

# 分子标记辅助选择在水稻抗稻瘟病 育种中的研究进展

郭震华,刘传雪,张兰民,关世武,张淑华,王瑞英,黄晓群

(黑龙江省农业科学院 佳木斯水稻研究所,黑龙江 佳木斯 154026)

**摘要:**稻瘟病作为一种世界性稻作病害,严重制约了水稻的产量和品质。培育抗病品种是最为经济有效的降低稻瘟病危害的方法。综述了近年来稻瘟病抗性资源鉴定、抗病基因定位和克隆及创新利用等方面的工作。同时,还对分子标记辅助选择在抗稻瘟病品种选育中的应用进行了展望。

**关键词:**水稻;稻瘟病;分子标记辅助选择

**中图分类号:**S511

**文献标识码:**A

**文章编号:**1002-2767(2013)02-0135-05

作为世界最重要的粮食作物之一,水稻对世界粮食安全和农业可持续发展起着至关重要的作用。而稻瘟病作为一种世界性稻作病害,使水稻产量每年减产达11%~30%<sup>[1]</sup>,已成为影响水稻高产、稳产的主要障碍因素。稻瘟病是由子囊菌 *Magnaporthe grisea* (Hebert) Barr (无性世代: *Pyricularia grisea* (Cooke) Sacc) 引起的<sup>[2]</sup>。在水稻整个生育期内稻瘟病都可能发生,因此根据发病时期和发病部位,可分为苗瘟、叶瘟、穗瘟、节瘟和谷粒瘟,而其中尤以叶瘟影响最为严重。而现阶段控制稻瘟病最常用的两种途径分别是化学防治和培育新的抗稻瘟病品种。化学防治主要是通过使用农药控制稻瘟病发生,其一方面增加农业生产成本,同时对环境也会造成一定程度的污染。而常规手段培育抗稻瘟病品种周期过长,稻瘟病遗传背景十分复杂,生理小种变异快,一个新品种在推广3~5 a左右就可能失去抗性<sup>[3]</sup>。近年来通过将生物技术(如分子标记辅助选择和转基因技术)应用于抗稻瘟病育种中,可以将优势基因聚合到一起,并且缩短育种年限,加快育种进程。

## 1 稻瘟病抗性资源

通过育种手段培育高抗广谱的抗稻瘟病品种,主要是要有良好的抗稻瘟病的种质资源,各国研究者很早就开始研究发掘稻瘟病的抗性种质资源。自20世纪60年代开始,国际上就开展了抗

稻瘟病种质资源的搜集研究工作,经过几十年的研究,得到一批优良的抗性资源,包括很多具有持久抗性的资源,如 Moroberekan、ourode、OS6、Perecose、IR36、IR42、Milyang30、Milyang42、Tetep、小粒野生稻 (*Oryza minuta*) 等<sup>[4]</sup>。其中 Moroberekan 为国际公认的非洲持久抗病品种,并且对中国具有代表性的30个稻瘟病菌株进行的试验表明,其对其中的29个都表现为高抗。目前对 Moroberekan 的抗性基因进行了比较深入的研究,发现其含有3个主效抗稻瘟基因,同时还含有10个抗瘟 QTLs<sup>[5]</sup>。Tetep 作为另一个十分广谱的抗稻瘟病品种,已被广泛应用在培育高产、优质、高抗稻瘟病的品种中。研究显示, Tetep 至少含有4个稻瘟病抗性基因。

国内针对稻瘟病抗病种质资源的研究发掘也取得了大量的成果。20世纪70年代后期,我国通过全国联合对稻瘟病抗性种质资源的实验研究,通过对2000多份资源的多年多点研究观察,筛选出了红脚占、赤块矮等一批抗性资源<sup>[6]</sup>。目前比较公认的国内稻瘟病广谱或持久抗性资源主要包括三黄占2号、梅三五2号、谷梅2号及湘资3150等。广东省农业科学院<sup>[7]</sup>通过对外引材料 IR9965-48-2 系选得到外选35,其具有适应性广、高抗稻瘟病的特点。利用其为抗病资源进一步得到了包含三黄占2号、梅三五2号在内的多个抗稻瘟病品种。伍尚忠<sup>[8]</sup>通过研究发现,三黄占2号的持久抗性是由3个主效基因和5个微效多基因控制。

