青岛水德科技有限公司 | 法国 HYDROPTIC 公司 | 操作手册



图 1　ZooScan 扫描鉴定系统

编制机构	维尔弗朗什海洋研究所定量成像平台（PIQv / CNRS / Sorbonne Université）
作者	Laëtitia JALABERT、Amanda ELINEAU、Manoela Brandão、Marc PICHERAL
适用范围	ZooScan + Zooprocess 7.27 及以上
版本日期	2025 年 8 月
平台网址	PIQv 网站 / http://ecotaxa.obs-vlfr.fr

本手册依据 PIQv 英文原版用户手册与操作规程译制，仅供用户参考；操作规程与质量控制标准以 PIQv 官网最新版本及项目技术协议为准。

目录

1 引言.....2
2 创建新项目.....4
3 填写样品元数据.....5
4 编辑样品与组分元数据.....6
5 扫描并转换背景.....7
6 样品制备与扫描.....8
7 扫描后回收样品.....12
8 批量转换与处理扫描样品.....13
9 用分割图检查处理并核对图像数量.....14
10 「multiple」分类与用选定小图分离相触目标.....15
11 重新处理图像以纳入分离掩膜.....16
12 项目的用户 / 高级模式.....17
13 导入 EcoTaxa 前的最终质量控制.....18
附录 1 记录表示例.....19
附录 2 边缘检测扫描区.....20

1 引言

1.1 PIQv 的典型 ZooScan 工作规程

ZooScan（HYDROPTIC 公司）与 Zooprocess 应用配合，构成液体中生物与颗粒（300 µm–5 cm，特定设置下可达 150 µm–5 cm）的成像分析系统，适用于必须固定或麻醉的中型（0.2–2 cm）与大型（2–20 cm）浮游生物。平台自 ZooScan 发明以来已分析逾 400 个项目，据此沉淀出一套分析与质量控制规程。本手册旨在介绍这些规则与最佳实践，以保证数据质量并充分发挥 EcoTaxa 图像标注应用的作用。

建议 工作规程可根据用户经验与需要调整，以用好应用提供的各类工具；但建议始终保留 Zooprocess 的默认设置。

典型分析序列：① 填写样品元数据（可批量）→ ② 元数据质量控制 → ③ 扫描背景（每日）→ ④ 扫描样品（一个或连续多个）→ ⑤ 转换与处理样品 → ⑥ 检查处理 → ⑦ 采集与处理质量控制 → ⑧ 分离相触目标 → ⑨ 重新处理图像以纳入分离掩膜、获得更优最终数据集 → ⑩ 导入 EcoTaxa 进行自动预测鉴定并人工确认或修正 → ⑪ 多项质量控制。

本资料由 水德市场部 编译整理 | 资料编号 SD-OM-HPT-IM-ZSOM | 版本 V1.0 | 更新日期 2026-10-21

1.2 开始之前的准备

- 把 ZooScan 安装在完全水平、稳定（无振动）的实验台上（见 HYDROPTIC 手册）。
- 从 PIQv 网站安装配套软件。
- 采集样品并用记录表（见附录 1）记录追溯样品所需的全部元数据。
- 去除样品中的海水与固定剂（见第 6 章）。

1.3 安全警告

危险 出于安全考虑，严禁把含福尔马林的样品直接倒入 ZooScan 托盘。应先去除样品中的海水与福尔马林，再换用 0.2 µm 过滤海水（或淡水）。福尔马林是致癌、致突变和生殖毒性物质：去除福尔马林时必须在通风橱内操作，并佩戴手套、护目镜与实验服。

1.4 关于 Zooprocess 版本的重要说明

- 本规程适用于 Zooprocess 7.27 及以上版本；文中图像来自 8.23 版。
- PIQv 网站有新更新时请随时升级 Zooprocess；PIQv 只对使用最新版本的用户提供协助。
- 本规程不介绍 ZooScan 软件与驱动的安装（见 PIQv 网站手册）。
- 更多文档见 PIQv 网站。

