생물다양성데이터 활용을 위한 국가 데이터노드(KBIF) 구축

글 _ 박형선, 안성수, 양진호, 권창혁 · 생명정보시스템응용실 · seonpark, ssahn, spearjin, narrowpath@kisti.re.kr

1. 서론

최근에 컴퓨터가 널리 보급되고 정부의 정보화 사업이 진행되면서 자연사 박물관, 동물원, 식물원 등의 생물다양성데이터(표본, 관찰 데이터 등)가 데이터베이스로 구축되고 웹을 통한 서비스가 이루어지고 있다. 그렇지만 생물다양성데이터의 데이터베이스 구축에 집중한 나머지 보다 효과적인 데이터 교환에 신경 쓰지 못한 점을 인정하지 않을 수 없다. 그리하여 같은 기관 또는 다른 기관의 데이터베이스를 이용하려 할 경우 공통된 데이터의 표준 형식, 데이터 교환 프로토콜이 없어 중간단계의 임시 랩퍼(wrapper) 또는 계층(layer)을 구현해야 했기 때문에 생물다양성데이터 시스템의 확장성과 유용성 등의 문제가 있음이 지적되고 있다.

이러한 생물다양성데이터의 효과적인 정보 공유와 용이한 데이터 교환을 위해 생물다양성에 관련한 여러 국제기구에서는 데이터 표준 및 데이터 교환 프로토콜을 만들어 이를 따르는 소프트웨어를 개발하여 사용하고 있다. 국내에서는 현재 KISTI에서 국내의 표본, 관찰 데이터 등을 표현할 수 있는 데이터 표준(스키마)을 연구하고 있다.

본 논문에서는 국외의 생물다양성데이터 표준과 데이터 교환 프로토콜에 대해 서술하고 이러한 데이터 표준과 프로토콜을 기반으로 세계 여러 나라의 생물다양성데이터를 자유롭고 범용적으로 이용할 수 있도록 하는 것을 목적으로 하는 국제생물다양성정보기구(Global Biodiversity Information Facility, 이하 GBIF)의 활동에 대해 알아보고자 한다. 또한 GBIF의 활동에 협력하면서 국가 데이터노드 구축을 통하여 국내의 생물다양성데이터를 보다 효과적으로 활용할 수 있는 방안을 제시하고자 한다.

2. 생물다양성데이터 표준 및 데이터교환 프로토콜

2.1 DarwinCore 데이터 형식

자연사 소장 자료(natural history collection)와 관찰 데이터 수집물은 어느 특정 시공간에서의 한 개체의 자세한 관찰 내용을 포함하는 일련의 관찰 결과이다. 소장자료의 경우 한 개체를 현장에서 수집하여 영원히 보존하기 때문에 계속해서 그 개체를 관찰할 수 있다. 수집된 표본은 상황에 따라 표피, 골격, 현미경 슬라이드 등의 다양한 방법으로 보존되어 각기 다른 데이터로 기록될 수 있다. 관찰 데이터 수집물은 어느 한 개체를 수집하지 않는다는 점에서 차이가 있지만 역시, 특정 시공간에서 개체에 대한 관찰기록 목록이다. 두 가지 경우 모두 분류학자 또는 관찰자는 관찰된 개체에 대해 정확한 분류학적 식별을 하고 이러한 데이터를 통하여 우리는 한 개체의 분류 군(taxa)에 대한 과거의 지정학적 분포 또는 시간이 경과함에 따라 분류 군이 어떻게 변해왔는지 등을 알 수 있다.

많은 자연사 소장자료는 현재 부분적으로 디지털화 되어 데이터베이스에 저장되고 있고 각 소장자료의 특성에 맞게 데이터베이스 콘텐츠, 스키마, 구조 등이 결정된다. 그렇지만 수많은 소장 자료와 관찰 데이터의 내용에는 일련의 공통성이 존재하고 이를 이용하여 생물다양성데이터를 검색하고 데이터베이스를 접근할 수 있다. 이렇게 생물개체의 공통된 특성을 추출하여 생물다양성데이터의 접근을 쉽게 할 수 있도록 만든 형식이 DarwinCore 데이터 형식이다.

