1、生物学数据文件批量的合并、分隔、去冗余等。

2、生物信息序列数据fastq、fasta、genbank文件等格式转换与批量自动化处理。

3、按个性化实验需求，从生物信息学数据库文件（如genbank、EMBL）中批量自动化提取特定数据信息。

4、表格矩阵型数据的行列转换、特定数据信息的自动化过滤与数据筛选等。

5、二代测序原始数据的批量过滤处理，如barcode识别、质量值过滤等。

6、基因、蛋白质序列特定位点的识别，如起始、终止位点、ORF、motif、CDS等。

7、生物信息学数据序列特征提取与自动化统计，如GC百分含量、k-mer统计、基因反向互补转换等。

8、生物信息学数据库文件的批量自动化下载与信息提取。