 식물분류학은 고전식물분류학(Classical Plant Taxonomy)으로 되었다. 이러한 고전식물분류의 4가지 기초부문 즉 검색, 기재, 명명, 정리체계화는 오늘 현대생명과학기술과 정보과학기술의 발전과 함께 급속히 변화발전되고있으며 전통식물지도 새로운 형태의 식물지로 변화발전되어가고있다. 전통적인 식물지는 전문서적 즉 책으로서 어디까지나 지면이 제한되어있으며 특히는 단경로검색표로 되어있고 내용을 즉시 재판갱신하기 어렵다. 그러나 다음세대 식물지는 전자매체에 기초하고있고 내용의 저장과 갱신도 거의나 제한을 받지 않으며 정보모dul구축, 내용의 검색, 연시도 종이매체와 완전히 다르고 보다 지능적이다. 현재

많은 사람들이 식물지의 수자화, 정보화, 컴퓨터화의 의미를 식물지의 기재문을 컴퓨터에 그대로 옮겨놓은것이라고 단순하게 이해하면서 이러한 사업을 식물학자들과는 거리가 먼 사업으로, 컴퓨터전문가들이나 할 사업으로 여기고있지만 다음세대 식물지를 통하여 그 인식은 개변되게 될것이다.

## 1. 식물분류의 기초부문과 발전

### 1) 검색(Identification)

검색은 식물분류학의 가장 기본적인 사업으로서 그 기본의미는 개인의 견해에 따라 2개가 같은가 다른가를 결정하는 과정이다. 초기에 사람들은 전문지식을 겸비하지 않고도 개인의 판단에 따라 식물의 식별검색을 진행할수 있었다. 그러나 호상교류 및 지식의 전파를 실현하기 위해 사람들은 공통적으로 인정하는 객관증거와 통용되는 판별기준을 요구하였으며 이러한 기준에 근거하여 얻은 검색결과만을 인정하게 되었는데 이것이 분류학적식물검색이었다. 전통적인 식물검색은 주로 식물의 형태적특징에 근거하고 지리적분포를 참고하며 분류검색표를 경로로 하여 식물지에서 종대조를 진행하는 과정이었다. 비교적 높은 전문가적자질을 요구하는것으로 하여 검색의 정확성과 효율은 검색자의 전문지식과 경험에 의해 결정되었다. 때문에 이것은 극소수 전문가들의 《특허》로만 되고있으며 오늘날 분류학자들의 부족으로 여러 측면에서 난관에 직면하고있다. 반면에 경제건설과 사회생활의 여러 부문에서 종검색에 대한 요구는 점점 늘어나고있으며 일반사람들도 쉽고 편리한 방법으로 정확한 식물검색결과를 얻을것을 요구하고있다. 식물의 검색에는 대체로 세가지 즉 형태-지리검색, 화상검색, 분자검색이 있다.

#### (1) 형태-지리검색

전통적인 검색은 형태특징을 기본으로 하며 분류검색표는 검색과정에서 중요한 역할을 한다. 일반적으로 검색자는 미지식물(혹은 표본)의 형태특징에 대해 식별확인을 진행하는데 검색표가 제공한 형질특징에 따라 하나하나 대응되는 대조를 진행하며 최종적으로 얻은 검색결과는 이러한 특징에 완전히 맞는 어떤 분류군으로서 검색은 완성되게 된다. 현재 리용하고있는 대부분 검색표는 지면에 펼치기 쉬운 두갈래검색표인데 결함이 있다. 즉 검색은 반드시 미리 설계된 경로에 따라서만 진행해야 하며 경로의 매 단계는 다 쌓지은 배척성특징중 하나를 선택해야 한다. 만일 어떤 단계에서 검색식물재료에 대응한 특징정보가 없거나 불명확하다면 검색은 앞으로 계속 진행될수 없으며 결과적으로 검색에서의 실패를 초래하는데 이러한 경우는 식물검색실천에서 자주 발생한다.

실례로 콩과(Fabaceae)의 속검색표를 보면 첫 단계에서는 수꽃술의 특징을 가지고, 세번째 단계에서는 열매의 특징을 가지고 비교를 진행하게 되어있는데 검색하려는 식물체에 꽃이나 열매가 없으면 검색은 첫 단계에서부터 중단되게 되어있으며 검색자는 할수없이 검색표의 모든 항목들을 다 읽어보면서 존재하는 형질들을 비교해보고 또 그림비교를 하면서 검색후보자를 찾지 않으면 안되게 되어있다.

반대로 여러경로검색표리용은 이러한 《검색중단》의 위험을 크게 줄이는데 검색표사용자는 형질특징을 리용하는 순서를 결정할수 있다. 즉 어떤 특징정보가 없다면 다른 특징을 선택하여 계속 검색을 진행할수 있다.

## 속검색표

1. 수꽃술은 서로 떨어져있거나 밑부분만 좀 붙어있다. .... 2  
+ 수꽃술은 서로 붙어서 1개 또는 2개의 묶음으로 되었다. .... 5
2. 풀이다. 잎은 3개의 쪽잎으로 된 겹잎이다. .... 1) 잠두싸리속 *Thermopsis*  
+ 보통나무이다. 잎은 깃모양으로 된 겹잎이다. .... 3
3. 꼬투리열매는 납작하며 마디는 잘록하지 않다. .... 2) 다릅나무속 *Maacia*  
+ 꼬투리열매는 둥근통모양이며 마디는 잘록하고 구슬이온 모양이다. .... 4
4. 기발꽃잎은 날개꽃잎을 덮는다. .... 3) 느삼나무속 *Echinosophora*  
+ 기발꽃잎은 날개꽃잎을 다 덮지 못한다. .... 4) 능암속 *Sophora*  
... ..