DarwinCore 데이터 형식은 XML 스키마로 정의되고 총 48개의 항목(Element) 중 5가지 항목은 필수이고 나머지 항목은 선택적이다. (〈표 1〉에서 '*'가 있는 것

이 필수 항목이다.)
(참고: http://digir.net/schema/conceptual/darwin/2003/1.0/darwin2.xsd)

DateLastModified*	InstitutionCode*	CollectionCode*	CatalogNumber*
ScientificName*	BasisOfRecord	Kingdom	Phylum
Class	Order	Family	Genus
Species	Subspecies	ScientificNameAuthor	IdentifiedBy
YearIdentified	MonthIdentified	DayIdentified	TypeStatus
CollectorNumber	FieldNumber	Collector	YearCollected
MonthCollected	DayCollected	JulianDay	TimeOfDay
ContinentOcean	Country	StateProvince	County
Locality	Longitude	Latitude	CoordinatePrecision
BoundingBox	MinimumElevation	MaximumElevation	MinimumDepth
MaximumDepth	Sex	PreparationType	IndividualCount
PreviousCatalogNumber	RelationshipType	RelatedCatalogItem	Notes

〈표 1〉 DarwinCore 항목

2.2 DiGIR(Distribute Generic Information Retrieval) 프로토콜

DiGIR는 분산된 자원(XML 스키마를 따르는 생물다양성데이터, 생물다양성 데이터베이스)의 정보를 검색하기 위한 클라이언트/서버 프로토콜로 HTTP상에서 XML 메시지를 주고 받는데 사용된다. DiGIR 프로토콜은 CODATA(Committee on Data for Science and Technology)의 실무그룹(Biological Collection Data)과 TDWG(Taxonomic Data Working Group)에서 정의하였고 현재 DarwinCore 형식의 데이터를 교환할 때 사용할 수 있도록 소프트웨어 패키지가 제공된다. DiGIR는 현재 오픈 소프로 PHP, Java로 개발되고 있으며 http://digir.sourceforge.net를 방문하면 자세한 정보를 알 수 있다.

DiGIR 프로토콜에는 3가지의 메시지 타입이 존재한다.

* Metadata: 데이터 제공자(Data Provider)와 자원의 메타데이터 정보를 검색한다.
* Inventory: 하나의 개념과 관련된 일련의 값을 검색한다.
* Search: 검색 기준에 따라 표본 및 관찰 레코드를 검색한다.

〈표2〉, 〈표3〉은 데이터 제공자의 Metadata의 요청(request)과 응답(response) 메시지의 예를 표시하고 〈표4〉 Inventory 요청, 〈표5〉는 Search 요청 메시지의 예이다.

```
〈request xmlns="http://digir.net/schema/protocol/2003/1.0"
xmlns:digir="http://digir.net/schema/protocol/2003/1.0"
xmlns:dwc="http://digir.net/schema/conceptual/darwin/2003/1.0"
... 〉
  〈header〉
    〈version〉1.0.0〈/version〉
    〈sendTime〉20040902T020148+0900〈/sendTime〉
    〈source〉150.183.235.157〈/source〉
    〈destination〉http://www.kbif.re.kr:7890/digir/DiGIR.php〈/destination〉
    〈type〉metadata〈/type〉
  〈/header〉
〈/request〉
```

〈표 2〉 DarwinCore Metadata 요청

```
〈?xml version="1.0" encoding="utf-8"?〉
〈response xmlns="http://digir.net/schema/protocol/2003/1.0"〉
  〈header〉
    〈version〉$Revision: 1.12 $〈/version〉
    〈sendTime〉02-09-2004 01:11:36+0900〈/sendTime〉
    〈source〉http://www.kbif.re.kr:7890/digir/DiGIR.php〈/source〉
    〈destination〉150.183.235.157〈/destination〉
  〈/header〉
  〈content〉
    〈metadata〉
      〈provider〉
        〈name〉Korean Biodiversity Information Facility (KBIF)〈/name〉
        〈accessPoint〉http://www.kbif.re.kr:7890/digir/DiGIR.php〈/accessPoint〉
        〈implementation〉$Revision: 1.12 $〈/implementation〉
        〈host〉
          〈name〉Korean Biodiversity Information Facility (KBIF)〈/name〉
          〈code〉KBIF〈/code〉
          〈relatedInformation〉http://www.kbif.re.kr〈/relatedInformation〉
          〈contact type="technical"〉
            〈name〉Sungsoo Ahn〈/name〉
            ...
          〈/contact〉
          〈abstract〉KBIF Participant Node〈/abstract〉
        〈/host〉
        〈resource〉
          〈name〉The Korean Freshwater Fish〈/name〉
          〈code〉infish〈/code〉
          〈relatedInformation〉http://ruby.kisti.re.kr/~infish/fish_eng/〈/relatedInformation〉
          ...
        〈/resource〉
  〈/content〉 ...
〈/response〉
```