2 创建新项目

项目（project）是一个文件夹，用于保存一次航次、调查或实验的图像与数据，包含多个样品与扫描。项目将创建在所选磁盘的根目录，全部文件随后存入相应子文件夹。

重要 重要：必须在连接 ZooScan 的计算机上创建项目。因为在该计算机上安装 ImageJ 时，C 盘会生成一个「ZooScan」文件夹，其中包含所连 ZooScan 的专属信息（如扫描框尺寸），Zooprocess 需要将其写入项目。

1. 打开 ImageJ/Zooprocess（ImageJ 已运行时点击 Z 图标）。切勿重复打开——如已重复打开，关闭全部 ImageJ 实例后重启。
2. 在项目列表底部选择「CREATE A NEW PROJECT」，然后选择磁盘。
3. 输入 ZooScan 序列号（3 位数字），再为项目命名（勿加「zooscan_」前缀，勿用特殊字符）。序列号可放在项目名开头（多台 ZooScan 时项目按设备分组排序）或结尾（按字母排序）。Zooprocess 会显示项目名预览，确认或修改后继续。
4. 选择扫描选项：推荐选大幅面（Large frame）以 2400 dpi 成像，可一次扫描更多目标；窄幅面并不能显著提升分辨率，反而限制扫描面积与图像内生物数量，是旧 32 位计算机时代的产物。
5. 保持默认参数，点击「OK」。必要时可在 HYDROPTIC 随机 U 盘的仪器文档中查到这些参数；光密度（Optical Density）位置在新版 ZooScan 中已无用。
6. 项目创建完成。

3 填写样品元数据

此操作与扫描解耦，可提前为多个样品填写元数据，甚至可在野外填写后再把文件传入连接 ZooScan 的计算机上的项目。每次修改样品与扫描表时，Zooprocess 都会在「archives」子文件夹保存备份。

1. 打开 ImageJ/Zooprocess（勿重复打开），选择项目，选「Fill in Sample metadata」。
2. 选择 sampleID。此时应已充分斟酌样品命名规则——样品名此后无法更改。样品名中禁用「d1」「d2」「tot」扩展名，扫描步骤会自动把它们加进扫描文件名（见 6.3 节）。
3. 填写表单，勿用特殊字符。
4. 可连续录入多个样品，最后出现「Normal End」消息。

注意 注意：尽管元数据事后可编辑修正，填写时仍须格外仔细——尤其 sampleID、depth > zmax、水平拖网的起点经纬度≠终点经纬度、网型与网目的一致性、样品瓶数与条码数对应、过滤体积与拖网距离一致性、GPS 点位格式等。应用会在项目「Zooscan_meta」文件夹生成「zooscan_sample_header_table.csv」，列出全部样品及元数据。

4 编辑样品与组分元数据

可在任何步骤随时编辑修改元数据，以纠正错误或补充样品/扫描信息。这些元数据是后续结果分析的关键。该工具会同时更新 meta 文件夹表格及项目内所有与该样品相关文件中的元数据。

4.1 逐条修改（完全安全）

1. 选「EDIT the SAMPLE and FRACTION metadata」工具，再选样品。每次修改表格时，Zooprocess 自动在「archives」子文件夹保存备份。

4.2 批量修改（不推荐，务必谨慎）

1. 把 .csv 表复制粘贴到「archives」文件夹（用 Zooprocess 界面逐条编辑时此操作自动完成）。
2. 直接修改 .csv 表并保存：务必注意元数据格式。
3. 打开 ImageJ/Zooprocess（勿重复打开），选择项目，选「SWITCH temporarily to ADVANCED mode」。
4. 选「UPDATE all metadata from the sample and scan CSV tables」，在弹出的消息中点「Yes」。

5 扫描并转换背景

背景图（background）是供图像处理使用的「空白」图，必须在样品扫描之前、用与样品相同的参数创建。至少扫描两张背景图并合成一张「空白」图。每次开机后（通常为每天上午扫第一个样品之前）都应做背景扫描。