여러경로검색표는 서지상에 펼쳐놓기 불편하기때문에 전통적인 식물지나 전문저서로는 보급이 어렵다. 그러나 컴퓨터환경에서는 여러경로검색이 자기의 우점을 충분히 발휘할 수 있으며 컴퓨터호상작용검색의 한가지 기본원리로 될수 있다. 한가지 비교적 널리 리용되고있는 여러경로(호상작용)검색프로그램은 Delta-Intkey(<http://www.delta-intkey.com/>)인데 이것은 DELTA(Description Language for Taxonomy)계통에 기초하고있다.[10] 유사한 호상작용검색프로그램으로서 ActKey를 들수 있는데 이것은 《중국식물지》(영문판)에 응용되고있다. (<http://flora.huh.harvard.edu/china/ActKey/>)

우리 나라에서도 이러한 호상작용검색프로그램이 결씨식물과 고사리식물집단, 사파나무과, 범의귀풀과, 장미과, 배추과 등 속씨식물의 일부 집단들에 적용되어 형태형질에 기초한 여러경로검색이 가능해지게 되었으며 그것을 계속 확대하여 종합적인 《조선 전자식물지, 조류지》를 작성하기 위한 사업이 현재 진행중에 있다.[2-6]

## (2) 화상검색

살아있는 식물체나 표본을 얻을수 없는 상태에서는 찍은 식물사진을 가지고 일정한 정도에서 검색을 진행하는데 이것은 매우 유용한 방식으로서 망에서 정보전달이 편리한 오늘날에는 특히 그렇다. 이것 역시 검색자가 풍부한 분류검색경험을 가지고있을것을 요구하지만 사진을 구체적으로 분석하지 못하고 또 자세한 특징을 찍지 못했거나 자세히 볼수 없기때문에 전통적인 식물분류학자들에게는 화상검색이 아주 정확한 식물검색수단으로 여겨지지는 않는다. 비록 화상검색에 편리한 측면이 많다고 해도 의연히 검색대상의 형태특징에 대한 전문가의 파악에 의존하며 본질상 일종의 형태검색이다. 그러나 기술의 발전이 이에 더 무르지 않는 한 컴퓨터의 모식식별(pattern recognition)기술은 식물검색이 분류전문가의 제한에서 최종적으로 벗어나게 할수도 있다. 모식식별기술 즉 사람의 얼굴식별, 지문식별 등은 개인의 신분감별측면에서 이미 널리 응용되고있는데 이러한 기술을 응용하여 많은 식물종에 대하여 형질선발, 측정, 수학적모형화를 진행하면 식물화상에 대한 컴퓨터자동식별과 분류를 실현할수 있을것이다. 일부 사람들은 비록 번식기관이 가장 중요한 식물검색대상이지만 영양기관(예하면 식물의 잎)을 대상으로 하여 식물의 모식식별기술연구를 쉽게 진행할수 있다고 보고있다.[10] 특히 잎구조분석은 고식물학에서 중요한 화석검색기술로서 이미 완비된 체계와 분석방법을 세웠으며 잎구조자료도 점점 축적되고있는데 모식식별기술과 이러한 연구를 결합하여 진행하면 지능식물검색의 새로운 국면을 열어나갈수 있다.

### (3) 분자검색

분자검색은 생물개체간 상동인가 아닌가를 정확히 확정하는데 리용되는 하나의 방법이다. 매 종의 생물은 다 독특하고 안정된 DNA배열을 가지고있다. 현재 생물DNA배열의 코드정보를 쉽게 얻어 배열류사성을 비교하여 두 생물체가 같은가 혹은 어느 정도 류사한가를 확정할수 있다. 그러나 전세계의 종들을 대상으로 하여 만든 통일적인 DNA서고가 아직 없기때문에 미지식물재료의 DNA배열정보를 쉽게 얻을수 있다고 하여도 종기재문에서 조사, 비교를 진행할수 없다는 난문제가 있다. 때문에 급선무는 식물지에 기초하여 매 식물종들에 대한 DNA선부호서고를 만드는것이다.

효율높고 원가가 낮은 다음세대 유전자배열분석기술을 보급하기 전에 현단계에서는 전체 유전자배열에서 하나 혹은 여러개의 대표적인 DNA단편(DNA선부호)을 선택하여 종의 DNA신분식별서고를 구축하는것이 중요하다. 동물은 사립체유전자 Cox1유전자단편을 가지고있어 그것을 리상적인 DNA선부호로 할수 있지만 식물에서는 적합한 DNA단편을 선택하여 선부호로 리용하는데서 의연히 문제가 제기된다. 이미 rbcL+matK가 제3차 국제생물선부호대회가 확정한 핵심DNA선부호로 되었으며 중국식물선부호연구단체(China Plant BOL Group)는 ITS를 첨가한 씨앗식물의 핵심DNA선부호(rbcL+matK+ITS)를 제기하였다.[13]

식물종DNA서고를 작성하려면 먼저 매 종의 DNA시료를 얻어야 하는데 여기에도 문제점이 있다. 현재 대부분 식물종이 형태특징에 기초하여 정의되었기때문에 시료의 정확한 검색은 아직 형태검색에 의존해야 하며(비록 배열비교나 유전자계통수작성에 의거하여 종 검색결과에 대한 평가, 실험을 진행하여 일정한 증거를 얻을수도 있지만) 또 신중해야 한다. 왜냐하면 일단 시료검색이 잘못되면 종의 DNA신분도 정확하지 않기때문이다. 이와 같은 많은 식물종류에 대하여 전체 종DNA시료를 얻고 또 시료의 검색정확성을 보장하는 사업은 어렵고 방대한 기초작업이다.