〈표 3〉 DarwinCore Metadata 응답

```
〈request xmlns="http://digir.net/schema/protocol/2003/1.0"
...〉
  〈header〉
    ...
    〈type〉inventory〈/type〉
  〈/header〉
  〈inventory〉
    〈dwc:ScientificName/〉
    〈count〉true〈/count〉
  〈/inventory〉
〈/request〉
```

〈표 4〉 DarwinCore Inventory 요청

```
<request xmlns="http://digir.net/schema/protocol/2003/1.0"
...>
  <header>
    ...
    <source>150.183.235.157</source>
    <destination resource="infish">http://www.kbif.re.kr:7890/digir/DiGIR.php</destination>
    <type>search</type>
  </header>
  <search>
    <filter>
      <equals>
        <darwin:ScientificName>Abbottina springeri (BANARESCU and NALBANT, 1973)
        </darwin:ScientificName>
      </equals>
    </filter>
    <records limit="5000" start="0">
      <structure
schemaLocation="http://digir.sourceforge.net/schema/conceptual/darwin/full/2003/1.0/darwin2full
.xsd"/>
    </records>
    <count>true</count>
  </search>
</request>
```

〈표 5〉 DarwinCore Search 요청

2.3 ABCD (Access to Biological Collection Data) 데이터 형식

DarwinCore는 분산된 생물다양성데이터 제공자의 데이터를 통합할 수 있도록 여러 프로젝트에 효과적인 기반을 제공하였지만 DarwinCore에서 현재 제공하고 있는 항목은 동물학 데이터에 편중된 특징이 있어 박테리아, 균류, 식물, 원핵 생물, 바이러스 등의 데이터의 범위를 포함하는 데는 한계가 있었다.

이러한 문제를 해결하기 TDWG에서 2000년부터 ABCD 스키마가 개발되고 있고 광범위한 관련 프로젝트에서 호평을 받아 새로운 데이터 표준으로 자리 매김하고 있는 상태이다.
(참고:http://bgbm3.bgbm.fu-berlin.de/TDWG/CODATA/Schema/default.htm)

ABCE 스키마는 크게 OriginalSource, DatasetDerivations, Units 항목으로 구분되고 버전 1.2는 총 371 개의 항목을 가지고 있다. 이 스키마는 DarwinCore보다 복잡하고 계층적이지만 필수 항목은 SourceInstitutionCode, SourceName, SourceLastUpdatedDate, DateSupplied, UnitID 5가지이고 그 외의 항목은 선택적이다.

다음은 ABCD 스키마를 따르는 XML 문서의 예이다. 현재 ABCD 스키마 버전 1.2는 GBIF와 BioCASE(A Biological Collection Access Service for Europe) 네트워크에서 데이터 교환 형식으로 사용되고 있다. 700여 개의 항목을 가지고 있는 버전 1.49는 TDWG에 표준초안(Draft Standard)으로 제출되어 스키마에 대한 의견수렴을 진행하고 있다.