## 2 稻瘟病抗性基因定位与克隆

20世纪60年代中期,日本率先开展了水稻

收稿日期:2012-11-21

基金项目:国家水稻产业体系资助项目(CARS-01-14);黑龙江农业科技创新工程资助项目

第一作者简介:郭震华(1985-),男,内蒙古自治区呼伦贝尔市人,硕士,研究实习员,从事水稻分子育种研究。E-mail: sds1gzh@163.com。

品种抗稻瘟病基因分析的研究工作,鉴定了最初的 8 个抗性位点上的 14 个基因,并建立了一套抗稻瘟病基因分析用的鉴别体系(JDCs, Japanese differential cultivars)。国际水稻研究所及中国等各水稻生产国也相应地开始系统性地研究水稻抗稻瘟病基因,截至 2011 年 2 月,已至少报道了 64 个抗稻瘟病位点,共 75 个主效基因。这些基因成簇地分布于除第 3 染色体外的所有水稻染色体上(1 个隐性,其它显性),其中,*Pia*,*Pib*,*Pita*,*Pi2*,*Piz-t*,*Pi9*,*Pid2*,*pi21*,*Pi36*,*Pi37*,*Pi5*,*Pid3*,*Pit*,*Pish*,*Pik*,*Pik-m*,*Pik-p*,*Pb1* 共 18 个

基因已被成功克隆(*Pi2*、*Piz-t* 和 *Pi9* 同为 *Piz* 位点上的复等位基因;*Pik-m*、*Pik-p* 同为 *Pik* 位点上的复等位基因)(China Rice Data Center, [http://www.ricedata.cn/gene/gene\\_pi.htm](http://www.ricedata.cn/gene/gene_pi.htm))。这些基因相对集中在第 6、第 11 和第 12 号 3 条染色体上,形成 3 个较大的基因簇。其中第 6 染色体定位得到 14 个抗性基因,而 *Pig-m(t)* 被定为在第 6 染色体上的 C5483 和 C0428 之间,与 *Pi2* 和 *Pi9* 紧密连锁<sup>[9]</sup>,属于 *Pi9* 基因簇。第 11 染色体上定位了 22 个抗性基因,*Pikm* 被定位于第 11 染色体上的 RM254~RM144<sup>[10]</sup>,属于 *Pik* 基因簇。

表 1 已克隆稻瘟病抗性基因(截至 2010 年 5 月)

Table 1 Cloning of rice blast resistance genes

基因位点 Gene locus & Alleles	无毒菌株(小种) Strains(race) used	供体品种 Donors	染色体 Chr.	连锁标记 Linked marker
Pi-a	B90002	Aichi Asahi	11	
Pi-b	BN209	IR24, BL1	2	C379~C2782B
Pi5/Pi3/Pi-i	PO6-6 等	Tetep	9	S04G03 与 C1454 之间的 170 kb 内
Pi-k	PO6-6, Ca89 等	Kusabue	11	R543(2.0 cM)
Pik-m	Ina 86-137 等	Tsuyuke	11	RM254(13.4 cM)~RM144(1.2 cM)
Pik-p		K60	11	
Pi-sh	Kyu77-07A	Shin-2	1	与 <i>pit</i> 连锁
Pi-t	V86010	K59	1	
Pi-ta	IK81-3, K81-25 等	Pai-kan-cao 等	12	RG241(5.2 cM), RZ397(3.3 cM)
Pi-2	PO6-6 等	Fukunishiki	6	RG64(2.8 cM)~R2123(2.7 cM)
Pi-9	PO6-6 等	小粒野生稻	6	RG64(23.8cM)~R2123(2.7cM)
Piz-t		TKM. 1	6	RG64(23.8cM)~R2123(2.7cM)
Pi-d2	ZB15	地谷	6	RM527(3.2 cM), RM3(3.4 cM)
Pi-d3	Zhong-10-8-14	地谷	6	
pi-21	/	Owarihatamochi	4	G271(5.0 cM), G317(8.5 cM)
Pi-36	CHL39	Q61	8	RM5647-CRG2
Pi-37	CHL1405 等	St. No. 1	1	RM543(0.7 cM), RM319(1.6 cM)
pb1	/	Modan	11	C189(1.2 cM)

### 3 分子标记辅助选择在稻瘟病抗性育种中的应用

随着现代分子生物学的发展,分子标记辅助选择(Marker-assisted selection, MAS)作为现代育种中一项强有力的技术,对传统育种起到了很大的促进作用。通过标记辅助选择与传统育种技

术相结合,利用与目标基因紧密连锁的标记,可以尽可能地打破连锁累赘,从而加快育种进程,缩短育种年限<sup>[11]</sup>。因为其高选择效率,并且不受时间和环境限制,已经成为当前最有前景的育种技术。在水稻抗稻瘟病育种方面,也已经有许多相关的研究工作,并取得了相应的研究成果。