1. 打开 ZooScan，轻拿轻放。用清水清洗并冲洗扫描托盘与盖玻璃，去除污物；清除玻璃与扫描框上的痕迹，定期确认盖玻璃保持透亮。
2. 向托盘注入室温存储的洁净淡水直至覆盖玻璃。把项目指定（窄幅或大幅面）的扫描框放到托盘上，务必将框贴到托盘上做了标记与标签的推荐角位，使扫描区覆盖框边。详见随机的 HYDROPTIC 手册。
3. 继续注水至覆盖扫描框边。确认无气泡、无灰尘且托盘与水都洁净：用塑料滴管或随机配的仙人掌刺棒清除污物与气泡，避免划伤玻璃托盘。
4. 打开 ImageJ/Zooprocess（勿重复打开），选择项目，选「SCAN and CONVERT a BACKGROUND」工具。
5. 按屏幕弹窗指示操作，注意提示消息。
6. 预览、第 1 次扫描与第 2 次扫描之间等待推荐的 30 秒；第 2 次扫描后立即在指示窗口按 OK。
7. 结束后得到两张背景的灰度中值及两者均值；两值应相近，否则会出现警告。

两张背景图会处理成一张低分辨率背景图，自动存入「Zooscan_back」文件夹。背景质量可由文件大小判断：所有背景的文件大小应一致。

6 样品制备与扫描

6.1 安全警告

危险 严禁把含福尔马林的样品直接倒入 ZooScan 托盘。先去除样品中的海水与福尔马林，再换用过滤海水（或淡水）。福尔马林是致癌、致突变和生殖毒性物质，去除时须在通风橱内操作，佩戴手套、护目镜与实验服。

6.2 样品制备与分样

以下为维尔弗朗什定量成像平台通用规程（多年浮游生物样品分析经验的结晶）。因样品中浮游生物丰度通常很高，只扫描样品的一部分：用 motoda 分样框（splitter）把样品分成两个等分。为避免分样低估大型稀有生物，先按网目把样品分成两个粒径组分，每个组分各扫一次。网目 ≤300 μm 时通常分两组分：d1（>1000 μm 大型生物）与 d2（100 μm–1000 μm 小型生物）；网目 >300 μm 时通常不分，记为「tot」。

以 200 μm 网（WP2 例）需两组分为例：

1. 在通风橱内过筛去除保存剂与海水。滤出液可留作回冲样品，但更推荐用缓冲福尔马林、受控良好的海水回充。所用筛网网目必须小于采样网，避免丢样。
2. 依次经 1000 μm 与 100 μm 筛网过筛，得到 d1、d2 两个组分。
3. 扫描前用 motoda 分样框把两个组分各自分样到合适的目标数量。分样方法：①把框倾斜使开口（无盖）侧朝上；②用装海水的洗瓶把筛网上的浮游生物冲入框内；③紧靠隔板前加少量海水；④ vigorously 来回晃动约二十次（左右倾斜，框边始终触桌）使样品匀化；⑤匀化后向另一侧倾斜，隔板把样品分成互不交换的两份；⑥翻转框，让其中一份经盖角开口倒入样品瓶，另一份留在框内；⑦框回正位；⑧冲洗框侧壁去除残留；⑨对第二份重复③–⑧。
4. 为避免分样出错，所有后续组分都存入预标注（1/2、1/4、1/8、1/16 等）的样品瓶。
5. d1 与 d2 各自扫描。

重要 重要：可对比两组分达到合适数量所需的分样比，检验按粒径分组的必要性——d1 的分样比应高于 d2，除非大型生物爆发（如海樽类，须写入样品与扫描备注）。相触生物数应尽量少，以免后期花大量时间在图上分离，同时保证目标数量足以代表样品。

本资料由 水德市场部 编译整理 | 资料编号 SD-OM-HPT-IM-ZSOM | 版本 V1.0 | 更新日期 2026-10-21

PIQv 的图像数量规则（_work 子文件夹内 .jpg 图数）：sample_net_mesh ≥ 500 且 motoda_frac = 1 时不超过 1500；≥ 500 且 motoda_frac > 1 时在 500–1500；< 500 且 FracID = d1 且 motoda_frac = 1 时不超过 1500；< 500 且 FracID = d1 且 motoda_frac > 1 时在 500–1500；< 500 且 FracID = d1+N / tot / plankton 且 motoda_frac = 1 时不超过 2500；< 500 且 FracID = d1+N / tot / plankton 且 motoda_frac > 1 时在 1000–2500。可用 PIQv 网站的 ZooScan Quality Control（ZQC）应用在项目各阶段执行这些规则。