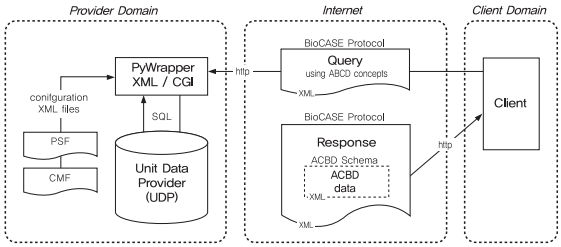
```
<?xml version="1.0" encoding="UTF-8"?>
<!--Sample XML file generated by XMLSPY v2004 rel. 2 U (http://www.xmlspy.com)-->
<DataSets xmlns="http://www.tdwg.org/schemas/abcd/1.2"
xmlns:sea="http://www.bgbm.org/biodivinf/Schema/sea"
xmlns:xsi="http://www.w3.org/2001/XMLSchema-instance"
xsi:schemaLocation="http://www.tdwg.org/schemas/abcd/1.2
C:\Software\BioCASE\ABCD-1.20.xsd">
  <DataSet>
    <OriginalSource>
      <SourceInstitutionCode>KISTI</SourceInstitutionCode/>
      <SourceName>freshwater fish</SourceName/>
      <SourceLastUpdatedDate>2004-09-01</SourceLastUpdatedDate/>
    </OriginalSource>
    <DatasetDerivations>
      <DatasetDerivation>
        <DateSupplied>2004-09-13</DateSupplied/>
        <Supplier/>
      </DatasetDerivation>
    </DatasetDerivations>
    <Units>
      <Unit>
        <UnitID>fish_1</UnitID/>
      </Unit>
    </Units>
  </DataSet>
</DataSets>
```

〈표 6〉 ABCD 스키마를 따르는 XML 문서

2.4 BioCASE(A Biological Collection Access Service for Europe) 프로토콜

BioCASE 프로젝트는 유럽위원회(the European Commission)의 지원을 받아 2001년 11월에 시작된 프로젝트이다. 프로젝트의 목적은 유럽의 생물다양성 소장자료에 대하여 연구자들에게 웹 기반 정보서비스를 제공하고 구현하는 것이다. 현재 유럽의 30개국과 이스라엘의 35개 기관이 참여하고 있고 각 기관은 생물다양성데이터에 대한 국가 노드(데이터 제공자)의 역할을 하면서 데이터 수집과 공유를 위해 노력하고 있다.

BioCASE 프로토콜은 BioCASE 프로젝트에 사용된 것으로 데이터베이스 대한 질의와 응답 방법 등을 정의하고 데이터 교환 형식으로는 ABCD 스키마를 사용하고 있다. BioCASE 프로토콜은 DiGIR 프로토콜에 기반하고 있지만 자체적인 특징을 가지고 있어 DiGIR와 호환되지는 않는다.



〈그림 1〉 BioCASE 구성도

다음 〈그림 1〉은 BioCASE 프로토콜의 역할과 이것을 이용하는 주요 소프트웨어간에 상호작용을 나타내고 있다. BioCASE 프로토콜은 현재 3개의 요청(request) 방법을 정의하고 있다.

* search: 데이터베이스를 검색하는 방법을 정의하고 실제적으로는 SQL SELECT 문을 XML형식으로 변환한다.
* scan: xpath로 참조되는 하나의 개념에 대한 요청으로 SQL에서 SELECT DISTINCT문을 나타낸다.
* capabilities: 데이터 제공자의 데이터베이스에 어떠한 개념들이 정의되어 있는지 요청하는 것이다.

아래 〈표7〉, 〈표8〉, 〈표9〉는 search, scan, capabilities의 예를 나타낸다.

```
〈request〉
  〈header〉
    ...
    〈type〉search〈/type〉
  〈/header〉
  〈search〉
    〈requestFormat〉http://www.tdwg.org/schemas/abcd/1.2〈/requestFormat〉
    〈responseFormat start="0"
limit="50"〉http://www.tdwg.org/schemas/abcd/1.2〈/responseFormat〉
    〈filter〉
      〈like path="/DataSets/DataSet/Units/Unit/Identifications/Identification/
          TaxonIdentified/NameAuthorYearString"〉Ast*〈/like〉
    〈/filter〉
    〈count〉false〈/count〉
  〈/search〉
〈/request〉
```

〈표 7〉 BioCASE search 요청

```
〈header〉
  ...
  〈type〉scan〈/type〉
〈/header〉
〈scan〉
  〈requestFormat〉http://www.tdwg.org/schemas/abcd/1.2〈/requestFormat〉
  〈concept〉/DataSets/DataSet/Units/Unit/Identifications/Identification/
      TaxonIdentified/ScientificNameAtomized/Botanical/Genus〈/concept〉
〈/scan〉
```