分子标记辅助选择在基因聚合中已经取得了

很多的成果。基因聚合是将多个有利基因通过选育途径聚合到一个品种中,通常将多个抗病基因转入的一个品种中,得到一个持久抗性的品种,研究人员针对水稻稻瘟病抗性基因聚合做了大量的研究。Hittamani 等<sup>[12]</sup>将 *Pi-5*、*Pi-1* 和 *Pi-ta* 抗稻瘟病基因聚合到 BL124 品系中。倪大虎等<sup>[13]</sup>将抗白叶枯病基因 *Xa21* 和抗稻瘟病基因 *Pi29(t)* 聚合到一起,育成 4 个含双抗基因的株系。陈红旗<sup>[14]</sup>通过 SSR 标记 RM224、RM527 和 RM3215,将与这 3 个标记分别紧密连锁的稻瘟病抗性基因 *Pi-1*、*Pi-2* 和 *Pi-33(t)* 成功导入到金 23B 中。Zheng 等<sup>[15]</sup>通过 MAS 将抗稻瘟病基因 *Pi-1*、*Pi-2* 和 *Pi-4* 聚合到一起,得到同时包含有 3 个基因的植株。陈学伟等<sup>[16]</sup>通过标记辅助选择将分别来自地谷、BL-1、*Pi-4* 号 3 个品种的 3 个稻瘟病抗性基因 *Pi-d(t)1*、*Pi-b* 和 *Pi-ta2* 成功聚合到冈 46B 中。何光明等<sup>[17]</sup>通过分子标记辅助选择结合回交转育,首次成功地将抗衰老基因 *IPT*、抗白叶枯病基因 *Xa23* 和抗稻瘟病基因 *Pi26* 聚合到一起。柳武革等<sup>[18]</sup>将 BL122 中的稻瘟病广谱抗性基因 *Pi-1*、*Pi-2* 通过杂交、回交及分子标记辅助选择成功聚合到温敏核不育系 GD-7S 中。

分子标记辅助选择另一方面的主要应用是基因渗入,通常是指将供体亲本中个别有利基因通过回交转育结合分子标记辅助选择方法转到受体亲本当中。同样,在稻瘟病抗性育种中也有许多相应的研究。李仕贵等<sup>[19]</sup>对含有稻瘟病抗病基因 *Pi-d(t)* 地谷与感病品种江南香糯 8987 的  $F_2$  群体,通过与该基因紧密连锁的 SSR 标记 RM262 进行分子标记辅助选择,结果表明用该标记选择的分子结果与田间实际调查结果一致程度达到 98% 以上。而 Hittamani 等<sup>[20]</sup>利用与 *Pi-z5* 基因紧密连锁的标记进行选择,得到纯合抗病  $F_2$  植株的选择准确率达 100%。周海鹏等<sup>[21]</sup>利用与稻瘟病抗性基因 *Pi-25* 两侧紧密连锁的标记进行选择,所得的分子标记选择结果与表型验证结果准确程度达 96.3%。可见标记与目的基因连锁紧密程度对选择结果有一定的影响,同时也表明分子标记辅助选择在抗稻瘟病育种中的应用价值。刘士平等<sup>[22]</sup>通过利用与抗稻瘟病基因 *Pi-1* 紧密连锁的微卫星标记 RM144 和 RZ536 进行标

记选择,在珍汕 97 的  $BC_3F_1$  材料中筛选得到含有纯合 *Pi-1* 基因的单株共 17 株。刘洋等<sup>[23]</sup>通过抗稻瘟病基因 *Pib* 显性分子标记对 600 个  $F_2$  材料进行标记筛选,共得到含有该基因的纯合单株 185 株。王忠华等<sup>[24]</sup>利用与 *Pi-ta* 紧密连锁的标记对 350 个  $F_3$  株系进行标记筛选,得到 118 个含有该基因的纯合株系。而潘素君等则通过农杆菌介导法将稻瘟病广谱抗性基因 *Pi-9* 转入到籼稻品种 1701 中。

#### 4 问题与展望

近年来随着现代分子生物学及生物技术的不断发展,分子标记辅助选择被越来越多地应用到作物育种研究中,同时也收到了很好的效果。由于抗稻瘟病相关的遗传图谱不断被构建,与相关的抗稻瘟病基因紧密连锁的标记筛选、开发,稻瘟病抗性基因的不断定位及克隆,为分子标记辅助选择育种提供了极大的方便。与常规育种相比,标记辅助选择育种打破了环境的影响,克服了传统育种中抗性“易丧失”的特点。同时,其选择效率高,育种进程短,结果鉴定方便。从 20 世纪 80 年代至今,我国在稻瘟病抗性资源的搜集、开发工作中已取得了大量的成果,并且在抗稻瘟病品种培育上也取得了很大的进展,一批抗病、高产、优质的品种被培育出来并在生产中得到推广使用。

