1. 第一步求得的.txtskl 文件是骨架数据，骨架数据放置在了第二步程序的txtskl\_data文件中。
2. 打开第二步的main 函数：

|  |
| --- |
|  |

1. 其中骨架信息文件存在了txtskl\_data中，此时这个程序是求得这个文件夹中第12个和第2个树木数据的对应关系，加完零枝干的两棵树木数据存在了Trees\_T12\_T2.newick中。

这里之所存成newick格式是为了论文写作需要，实际中可以拿到array\_phytree\_1和array\_phytree\_2 （Line55 and Line60）即可做插值。

|  |  |
| --- | --- |
|  |  |

1. 打开第三步的main\_TreeSequence.m, 这里是求的Trees\_T12\_T2.newick的插值结果，注意这里需要安装java才可以运行程序，最后插值结果写在了Trees\_T12\_T2\_Seq文件夹中。

|  |
| --- |
|  |