6.3 扫描规程

前提：元数据已填写（见第 3 章），背景已扫描（见第 5 章）。

1. 向扫描托盘注入淡水或 0.2 µm 过滤海水至盖满玻璃；此步不要漫过框边（加样后水会漫过）。为防止室内与管道水温差在托盘上结露起泡，建议提前在仪器同室存放几升水。
2. 放入扫描框（窄幅/大幅面取决于建项目时的选择），贴到托盘带标记的推荐角位（与背景扫描相同）。
3. 擦掉框上的水珠与痕迹，用滴管与仙人掌刺棒清除水中污物。
4. 倒入 motoda 框最后一组分的样品。
5. 按需要加水至覆盖框全部边（同背景）。切忌加水过多——浮游生物会失焦；需在「覆盖框边」与「水位保持目标清晰」之间取得平衡。
6. 留 15–20 分钟用仙人掌刺棒分离相触的生物。确保边框上及沿边无生物，注意目标彼此分开；在耗时与图像质量间权衡。处理后仍可用 Zooprocess 分离工具在最终图像上分离（见第 10 章），但可能损失细节或造成截断。可将样品均匀倒入、对成团聚集体补水冲开来加速分离。大个体放托盘中央（框边会被裁掉）；漂浮的生物用刺棒轻压使其下沉——漂浮会导致尺寸测量偏差与图像模糊，妨碍正确鉴定。详见 6.4 节。
7. 确认 ZooScan 盖玻璃上无冷凝水。
8. 打开 ImageJ/Zooprocess（勿重复打开），选择项目，选「SCAN a SAMPLE」，注意提示消息。
9. 选择样品名；样品有条码且连有读码器时，可用样品列表末尾的专用选项。
10. 按屏幕弹窗指示操作；提示输入组分名时按实际输入「d1」「d2」「tot」或自定义。
11. 填表，勿忘写对分析有用的备注；勿用特殊字符；「scanning operator」填「名_姓」格式。
12. 严格按 Zooprocess 窗口指示启动样品扫描（只扫一次）。

注意 预览与扫描之间等待 30 秒；在 Vuescan 里按扫描后立即在 Zooprocess 按 OK；扫描期间不要碰键盘任何键，避免改动扫描设置；避免 ZooScan 受任何振动扰动托盘水面。

扫描结束后，项目「_raw」文件夹将出现三个文件（文件名=样品名+组分名，如 sample_d1.*）：16 位 .TIF 图像（随后用主菜单「CONVERT & PROCESS scanned SAMPLES in batch mode」工具处理，见第 8 章）；meta.txt（采样方法与样品制备元数据，汇总 meta 文件夹中样品表与扫描表信息）；log.txt（扫描方法参数）。扫描信息同时记入 Zooscan_meta 文件夹的 scan_header.csv。可通过图像文件大小评估扫描质量：所有扫描的文件大小应一致。

6.4 目标在 ZooScan 上的正确摆放

转换与处理（第 8 章）包含扫描框边缘检测与目标分割两个环节，二者决定了摆放位置的影响。

6.4.1 扫描框边缘检测

该处理在归一化之后、背景扣除之前进行（见第 8 章）。Zooprocess 在 4 个深蓝色区域计算灰度均值作为 4 个基准，再测浅蓝小矩形内的灰度均值；当数值低于基准的 5% 时即认为检测到图像边缘。因此：①不要把大型生物放进深蓝区——截断的基准测量会扭曲框边检测；②不要把长形生物平行于浅蓝矩形放在其区域内——会被误认为框边。建议把附录 2 的标靶按 1:1 打印在透明纸上，扫描前检查目标摆放。

