**1、用于研究还原当地物种组成的线粒体基因组在理想和现实情况中有很大差异，相关研究缺少进行有效关联过的基因组数据**

在生态学监测中，除了基于传统的形态学方法，研究者往往使用分子条码对不同的物种进行物种鉴定、物种丰度评估。在动物类群中，线粒体基因组上的COX1 Barcode是标准的DNA条码（长约658bp），并且拥有了一个权威的数据库 BOLD（http://www.boldsystems.org/）。但是，环境样品（例如土壤、河流、沉积物样本）中的DNA（eDNA）往往降解很严重，依赖单一的DNA条码（例如COX1 Barcode）难以完整地还原物种组成信息。通过快速地获取大量物种的线粒体基因组，即可将eDNA研究中常用的DNA条码（例如12S rRNA, 16S rRNA, CYTB等）与已有的COX1 Barcode数据关联起来，达到最大程度地还原当地物种组成的目的。

**2、线粒体基因组现有的注释工具存在缺陷，不能百分百注释出每一种基因**

在得到线粒体基因组之后，研究人员还必须进行基因注释和序列检查之后才能进行后续的生物学问题研究。然而目前所有进行线粒体基因组注释的工具中，线粒体基因ATP8还没有在任何经测序的扁形虫中得到确切的注释，出乎意料的是，Egger明确地在S.sthenum和M. lignano中鉴定出了完整的后生动物线粒体蛋白编码基因补体，包括ATP8。随后的一项研究在迄今发表的多壳扁形虫的所有线粒体基因组中都检测到了ATP8，尽管该基因之前在这些物种中没有注释过。人工基因组注释揭示了ATP8在自由存活的扁形虫的基本分支中存在。

**3、由于动物线粒体的母系遗传特性，线粒体基因组也经常被用来研究物种的系统发育，但不完整的基因组序列不能有效地比对出不同物种间的基因并进行下一步的工作，研究人员缺少可以直接使用的工具**

例如，在鳞翅目, 学者们利用线粒体基因组序列重建了鳞翅目不同总科物种间的系统发育关系, 其结论与传统分类方法(如形态鉴定)得出的观点一致。此外，众多学者还利用线粒体基因组数据研究了：（1）蚕蛾科和大蚕蛾科的亲缘关系；（2）家蚕的起源；（3）日本野桑蚕和中国野桑蚕发生分歧的时间；（4）家蚕驯化过程中群体结构的变化。

**4、有望为某些争议问题提供新的解决途径**

不同学者基于线粒体基因组数据开展了亚目、次目、总科及科等半翅目多个分类阶元间的系统进化关系研究，解决了长期以来被广泛争论的同翅目、头喙亚目、胸喙亚目的单系性问题。