표본관에 수집보관된 표본들 특히 원형표본들을 리용하는것이 효과적이기는 하지만 귀중한 표본의 가치에 손상을 주지 않으면서 정확한 DNA를 추출하기가 힘든것으로 하여 DNA시료채취는 대체로 야외채집에 의존하고있다. 한가지 유리한 조건은 현재 세계 많은 나라들과 기관들이 다 생물유전자원의 보호와 보존을 아주 중시하고있으며 유전자원수집에 적극적으로 나서고있는것이다. 어느 한 나라에서는 야생생물유전자원서고를 구축하고 위기 및 희귀식물, 특산식물, 경제적가치를 가지는 주요식물종들의 유전자원(씨앗, 어미식물에서 떨어진 재료, DNA재료 등) 7 500건을 수집보존하여 국가식물종DNA신분서고를 구축하기 위한 토대를 쌓았다.[14]

### 2) 기재(Description)

식물분류학은 수백년의 발전과정을 거쳤으며 이미 비교적 완성되고 규범화된 식물형태서술체계를 세우고 거의나 어떤 식물분류군에 대해서도 비교적 정확한 형태서술을 진행할수 있게 되었다. 이것은 라틴어를 국제공용어로 하여 교류와 리용에 편리하게 하였으며 매 나라들이 자기 나라 언어에 의하여 제정한 용어체계도 이미 점차적으로 완비되고있다. 전통적인 식물형태서술에서 쓰는 방식은 본문서술방식으로서 이것은 사람들의 언어와 론리습관에 부합되지만 컴퓨터에 의한 분석과 해독에는 불합리하다. 때문에 학자들은 본문서술의 방식을 컴퓨터론리에 맞는 코드형식으로 전환하여 분류군의 형태학적서술을 진행할것을 요구하고있다. 그러한 목적에서 나온것이 바로 DELTA체계이다. 이 체계는 현존 분류학

용어의 특징과 논리관계에 대해 표준화된 부호화처리를 진행하여 컴퓨터프로그램에 의한 해독, 자료비교, 통계분석에 편리하게 응용할수 있게 한다. 내용적으로 볼 때 DELTA체계의 수립은 식물분류학의 내용을 증가시키는것이 아니라 식물분류학에서 컴퓨터응용의 넓은 공간을 개척한것으로 된다. 이 체계는 본문서술형식의 전통식물지를 쉽게 생성하여 사람들이 읽을수 있게 하며 또 편리하게 자료출력도 진행할수 있고 식물계통발육분석이나 폭넓은 통계분석에 응용할수 있다. 이 체계는 또한 컴퓨터호상작용검색을 위한 프로그램개발의 토대를 닦아놓았다. DELTA체계는 이미 국제분류학자료기지원구조에 의하여 표준적인 자료조작체제로 정해졌으며 다음세대 식물지도 DELTA체계의 자료조작환경을 토대로 하여 작성되어야 한다고 보고있다. 명백한것은 식물지의 서술내용을 그대로 타자하여 작성한 문서가 그대로 다음세대 식물지로 되는것이 아니라는것이다.

### 3) 명명(Nomenclature)

현재의 식물명명체계는 스위스의 박물학자 린네에 의하여 세워진것으로서 여기서 중요한것은 2중명명법과 등급명명계통이다. 종전의 《국제식물명명법규》(International Code of Botanical Nomenclature: ICBN)는 현재 《국제 조류, 진균 및 식물명명법규》(International Code of Nomenclature for Algae, Fungi and Plants: ICN)로 되었는데 이것은 전세계 식물학자들이 모두 인정하고 리용하는 식물명명법규이다.

현재 생물명명의 대상에 따라 《국제 조류, 진균 및 식물명명법규》(ICN), 《국제재배식물명명법규》(ICNCP), 《국제동물명명법규》(ICZN), 《국제세균명명법규》(ICNB), 《국제비루스분류 및 명명법규》(ICVCN) 등 5개의 각이한 국제명명법규가 있다. 이 명명법규들은 그 제정근거, 준수규칙관례, 구체적인 명칭형식에서 많이 차이난다. 때문에 하나의 통일적인 생물명명법규를 작성해야 할 필요성으로부터 일부 학자들이 《생물법규초안》(Draft BioCode)을 제기하였는데 현재까지는 광범한 동의를 얻지 못하고있다.[10] 그러나 앞으로는 보다 공고하고 완성된 법규체계가 나와 다음세대 식물지도 현재의 국제식물명명체계와 일치성을 유지하면서 미래의 명명법규의 변혁에 충분히 적응할수 있게 될것이다.

### 4) 분류(Classification)

분류는 고전식물분류연구의 중요내용으로서 최초에는 인위적인것이였지만 1859년 다윈의 《종의 기원》이 발표된 후 자연분류어로 확고히 들어서게 되었다.