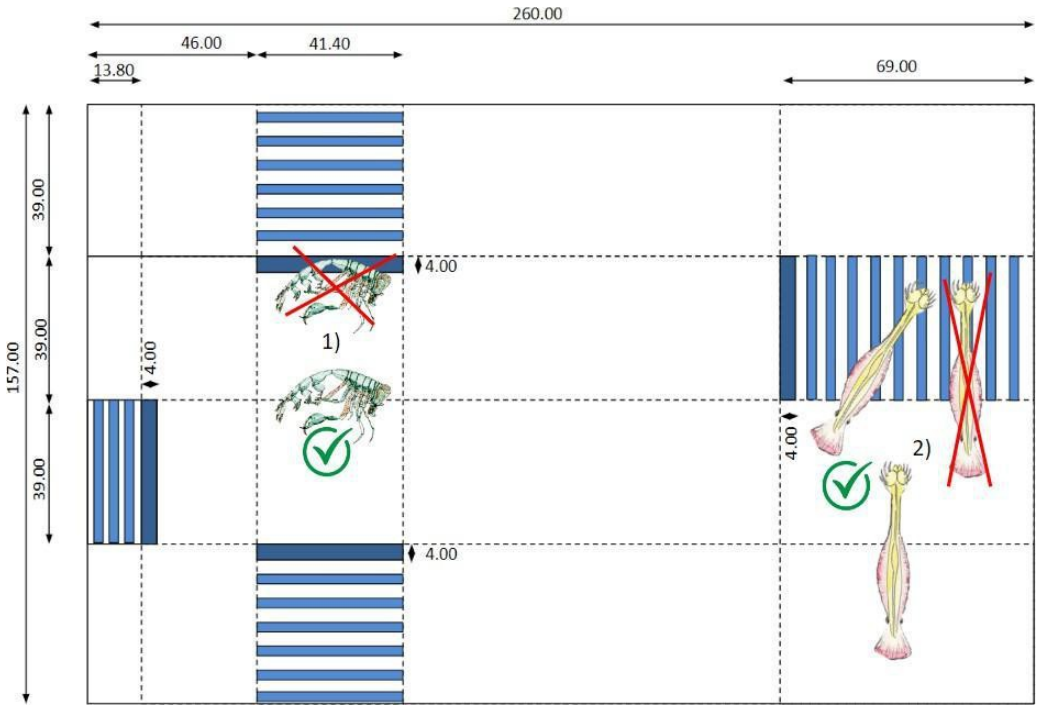


图 2 边缘检测分区与目标摆放正误示例（编号 1、2 区域内打叉的摆法应避免）

本资料由 水德市场部 编译整理 | 资料编号 SD-OM-HPT-IM-ZSOM | 版本 V1.0 | 更新日期 2026-10-21

6.4.2 图像分割

Zooprocess 创建之初，计算机内存不足以整幅处理扫描图，故采用分区法：先取宽度 60%（绿区）检测目标，清空内存后再取另一侧 60%（橙区）检测。两区叠加约 20% 的扫描带（斜线区）内目标会被计数两次，Zooprocess 自动识别重复目标并从分析中剔除。此法沿用至今，以保证旧扫描可重处理并得到完全相同的结果。推论：大型目标若横跨三区（同时触及左右两幅边缘）将无法检出——大型目标应放在 ZooScan 半幅的正中。