〈표 8〉 BioCASE scan 요청

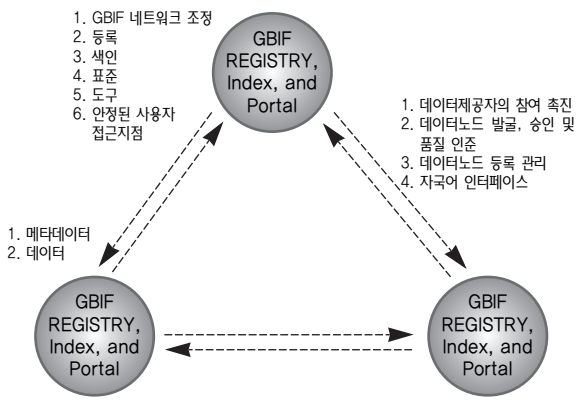
```
〈request〉
  〈header〉
    ...
    〈type〉capabilities〈/type〉
  〈/header〉
〈/request〉
```

〈표 9〉 BioCASE scan 요청

3. GBIF의 활동

GBIF(Global Biodiversity Information Facility, http://www.gbif.org)는 지구상에 존재하는 생물 개체(organisms)에 대한 1차 정보를 웹을 통하여 제공하고 국제적인 데이터베이스 네트워크를 개발하여 세계의 생물다양성데이터가 자유롭고 널리 이용될 수 있도록 하는 것을 목적으로 OECD에서 인준하여 1999년 설립되었다. 현재 투표권을 가진 25개의 국가와 투표권을 갖지 않는 16개의 준회원국, 경제단체, 생물다양성 관련 국제기구가 참여하여 활동하고 있다. 한국정부는 2001년 5월 과학기술부를 중심으로 MOU에 승인하게 됨에 따라 투표회원국으로 참여 하게 되었고, 이에 따르는, GBIF 환경 내에서 자국의 데이터교환을 위한 IT 기술적 인프라의 제공과 데이터의 등록, 노드의 발굴 등과 같은 국가적 의무를 갖게 되었고 또한 등록된 해외의 고급정보를 자유롭게 이용하고 정책결정에 권한을 행사할 수 있는 국가적 권한을 갖게 되었다.

GBIF 생물다양성데이터 네트워크는 크게 GBIF 포털, 국가거점노드(Participant Node), 데이터 노드(Data Node)로 구성되고 각 노드의 역할은 〈그림 2〉와 같다. 현재 한국에서는 국가거점노드의 역할을 IT 기술적 인프라를 갖춘 KISTI에서 수행하고 있다.



〈그림 2〉 GBIF 노드 구성도

GBIF 데이터 네트워크 아키텍쳐는 XML, SOAP(DiGIR, BioCASE), WSDL, UDDI 등의 스택을 가지는 웹 서비시스(Web Services) 모델을 지향하고 있다. 웹 서비시스는 분산되고 이질적인 데이터베이스를 연결할 때 XML 문서를 교환하기 때문에 노드별로 분리된 기술 적용, 다국어 지원 등의 장점이 있다.

GBIF는 위에서 설명한 DarwinCore/DiGIR, ABCD/BioCASE의 표준 활동과 소프트웨어 패키지 개발에 참여하고 있으며 데이터 노드에 관련 소프트웨어 패키지를 웹을 통하여 보급하고 데이터 제공자 소프트웨어 설치, 사용방법 등에 대한 기술교육 워크샵 등을 실시하고 있다.

이러한 노력의 결과, 전 세계 생물다양성데이터를 검색할 수 있는 데이터 포털(http://www.gbif.net)이 2004년 3월에 개설되었고 현재 76개 데이터 제공자의 약 3,800만 건의 데이터가 서비스되고 있다(〈그림 3〉 참고).

현재 서비스되고 있는 76개 데이터노드 중에 62개가 DarwinCore/DiGIR 프로토콜을 사용하고 14개가 ABCD/BioCASE를 사용하고 있다. 이것은 2003년 하반기에 여러 나라의 데이터 노드가 자국의 데이터를 GBIF를 통하여 공유하고 등록할 때 DarwinCore/DiGIR 소프트웨어 패키지가 먼저 안정화되어 사용될 수 있었기 때문이었다. 당시에 ABCD/BioCASE 소프트웨어 패키지는 안정화 단계로 가기 위한 베타 테스트 과정에 있었다.