현대식물분류체계는 여러 학문의 연구성과들 특히는 분자계통학의 연구성과에 기초하여 수립되었다. 속씨식물계통발육연구그룹(Angiosperm Phylogeny Group: APG)이 이 부분의 연구에서 중요한 역할을 하고있다.[8] 이들에 의하여 제출되고 부단히 갱신된 APG체계(APG II & III)는 이미 보편화된 속씨식물분류체계로 되었다. 분자계통학적연구가 식물집단진화에 대한 인식을 크게 발전시킨다고 해도 중수준에서는 일련의 기본문제가 아직 해결되지 못하고있다. 즉 종이 객관적으로 존재하지만 어떻게 매 종에 대하여 하나의 명확한 《정의범위》를 감별근거로 주겠는가 하는것이다. 초기에는 형태학적특징을 리용하였고 현재는 분자적수단을 리용하여 각이한 식물종의 변이범위를 분석하지만 아직 식물종간형태변이의 련속문제, 종간유전변이의 중단문제 등이 해결되지 못했으며 또 종간유전변이의 분석결과가 형태형질연구결과와 반드시 일치한다고 하기도 어렵다. 이 문제를 해결하자면 계통발육의 분류계통학적연구의 틀거리내에서 이미 정의된 집단이나 매 종에 이르기까지 다시 연구하

고 그것들의 형태특징을 분석하며 종생식격리와 동반하여 형성된 형질진화를 알아보아야 한다.[9, 12, 15]

## 2. 다음세대 식물지의 개념과 주요내용

### 1) 다음세대 식물지의 개념

다음세대 식물지를 일명 iFlora라고 하는데 iFlora는 종정보통합(integrated), 인터넷(internet)기술, 응용지능화(intelligent) 등 매우 풍부한 내용을 담고있는 《i》와 식물지 《Flora》에 어원을 두고있다. 어떤 나라들에서는 eFlora 즉 전자식물지라고도 부르고있는데 이러한 전자식물지는 식물정보의 검색과 조사를 보다 편리하게 할뿐아니라 자료기지정보를 즉시 갱신하게 하므로 식물학부문에서 보다 높은 수준의 식물지를 완성할수 있는 공고한 기초로 된다고 보고있다.[7, 15]

iFlora는 식물종검색과 자료추출을 위한 열린체계(지능장치)로서 전통적인 식물분류학 및 련관학문들의 연구성과에 기초하고있을뿐아니라 고속컴퓨터정보화, 망기술에 기초한 종정보수집과 관리에 현대적인 DNA배렬기술을 통합하고있어 컴퓨터분석을 할수 있는 유리한 점이 많다. 이미 식물유전자원의 수집과 보존사업에서는 전지구적범위에서 많은 전진이 이룩되었지만 식물종자체의 복잡한 생물학적특징, 련관정보의 불안전성 및 수집보존리용과정에서 전문인재가 부족하고 일정한 정도에서 야생식물유전자원의 보존과 리용이 제약받고있는 문제를 해결하기 위한 방도로서 세계적으로 iFlora계획이 작성되고 집행되고있다. iFlora의 목적은 식물에 대한 지식을 쌓고 식물종의 기초검색, 안내검색, 전문가호상작용검색 등 식물자료와 종검색에서 신속성을 보장하자는데 있다.[9-11, 14, 15]

iFlora는 식물분류학, 진화생물학, 생태학, 계통발생학, 생물지질학, 보호생물학, 기타 련관학문들과 DNA배렬결정기술, 컴퓨터정보기술, 현대적인 종검색기술, 지리정보체계 등 첨단기술을 필요로 하는데 아무리 현대적인 과학기술에 의하여 만들어졌다고 하는 iFlora도 식물다양성의 복잡성으로 하여 식물종검색과 분류에 대한 방법의 적당한 리해가 없으면 정확한 검색을 담보할수 없다. 그러므로 iFlora가 합리적이고 현대적인것으로 되자면 다음의 요구사항에 맞추어 작성되어야 한다고 보고있다.

① 방대한 자료들이 본질적으로, 련관성있게 배열되어있어야 한다.

② 자료들이 표준화되어야 한다.

③ 자료입력과 관리가 편리하고 효율적이며 방대한 규모의 자료공유와 세계적범위에서의 자료교환이 가능해야 한다.

이러한 iFlora는 정확하고 유효한 종정보서고를 만들고 주요종검색자료기지를 리용하는것으로 하여 전통식물지들과 본질적으로 차이다. 지금 전통식물지를 리용한 검색의 불합리성을 극복하기 위하여 도이칠란드, 오스트랄리아, 중국, 체스꼬, 로씨야, 에스빠냐를 비롯한 세계의 많은 나라들에서 식물표본들을 포함한 종자료기지를 구축하고 가상표본관(Virtual Herbarium), 수자식물원을 운영하고있는데 이것은 바로 iFlora개발과 련관되어있다.[11, 12]

세계적으로 진행되고있는 iFlora의 개발동향을 다음과 같이 묶어볼수 있다.

첫째로, iFlora를 리용하는 모든 사용자들이 식물종검색과 정보수집을 빠른 시간에 정

확히 할수 있도록 봉사화되어가고있는것이다.

iFlora는 우선 그 대면부설계에서 간결하고 직관적이며 일목료연하다. 또한 HTML언어와 Photoshop을 리용하여 망상에서 검색을 가능하게 하고 화상자료의 해상도를 높여 편리성을 도모한다. 이와 함께 신속검색, 고급검색, 목록번호검색, 집단검색, 모호검색을 비롯하여 다양한 검색방식을 제공한다.

둘째로, iFlora의 정확성을 높이기 위하여 전통적인 검색방법에서 완전히 벗어난 유전자표식자에 의한 검색방식을 적극 받아들이고있는것이다.