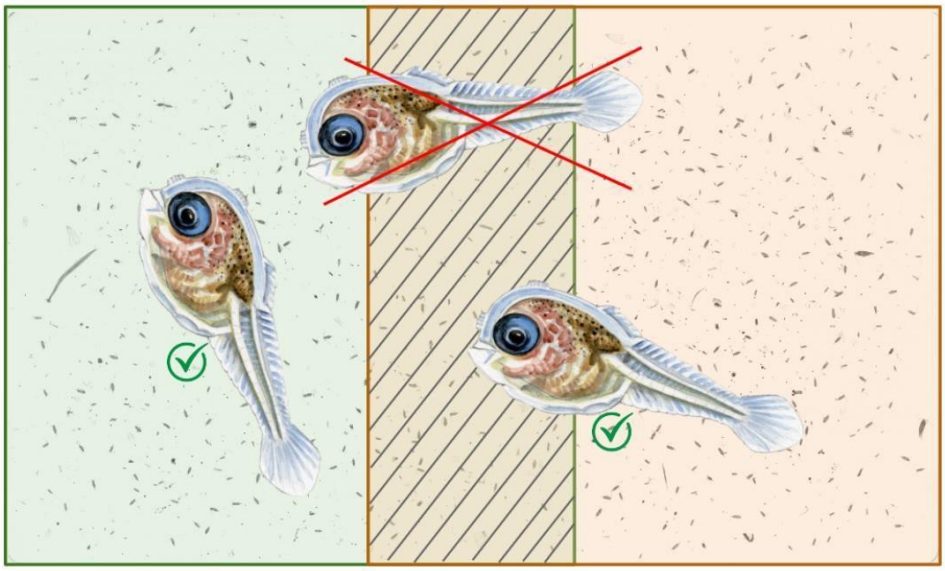


图 3　分割分区示意（绿区、橙区与中间叠加区；打叉的大型目标横跨三区将无法检出）

7 扫描后回收样品

1. 在扫描托盘上方用洗瓶边冲边取下并清洗透明扫描框，回收附着其上的全部标本。
2. 轻轻抬起 ZooScan 倒出样品；用洗瓶盛清水或过滤海水清洗托盘，防止丢样并避免样品间交叉污染。
3. 制备下一个样品；若结束扫描，则用清水清洗托盘并晾干。

8 批量转换与处理扫描样品

图像处理可在扫描后立即进行（计算机性能足够时），也可安排在空档（夜间或午休）进行——每个扫描约需 10 分钟。务必在采集后尽快处理（至少每天一次）：这能尽早发现背景或样品的采集问题，避免日后才发现而被迫重扫大量样品。

1. 打开 ImageJ/Zooprocess（勿重复打开），选择项目，选「CONVERT & PROCESS scanned SAMPLES in batch mode」工具。
2. 选「Convert AND Process Image AND particles (images in RAW folder)」；建议保留默认处理设置，点「OK」。
3. 处理结束后出现「Normal END...」消息，点「OK」回到主菜单。

结果文件保存在 _work 与 Pid_results 文件夹。*.pid 文件唯一合并了 log.txt、meta.txt 与 meas.txt（行为目标、列为测量值的表）：可用于计算目标尺寸的测量项是 Area、Major、Minor（与目标同面积的椭圆长短轴，单位像素，像素尺寸在 *.pid 中注明），其余为用于自动识别的形状与纹理变量及目标在托盘中的位置。.PID 文件自动复制到项目 PID_Results 文件夹。

自 Zooprocess 7.22 起默认提取目标小图（vignettes）并生成「ecotaxa_*.tsv」文件，两者一并导入 EcoTaxa（http://ecotaxa.obs-vlfr.fr/）进行生物预测分类。.TSV 含 .PID 中全部数据与有效元数据。结果文件仍兼容旧的 Plankton Identifier 与 XnView，但不建议继续使用；把既有已分类样品与项目迁入 EcoTaxa 可联系我们协助。

本资料由 水德市场部 编译整理 | 资料编号 SD-OM-HPT-IM-ZSOM | 版本 V1.0 | 更新日期 2026-10-21

9 用分割图检查处理并核对图像数量

每次图像处理后，必须用专用检查工具「Check process using segmented images」核查。

1. 打开 ImageJ/Zooprocess（勿重复打开），选择项目，选「CHECK the process using segmented images」。
2. 选择要检查的扫描。
3. 打开的图像（sample_msk1.gif）可判断背景是否正确扣除（无饱和区域与大量杂点），也可评估聚集生物数量。
4. 检查完毕出现「just checked」窗口，可关闭或选择下一个扫描。

图像质量差的典型原因：生物过多；超大或摆放不佳的生物过多；背景差（脏污、结露、水不足——此时同一天用同一背景处理的全部样品会有类似问题）；样品本身质量差（脏污、结露、水不足）；预览与样品扫描间隔不足。已检查扫描的清单可在工具中查看；全部扫描都必须检查。

重要 重要：生成的图像（生物小图）数量反映 motoda 分样选择是否得当——分样不足或过度都会被识别。处理后请核对 work 文件夹中的图像数量，规则见 6.2 节。数量超限仅在以下情况可接受（ZQC 口径）：藻华浓汤（algae_soup）、硼砂（borax）、浑浊/沙质环境的沉积物（河口、淡水等）、易聚集物种爆发（如 Coscinodiscus 属）及小型透明物种（如夜光藻科）。图像数量不正确时，须删除该扫描重做。