그렇지만 GBIF에서는 앞으로 표본 및 관찰 데이터에 대해 다양한 표현을 할 수 있는 ABCD 스키마를 데이터 교환 표준으로 사용하고 기존의 DarwinCore/DiGIR 프로토콜을 랩퍼(wrapper)를 통하여 ABCD 스키마 형식에 맞게 관련 데이터를 변환하여 서비스 하려는 정책을 가지고 있으며 이와 같은 작업은 GBIF 사무국을 중심으로 여러 위원회의 활동과 실무 프로그램(Work Program)을 통해 이루어지고 있다. 따라서, GBIF와 연계하여 새로운 데이터를 서비스할 기관 등은 기존의 생물다양성데이터를 변환하거나 새로이 만들 때 DarwinCore보다는 ABCD 스키마에 중점을 두어 참고하면 좋을 것으로 생각된다.

〈그림 3〉 GBIF Data Portal

4. 국내 데이터 노드 구축

현재 국내에는 여러 종류의 생물다양성 데이터베이스가 구축되어 서비스되고 있고 앞으로 박물관, 과학관 등의 데이터가 디지털화 될 것으로 예상된다. 예를 들어, KISTI에서는 2002년 19개의 생물다양성 데이터베이스(http://biodiversity.kisti.re.kr)를 구축하여 웹을 통하여 서비스하고 있고 생명공학연구원 생물자원센터, 국립수목원, 국립중앙과학관, 대학 박물관 등 많은 기관에서 특색에 맞는 서비스를 하고 있다. 그렇지만 현재 국내에 생물다양성데이터 교환 표준과 프로토콜이 없어 국내 생물다양성 데이터베이스를 네트워크로 연결하는 것은 쉽지 않은 일이다.

그렇지만 앞 절에서 살펴본 GBIF의 활동에서 보았듯이

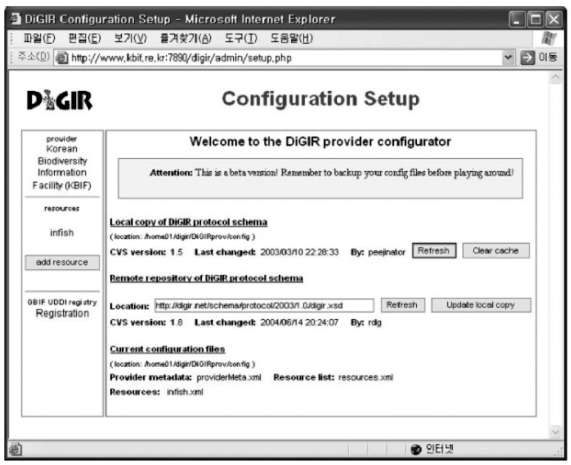
국내의 다양한 생물다양성 데이터베이스를 네트워크로 연결할 수 있게 되면 도움이 될 것으로 생각된다. GBIF의 생물 다양성 데이터 네트워크 구축에 참여하면서 관련 데이터 표준과 프로토콜을 국내 실정에 맞게 적용하는 것이다. 국내의 여러 기관에서 보유하고 있는 데이터를 DiGIR 또는 BioCASE 소프트웨어 패키지를 이용하여 서비스하고 메타데이터를 GBIF 레지스트리(Registry)에 등록하면 자연스럽게 국내의 생물다양성 데이터만을 검색하고 서비스하는 한국의 데이터 네트워크, 데이터 포털이 만들어 질 수 있다.

국내 생물다양성데이터 네트워크가 구축되면 이것을 이용하여 생물 종의 분포 지도, 유해 해충 및 가금류의 유입 등을 차단하는 응용 프로그램, 환경 보호 시스템 그리고 희귀 생물 종을 보호할 수 있는 시스템 등 2차, 3차 부가가치 프로그램 및 새로운 서비스가 창출될 것으로 기대된다.