모든 생물들은 DNA를 가지고있으며 생물종에 따라 발현되는 유전자가 서로 다르다. 전통적인 검색방법에서는 기본구조형태에서의 차이로 종을 분류하였지만 같은 과 또는 속에 들어있는 종인 경우 특히는 품종과 종, 아종과 종사이는 매우 류사한것으로 하여 분류하기 어려운 경우가 적지 않다. 이를 위해 유전자표식자에 의한 DNA선부호(barcoding)기술을 받아들여 검색에서의 혼잡을 극복하려고 하고있다. DNA선부호기술은 매 종의 유전자배렬자료들에 기초하여 그 배열상동성을 비교하는 방식으로 종간상동성을 비교하고 표식자를 리용하여 종을 검색하는 새로운 기술이다. DNA선부호기술에서 적극 활용되는 대표적인 표식자들로서는 rbc L, mat k, trn H-psb A, ITS 등을 들수 있다.[11, 14, 15]

셋째로, iFlora의 편리성을 보장하기 위하여 전통적인 검색방법을 계승한 화상자료에 의한 검색방식을 적극 받아들이고있는것이다.

다음세대 식물지에서 리용하는 화상자료에 의한 검색방법은 전통적인 식물지에서와 같이 단순한 비교가 아니라 컴퓨터모식식별기술을 응용하여 식물체의 모든 부분의 특징에 대한 추출, 측정, 수학적모형화를 진행하며 그에 기초하여 식물화상(종류)에 대한 컴퓨터자동식별과 분류를 진행할수 있게 하는 방법이다. 이를 실현하기 위해서는 모든 식물종에 대한 화상자료가 자료기지화되어있어야 한다. 이 자료기지에 기초하여 읽어들이는 화상자료(표본)와 자료기지의 화상자료를 대비분석하여 종을 분류, 결정하여 출력시키는 방식이 도입되고 있다. 어느 한 나라에서는 잎에 대한 일반수자식사진기와 스펙트르영상촬영기의 영상을 결합하여 식물종의 분류동정정확성을 97.6%까지 높이고있으며 일부 나라들에서는 씨앗의 형태다양성을 자료기지화하고 그에 기초하여 종분류검색을 진행하려고 하고있다. 또한 어느 한 나라에서는 WSN(Wireless Sensor Network)기술과 그에 맞는 전용프로그램을 개발하여 정보말단장치를 통해 요구하는 항목을 입력하면 해당한 식물종이 검색, 현시되게 하였다.[9]

총적으로 볼 때 식물검색분야에서는 iFlora를 리용하여 일반사람들도 식물검색을 쉽게, 간편하게 하도록 하는데 모를 박고 연구가 활발히 진행되고있다.

## 2) 다음세대 식물지개발의 주요내용

실물서고, 유전정보획득체계, 수자화정보자료기지, 컴퓨터분석체계의 구성 및 이것들사이의 긴밀한 유기적연관은 다음세대 식물지 iFlora개발의 주요내용으로 된다.

### (1) 실물서고

다음세대 식물지보급의 실물서고는 주요하게 식물표본, 식물분자재료, 식물 총DNA서고이다. 실물서고는 창조된 전자식물지의 주요물질기초로서 실물서고를 통하여 식물표본관, DNA서고 등 실물저장과 종관련정보를 저장하고 확보할수 있다. 다른 한편 이런 서고에 보관한 실물은 식물학연구에서 새로운 기술과 방법의 응용을 위한 위력한 재료제공을 충분

히 담보할뿐아니라 새것과 이전의 연구성과를 연계짓고 비교하는 주요공간으로 된다.

실물서고를 마련하는데서 중요한 자리를 차지하는것은 무엇보다도 식물표본이다. 250여년의 표본채집과 연구과정을 거쳐 식물표본의 채집과 보존은 비교적 표준적인 규범체계를 갖추었으며 세계적으로 3 400여개의 식물표본관에 보관되어있는 거대한 식물표본들은 식물지편찬연구와 분류학자들이 리용하는 주요도구, 보배재부로, 종정보의 주요체현자로 되고있다.[11, 14] 현재 야외표본채집사업은 이미 있는 표본이 제공한 분포구와 검색정보에 의거하여 진행되며 그가운데서 원형표본은 그 무엇도 대신할수 없는 중요한 역할을 한다. 최근 분자생물학의 발전과 함께 DNA추출기술과 방법이 부단히 발전하면서 식물표본도 유전정보의 획득연구에 점점 더 많이 리용되고있으며 따라서 이미 마련된 식물분자재료와 식물 총DNA서고에 대하여 연구자들이 점점 더 중시하고있다. 식물분자재료로는 주로 급속히 탈수건조한 식물잎, 씨앗 또는 기관을 적당한 조건에서 장기보존한것을 리용할수 있는데 만일 채집과 보관을 표준에 따라 엄격히 하여 분자재료서고를 갖추면 수백년후에도 수집된 그 재료로부터 연관유전정보를 얻을수 있을것으로 보고있다. 식물분자재료서고의 구축은 식물유전정보재료를 아주 손조롭게 장기보존할수 있으며 식물학연구를 위한 실험재료를 아주 빨리 제공할수 있고 동시에 새로운 기술과 새로운 방법을 식물학연구에 응용할수 있는 자원을 저축하는것으로 된다.