10 「multiple」分类与用选定小图分离相触目标

「multiple」图像指含有相触目标（生物与生物或生物与非生命物体相触）的图像，会影响丰度与生物体积结果，因此必须用 Zooprocess 在图上进一步手工分离。

1. 用文件资源管理器检查样品文件夹（_work 子文件夹）中含相触目标的小图，把它们剪切粘贴到「multiples_to_separate」子文件夹。
2. 打开 ImageJ/Zooprocess（勿重复打开），选择项目，选「SEPARATION of touching objects on selected vignettes」工具，选择要分离的扫描。
3. 扫描图与第一张待分离图像出现。①用鼠标点击第一张待分离图像；②按住鼠标滚轮，在图像左上角出现黑点；③用键盘 + / - 键缩放；鼠标指针变为十字，即可绘制分离线；最后点「Next」。
4. 画错要删除时：①点「Next」切换到下一张图；②点「Preview」，出现「Erase」按钮；③点「Erase」，全部线条变灰即已擦除。
5. 最后一张分离完成后，在弹出的消息中点「OK」。

项目内「multiple_to_separate」文件夹存放待分离小图；分离完成后扫描文件夹内生成「sep.gif」——分离掩膜，记录全部在相触目标间绘制的线条，将在下一次重处理时与扫描图叠加。

注意 注意：即使扫描中没有 multiple，也要至少往 multiple_to_separate 文件夹放一张图，并在分离时于空白处画一条线——这样才会生成 sep.gif，表明该扫描走完了全部流程。PIQv 的相应规则以 ZQC 应用检查为准。

本资料由 水德市场部 编译整理 | 资料编号 SD-OM-HPT-IM-ZSOM | 版本 V1.0 | 更新日期 2026-10-21

11 重新处理图像以纳入分离掩膜

必须重跑一次处理以纳入「sep.gif」分离掩膜，生成新的分离图像并计算其形态测量值。

1. 打开 ImageJ/Zooprocess（勿重复打开），选择项目，选「CONVERT & PROCESS scanned SAMPLES in batch mode」。
2. 选第二项「Process again particles from processed images to include SEPARATION MASK (images in WORK sub-folders)」。
3. 弹出窗口点「OK」；处理结束后出现「NORMAL END...」消息，点「OK」回到主菜单。

「PARTICLE PROCESS (using separation)」步骤纳入分离掩膜 sep.gif、生成新的分离图像并计算形态测量；N 张新 *.jpg 生成，全部含图像信息的文件同步更新。

本资料由 水德市场部 编译整理 | 资料编号 SD-OM-HPT-IM-ZSOM | 版本 V1.0 | 更新日期 2026-10-21

12 项目的用户 / 高级模式

建项目时默认为「User mode」：限制可用选项、防止多数手动错误，简化日常工作。进入项目后可选项列表底部的「SWITCH temporarily to ADVANCED mode」切换到「advanced mode」，使用配置工具与全部选项。

13 导入 EcoTaxa 前的最终质量控制

导入 EcoTaxa 前必须仔细核查采样元数据、采集数据与处理数据。以下为 PIQv 网站 ZQC 应用检查的大部分判据。

13.1 采样元数据质量控制

- GPS 点位（水平拖网须起点≠终点）
- 采样日期与时间记录准确
- 网的 Zmax 与 Zmin：确保 Zmax > Zmin
- 底质深度：确保 Depth > Zmax
- 网型与网目一致性
- 过滤体积与拖网距离一致性
- 样品瓶数 = 条码数

