1. 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.长期以来存在被广泛争论的问题如：

1. 同翅目的单系性问题
2. 头喙亚目的单系性问题
3. 胸喙亚目的单系性问题

3.在得到线粒体基因组组之后，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。而目前的已有的软件都是只能完成某个单一的任务，例如下机数据过滤、组装、注释或可视化。并且目前广泛使用的注释软件例如MITOS只有网页版，用户无法在本地运行，难以将其集成到自己的分析流程中。因此，我们需要改进MitoZ工具