실물서고구축에서 다음으로 주목되고있는것은 DNA선부호기술이다. 지난 시기 DNA선부호가 정식 나오기 전에 새로운 기술과 전통적인 분류체계를 서로 결합하여 DNA분류체계를 세우고 수세기동안 축적된 귀중한 정보들을 충분히 리용하며 분류학자들의 전문기술과 경험을 지식화하고 DNA배열을 리용한 분석을 전통적인 분류방법의 위력한 보조수단으로 하여 집단 및 종검색에 응용하여야 한다고 주장한 학자들이 있었다.[15] 현재 DNA선부호기술은 이미 분류학이 관심하고 중시하는 새로운 기술로 되었으며 조작의 간편성과 효과성은 종검색과 진화력사연구를 보다 촉진시킬것으로 보고있다. 국제생물선부호계획은 앞으로 20년안에 완전한 DNA선부호체계를 세울것을 발기하였다. 국제생물선부호계획은 모든 DNA추출물, 모든 배열자료기지를 전지구적범위내에서 통일적으로 관리하고 세계가 공유하며 생물다양성평가와 종검색의 기초로 삼으려고 하고있다. DNA는 식물재료에서 쉽게 추출할수 있고 특수처리하여 저온조건에서 장기적으로 안정하게 보존할수 있으며 동시에 각이한 목적에서 주요유전자를 클론화하여 DNA 및 cDNA서고를 구축하여 원천을 보존할수 있다. 때문에 DNA서고를 《시대문화유물저장용기》라고 부르는데 달리말하면 그것은 일종의 행동한 유전자자원이며 잠재적인 가장 안정한 생식질보존방식이다.[15]

## (2) 유전정보획득체계

유전정보는 바로 전통식물지와 구별되는 iFlora의 새로운 내용이며 iFlora는 종의 빠른 검색에 리용되는 주요경로이다. iFlora의 작성과 응용기술은 지능화를 실현한 관건적인 핵심기술중의 하나이다. 최근 20년동안 유전정보는 식물과학의 많은 영역에 광범히 응용되었다. 지난 세기 80년대초에 유전정보가 종검색과 생물다양성연구에 리용되기 시작하였으며 90년대에 이르러서는 생물학의 여러 영역의 연구에서 그 중요성이 비할바없이 커졌다. 2003년 일부 학자들이 DNA선부호를 생물의 신속검색에 리용할데 대하여 제기하였으며 어떤 유전정보가 빠른 종검색에 리용될수 있는가 하는것이 생물학연구의 열점으로 되었다.[10, 11, 14, 15] 현재 핵심적인 DNA선부호들은 기본적으로 확정되었으며 이것을 지리분포 등의



정보와 결합시킨 생물검색기술이 커다란 응용가치를 가지게 되었다. 그러나 종수가 비교적 많은 속에 대해서는 속내 감별능력이 훨씬 강화된 DNA단편과 분자표식자를 도입하여야만 성과를 거둘수 있다. 현재 일반분자생물학실험설비와 우수한 실험기술체계에 의거하여 필요한 유전정보들을 비교적 빨리 획득할수 있는데 새 세대 배렬분석기가 출현하면 유전정보를 더 빨리 획득할수 있는 가능성이 생기게 된다. 최종목표는 통합지능화된 후대용유전정보획득설비인데 배렬측정접수 등 기술의 제한성으로 현재 연구제작하고있는것은 그 크기가 차크기만 하다. 이러한 체계는 비교적 작은 실험장치와 빠른 유전정보획득실험기술체계를 요구한다. 그러한 기술들로는 신속다량화된 DNA추출기술, 다중초고속의 목적단편증폭기술, DNA배렬결정기술 등을 들수 있다.

### (3) 수자화정보자료기지

종관련정보의 수자화와 보관관리는 iFlora응용의 전제이다. 수자정보의 종류와 질, 수자화정보량, 수자화정도 등은 iFlora의 실용성을 결정한다. 현재까지 연구축적된 종정보는 응당 식물형태형질, 서식특성, 지리분포특성(GPS정보 등), 염색체, 2차대사산물, 용도, 사진, 유전정보 등을 포함해야 한다. 실례로 한장의 고화질사진은 완전한 식물체 특히 종의 중요한 감별특징인 꽃, 열매가 있을 때 사진비교로 검색을 진행할수 있으며 만일 식물이 어리거나 식물잔해와 같이 식물형태특징을 완전히 잃어버린것이라면 식물유전정보를 리용하고 식물특성, 지리분포 등 일련의 보조정보를 결합해야 종검색을 완성할수 있다. 마찬가지로 채집식물의 형태형질을 가지고 검색을 진행하려면 식물종들의 형태형질정보들이 자료기지에 축적되어있어야 한다. 일단 종이 정확히 검색되면 연관된 여러 정보들을 쉽게 얻을수 있고 임의의 시간, 임의의 지점에서 종을 인식하고 그 연관정보들을 얻는데 대단히 편리하다. 때문에 종수자화정보서고는 부단히 갱신, 완비되는 체계여야 한다. 현재 우리 나라에서도 식물종관련정보를 수자화하기 위한 사업이 일정하게 추진되어 적지 않은 성과[3-6]가 이룩되었다.

### (4) 컴퓨터분석체계

iFlora를 이루는 매 요소는 고도의 통합과 집종의 특징을 가진다. 또한 막대한 량의 수자화정보가 부단히 갱신되고 완비되어야 하는데 이것은 컴퓨터수자화와 열린 컴퓨터처리봉사환경에서만 실현가능하다. 때문에 수자화정보의 컴퓨터분석체계는 전체 iFlora장치에서 중추적인 작용을 한다. 열린 수자화정보서고는 전문 및 비전문성원을 위해 유용한 수자화정보를 제공하며 컴퓨터분석계통을 통해 세계 임의의 지방에서 수자화정보서고를 갱신, 완비할수 있으며 새로 채집한 식물정보 또는 요구되는 정보에 대한 분석처리를 진행하여 즉시 분석결과를 얻을수 있다.