KISTI는 현재 GBIF의 한국의 국가거점노드 역할을 수행하고 있다. 또한, KBIF(http://www.kbif.re.kr) 웹사이트를 구축 운영하면서 국내의 잠재 생물다양성데이터 제공자(정부 유관기관, 대학 및 사설 박물관 등)에게 GBIF의 동향을 알리고 표준 데이터 형식, 소프트웨어 도구(DarwinCore/DiGIR Package, ABCD/BioCASE, DataRepository Tools)의 보급과 관련 교육을 실시하는 등 국내 데이터 네트워크를 구성하기 위해 노력하고 있다. 이러한 결과로 2004년 국내에서 GBIF의 데이터 네트워크에 KISTI 2개(어류 데이터베이스, 생물다양성 데이터 저장소), 생명공학연구원 생물자원센터 1개(균주 데이터베이스) 등 총 3개의 데이터 제공자가 등록된 상황이다.

(참고: 〈그림 4〉 KISTI 담수어류 데이터 제공자)

현재 선진 외국과 국내의 생물다양성정보 기술격차는 5년여 정도 격차가 있을 것으로 생각된다. 국내의 생물다양성정보 인프라와 국내 데이터 제공자가 구축되고 생물다양성데이터의 공유 및 활용의 인식이 확산되면 조만간 국제 사회에서 한국의 위상을 높이고 관련 분야를 선도해 나갈 수 있으리라 사료된다.



〈그림 4〉 KBIF 담수어류 데이터 제공자

5. 결론

지금까지 미국과 유럽 등을 중심으로 널리 사용되고 있는 생물다양성데이터 표준(DarwinCore, ABCD 스키마)과 데이터 교환 프로토콜(DiGIR, BioCASE), 그리고 전 세계의 생물다양성데이터를 인터넷을 통하여 자유롭게 널리 이용될 수 있도록 관련 표준과 소프트웨어 개발 등에 활발한 활동을 하고 있는 GBIF에 대해 알아보았다. 또한 GBIF의 활동에 참여하면서 국내의 생물다양성데이터를 활용할 수 있는 방안에 대해서도 생각해 보았다.

국내외 자연사 박물관에는 20~30억 건 이상의 표본이 존재할 것으로 추측되고, 생물 분류학자에 의한 지속적인 생물 종의 발굴과 관련 연구에 따른 생물 종의 데이터, 관련 그림, 노트 등이 관찰자에 의해 기록되고 있다. 방대한 생물다양성 지식이 이용되지 못하고 있는 시점에서 데이터가 가치 있는 정보로 빛을 발하기 위해서는 디지털화되어 공유되고 실물과 연계되어 사용되어져야 한다. 전 세계의 생물다양성데이터를 공유하고 활용하려는 움직임이 GBIF를 중심으로, 국내에서는 KISTI를 중심으로 지금 활발하게 시작되고 있다. 국내에서도 생물다양성데이터를 보유하고 있는 정부의 유관기관, 대학 및 사설 박물관, 개인 소장자 등 관련자들이 데이터를 널리 활용하려는 자구적 프로젝트에 세심한 관심을 가지고, 국내의 생물다양성 연구 분야의 지속적 발전을 통한 국가적 차원의 생물 자원 주권 확립에 적극적으로 동참하는 노력이 필요한 때이다.

■ 참고 문헌

[1] KISTI 생물다양성 DB 구축 현황, 안부영, 지식정보인프라 통권 10호, 26-39 page

[2] GBIF Biodiversity Data Architecture, Version 0.7, Donald Hobern, 2003년 7월, http://circa.gbif.net/Public/irc/gbif/dadi/library?l=/architecture/gbifbiodiversitydataarch_1/

[3] GBIF Strategy for Exchange of Specimen and Observation Data, Version 0.2, Donald Hobern, 2003년 3월, http://circa.gbif.net/Public/irc/gbif/dadi/library?l=/architecture/gbifspecimenobservationd_1/

[4] Becoming a GBIF Data Provider, Hannu Saarenmaa, Giorgos Ksouris, http://circa.gbif.net/Public/irc/gbif/ict/library?l=/training/becoming_provider/digirtraining_20030915/

[5] BioCASE, Provider Software User Guide, Markus Doring, Javier del Torre, Botanic Garden and Botanical Museum Berlin Dahlem, 2004년 1월, http://www.biocase.org/dev/provider/

[6] The Species Analyst, http://speciesanalyst.net

[7] 생명공학연구원 생물자원센터, http://bik.kribb.re.kr

[8] 국립수목원, http://www.koreaplants.go.kr:9300

[9] 국립중앙과학관, http://www.science.go.kr