13.2 采集数据质量控制

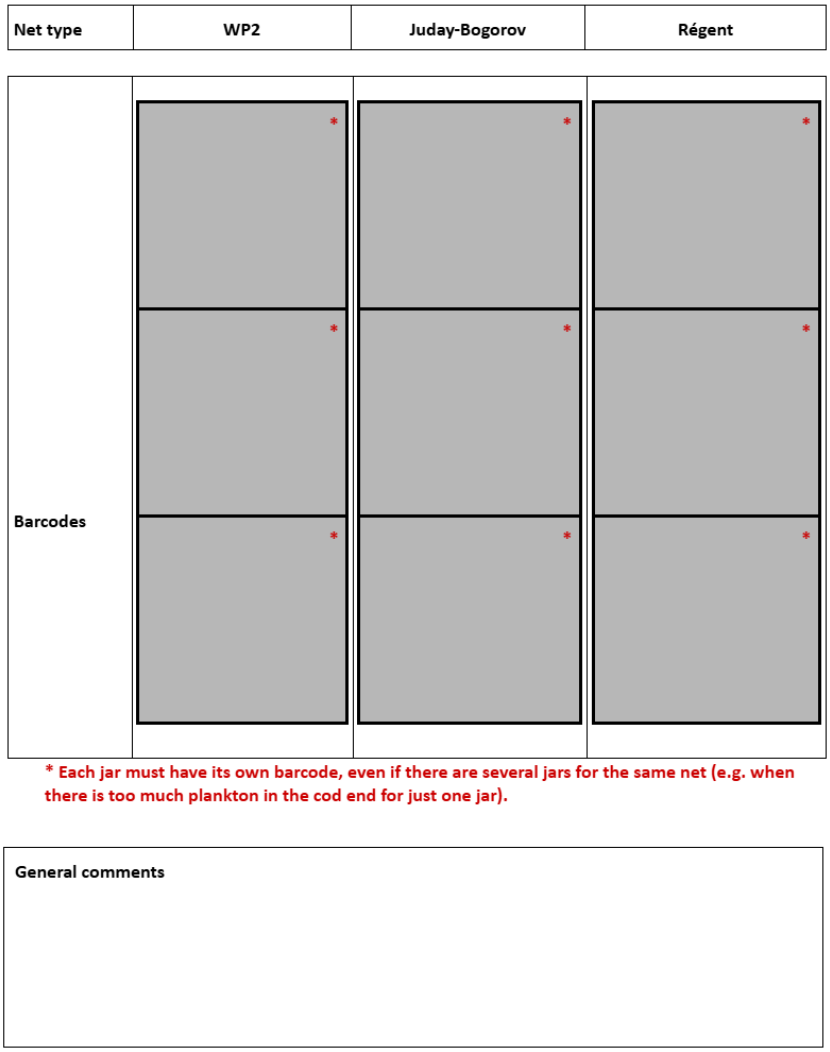
- 全部背景文件大小一致（见第 5 章）
- work 子文件夹数量 = raw 文件数量的 3 倍
- d1/d2/tot 的筛网目数上下限一致
- motoda 组分遵循 2 的幂规则且 d1 < d2（大型生物爆发除外，须加备注）
- scan_operator 与 submethod 拼写正确
- 图像数量符合规则（6.2 节口径）

13.3 处理数据质量控制

- 全部 raw 文件大小一致（见 6.3 节）
- 所有扫描使用同一种扫描框
- 采集后已做处理（第 8 章）
- 处理后已做检查（第 9 章）
- 已完成分离
- 分离后已重处理
- 图像数量 = ecotaxa.tsv 行数

本资料由 水德市场部 编译整理 | 资料编号 SD-OM-HPT-IM-ZSOM | 版本 V1.0 | 更新日期 2026-10-21

附录 1　记录表示例



Net type	WP2	Juday-Bogorov	Régent
Barcodes	* * *	* * *	* * *

* Each jar must have its own barcode, even if there are several jars for the same net (e.g. when there is too much plankton in the cod end for just one jar).

General comments

图 4　Point B - RadeZoo 记录表照片示例

记录表用于在采样现场登记样品元数据（站位、网型、深度、GPS、体积、保存方式等），随样品转入项目元数据表（模板见 PIQv 网站与原文附录 1）。

附录 2　边缘检测扫描区

原文附录 2 提供 1:1 打印用边缘检测扫描区标靶（透明纸打印，扫描前核对目标摆放，避开深蓝检测区与浅蓝矩形；尺寸标注与原文一致）。