## 3) 다음세대 식물지개발에서 제기되는 주요문제들과 그 해결방법

### (1) 종채집과 검색의 곤란

iFlora의 개발은 무엇보다먼저 종의 여러가지 정보를 찾아 대응한 표준자료서고를 만들것을 요구한다. 때문에 종의 채집과 정확한 검색은 이후의 모든 사업의 전제로 된다. 경제가 급속히 발전하면서 인류활동은 생물다양성존재에 커다란 영향을 주는데 많은 종들이 점점 채집하기 어려워지고 채집한 표본의 정확한 검색도 분류학자들의 경험에 크게 의존하고있다. 그런데 최근 학문의 발전이 불균형적이고(특히 분자생물학기술의 식물분류와 계통학령역에로의 침투와 영향) 전통분류연구자가 점점 적어지고있는데로부터 새 세대 분류

학자들을 양성하는것이 절박한 문제로 나선다. 동시에 어떻게 하면 여러 세대 분류학자들이 축적한 보관표본을 리용하여 종정보 특히는 유전정보를 얻어 자료서고를 구축하며 련관된 연구를 진행하겠는가 하는데 큰 관심이 돌려지고있다.

### (2) 통일적이고 규범화된 표준작업공정의 실행

iFlora의 개발은 복잡한 계통공정으로서 여러 학문, 여러 집단들의 협동연구에 의해서만 완성될수 있기때문에 통일적이고 규범화된 표준작업공정을 제정하고 엄격히 실행할것을 요구한다. iFlora의 연구대상은 수백만을 헤아리는 식물종이며 종정보는 바로 전통분류학의 형태, 지리분포 등의 자료와 종유전정보를 포함하고있다. 그러므로 매우 다양화된 정보를 획득하고 통합하는데 식물분류학자들과 정보기술전문가들을 비롯한 여러 부문의 각이한 연구진영이 협동할것을 요구한다. 때문에 iFlora작성은 거대한 사업이며 진행과정이 오래고 종실물수집, 정보수집, 새로운 자료산생, 자료정보통합전환, 정보입력/출력 등과 같은 복잡한 체계이다. 때문에 반드시 규범화된 표준작업공정과 통일적인 작업틀거리, 엄격한 실행이 필요하다.

### (3) 여러 경로의 분석비교도구

지난 시기의 종검색은 주로 전문강습을 받은 경험있는 분류학전문가가 종표본과 전문서적의 방조하에 진행하였으며 종에 대한 인식도 분류전문가의 개인적지식으로만 되었다. 그러나 어떤 특수정황이나 목적에 맞다들면(예하면 지나치게 가공된 시료나 생물조각 등을 대상할 때) 검색하기가 매우 어렵다. 때문에 일반사람들을 포함하여 각이한 사용자들이 리용할수 있게 하기 위해 여러 경로 분석비교도구를 개발하는것은 iFlora개발과정에서 중요한 것이며 또한 어려운 사업이다. 주요분석비교도구에는 두가지가 있다. 사진과 도형의 류사성에 기초한 비교도구와 유전정보수자화에 기초한 비교도구이다. 도형류사성식별기술은 이미 정보화령역의 많은 측면에 널리 응용되고있다. 어느 한 학자가 쓴 《도해식물학사전》(Plant identification terminology: An illustrated glossary)은 식물학분류용어를 도형화하고 사진, 그림 식별기술을 리용하며 종관련정보(예하면 분포구와 생활특성 등)를 재결합하여 사용자가 주동적으로 판단하도록 인도한다. 유전정보수자화에 기초한 종검색방법개발사업이 현재 본격적으로 추진되고있는데 그 대표적인것이 최근에 많이 리용되고있는 DNA선부호종검색이다. ITS, rbcL, matK는 현재 널리 알려진 식물검색선부호로서 이러한 선부호정보는 수자화를 거친 후 식물검색에 비교적 편리하게 리용될수 있다.[10, 13, 15]

iFlora계획은 생태학적자료, 지리분포자료, 분류계통자료, DNA선부호자료, 계통학자료 등 여러 정보들을 통합하고 식물종의 신속검색과 종한계확정, 우선보호대상의 확정을 비롯한 생물다양성연구에서 중요한 역할을 한다. 그밖에 분류학전문가가 부족한 현재의 조건에서 iFlora계획은 이 부족을 메꾸고 식물유전자원의 수집과 보존을 힘있게 전개할수 있는 믿음직한 정보를 제공하며 해당 부문이 보호활동계획을 제정할수 있는 과학적근거를 제공할수 있다.

야생식물유전자원의 조사, 수집, 보존과정에 산생된 자료도 iFlora의 련관종정보를 보충하고 갱신할수 있으며 종보호와 지속적리용을 위한 중요한 정보와 자료를 제공할수 있다.

멀지 않은 앞날에 사람들은 무심히 맞다든 식물의 꽃이나 열매를 휴대용iFlora지능장치(그림)로 사진찍어 그 자리에서 검색을 진행할수 있으며 동시에 종과 관련한 모든 정보(예하면 종의 이름, 열매를 먹을수 있는가 없는가 등)를 다 알수 있게 될것이다. 또한 휴대용 iFlora지능장치로 식물체에서 유전정보를 획득하여 자체의 자료기지와 비교분석하여 종을 검

색하게 될것이다. 때문에 iFlora지능장치는 식물학 및 연관학문의 발전, 생물다양성보호와 자원의 지속적리용 등의 영역에서 효과적으로 리용될수 있으며 식품안전, 산업부분과 교육, 봉사 등의 부문에서도 중요한 응용적가치를 가지게 될것이다. 그렇다고 이러한 지능장치가 모든 문제를 해결할수 있는 절대만능의 장치로 된다고는 말할수 없다. 전문가대렬이 줄어들고있는 식물분류학부문에 대한 교육사업, 후비육성사업에 응당한 관심을 돌려야 할것이다.

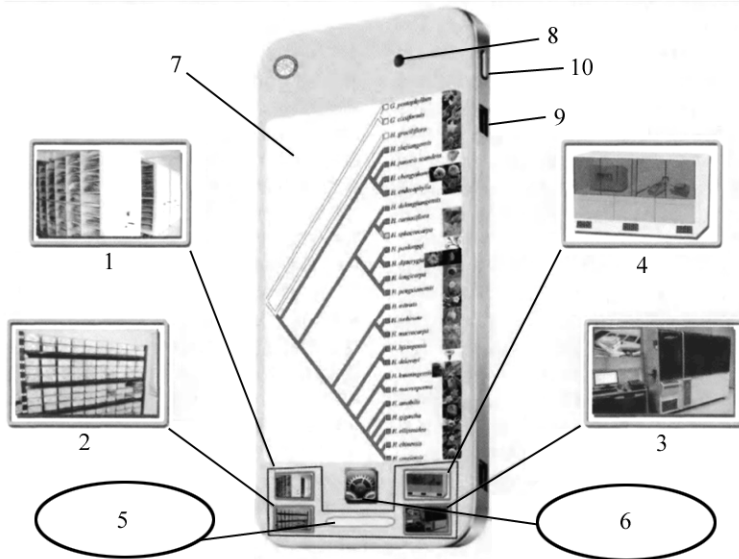


그림. iFlora지능장치의 개념도

- 1- 표본창고, 2- 분자재료서고, 3- 종DNA서고(bank),  
 4- 유전정보고효율획득체계, 5- 종수자화정보서고  
 (species digital library), 6- 자료기지정보분석비교 및  
 컴퓨터운영봉사체계(cloud service system), 7- 종정보  
 연시 화면, 8- 화상정보채집(acquisition)계통,  
 9- 자료정보입/출력, 10- 기능건

## 맺 는 말

전통적인 식물분류에서 종의 검색, 기재, 명명과 분류작업은 의연히 식물계통학과 연관학문들의 기초로 되며 이 분야의 연구성과인 전통식물지는 분류학, 분자생물학, 식물계통학 및 생물다양성정보학, 컴퓨터과학을 결합시켜 종합적으로 응용하는 방향으로 확대된 새세대 식물지로 전환되고있다.

다음세대 식물지 iFlora는 실물서고, 유전정보획득체계, 수자화정보자료기지, 컴퓨터분석체계를 유기적으로 연관시켜 개발할것을 요구하며 현 단계에서 선행되어야 할것은 정확하고 효과적인 형태형질자료와 분자자료 등을 포함한 종정보서고, 종검색자료기지를 구축하는것이다.

## 참 고 문 헌

- [1] 임록재 등; 조선식물지 1(증보판), 과학기술출판사, 12~342, 1996.
- [2] 신명호 등; 자연과학논문집 68, 김일성종합대학출판사, 120, 주체93(2004).
- [3] 신명호 등; 생물학, 1, 25, 주체96(2007).
- [4] 오철수 등; 조선민주주의인민공화국 과학원통보, 1, 46, 주체91(2002).
- [5] 홍성철; 생물학, 3, 10, 주체100(2011).
- [6] 박명화 등; 김일성종합대학창립 70돛기념논문집, 고등교육도서출판사, 119, 주체105(2016).
- [7] H. Walter Lack et al.; Flora's treasures, BGBM, 130, 2012.
- [8] M. G. Simpson; Plant Systematics, Elsevier Academic Press, 603, 2006.
- [9] 杜燕 等; 植物分类与资源学报, 35, 6, 774, 2013.
- [10] 方伟 等; 植物分类与资源学报, 34, 6, 532, 2012.
- [11] 方涛 等; 植物分类与资源学报, 35, 6, 687, 2013.
- [12] 梁志敏; Digital Library Forum, 10, 113, 63, 2013.
- [13] 唐敏 等; 植物分类与资源学报, 35, 6, 769, 2013.
- [14] 杨湘云 等; 植物分类与资源学报, 34, 6, 539, 2012.
- [15] 曾春霞 等; 植物分类与资源学报, 34, 6, 555, 2012.

주체107(2018)년 4월 5일 원고접수

## On the Next Generation Flora

*O Chol Su, Sin Myong Ho*

Traditional flora, which is a taxonomic specialized book that describes plant kinds of a country or a region, is being developed to a next generation flora (also called e-Flora or iFlora) by combining of taxonomy, molecular biology, plant systematics, biodiversity informatics and computer science.

The “i” of iFlora is derived from integration of species information, internet technology and intelligent application. For development of iFlora, constructing of species library including accurate and effective morphological traits and molecular data and database to identify species is a prime task.

Key words: taxonomy, flora, e-Flora