在取得大量成果的同时,抗稻瘟病育种工作中也存在着一些问题。首先,优良的稻瘟病抗性材料被过度利用,造成了不同品种中稻瘟病抗性基因相似或相同,抗性单一。这样容易在短时间内造成新的稻瘟病优势生理小种的出现,对抗病基因产生抗性,造成品种抗性的降低并最终失去对当前稻瘟病生理小种的抗性。而新的抗性资源的发掘较慢,同时广谱抗性材料的搜集和发掘工作收获也较少,这样就为抗稻瘟病育种造成了一定的阻碍。

其次,就目前已鉴定及克隆到的基因及相关的抗性材料,在育种应用中,多数都存在生育期不适合或是品质、株型等各方面的因素不理想,很难作为种质资源直接应用,而通过常规杂交希望得到中间育种材料也不是很容易,其抗性基因似乎与一些不利基因连锁较为紧密,很难通过常规方法打破。

再次,就分子标记辅助选择而言,虽然其已作

为一种重要的育种方法被广泛地应用在稻瘟病抗性育种中,但从结果来看,育成的品系或品种还相对较少,究其原因主要为,在基因定位时,构建的作图群体选取的亲本是有利于定位基因的,而该群体材料或许并非用于育种的材料,所以造成在完成定位工作后并不能直接用于育种研究。与抗性基因紧密连锁的标记,由于其与基因间存在的连锁重组率,可能会因为群体的不同而产生改变,从而导致育种的错误结果或失败。而且,通过研究发现,稻瘟病的抗性是数量性状,是由多基因控制的,而目前对于数量性状位点的定位难度还有些大,通过分子标记同时选择多位点多基因,现有的分子标记选择技术还有些困难。

因此,为了更快更好地培育出抗病、高产、优质的品种,使分子标记辅助选择能够更好地应用在稻瘟病抗性育种中,主要需从以下几个方面开展工作,首先,要继续引进新的抗性资源并进行标记鉴定工作,可以通过标记辅助选择,同时将几个优良的抗性基因导入到一个材料中去,通过基因聚合的方法培育出新的抗病资源,使其对稻瘟病生理小种存在广谱抗性。

其次,针对已有的抗性材料,可以通过扩大作图群体,增加标记数量,以达到对抗稻瘟病基因精细定位,尽可能缩短标记与抗性基因的遗传距离,尽可能地打破连锁累赘。同时,要与田间表型选择相结合,在挑选含有抗病基因植株的同时,要选取其它农艺性状同样优良的材料,继续进行回交选育,做到前景选择和背景选择同时进行。

再次,就标记辅助选择效率,可以尽可能通过已有的抗病基因序列信息开发的相应的新型的功能性标记,如 SNP、CAPs 等标记,这类标记是针对基因本身直接开发的,提高选择效率,很好地打破群体间的局限,提高选择准确率和选择效率。另外,由于稻瘟病的抗性是数量性状,是由多基因控制的,在进行抗稻瘟病育种研究工作中,通过基因聚合等相应的生物学方法,尽可能地将不同的优良抗性基因转入到同一材料中。

最后,水稻抗稻瘟病育种是一项系统而复杂的工作,还有很多问题有待于解决,很多难题有待于攻克,它涉及了很多领域,包括遗传、育种、分子生物学、生理、病理以及栽培等诸多学科,因此就需要多学科多方向共同努力,共同攻关。把常规

抗病育种与新技术,特别是分子生物学相关技术相结合,有效地开展分子标记辅助选择育种,基因聚合育种以及转基因育种,培育出更多的广谱持久抗病的高产优质的水稻品种,广泛应用于生产中。

#### 参考文献:

- [1] 刘占领,雷财林,程治军,等. 水稻稻瘟病抗性基因定位与克隆研究进展[J]. 作物杂志,2007(3):16-19.
- [2] Couch B C, Hohn L M. Amultilocus gene genealogy concordant with host preference indicates segregation of a new species, *Magnaporthe oryzae* [J]. *Mycologia*, 2002, 94: 683-693.
- [3] Ahn S W. International collaboration on breeding for resistance to rice blast[M]. Zeigler R S, Leong S A, Tend P S. Rice Blast Disease. Wallingford: CAB International, 1994: 65-86.
- [5] Wang G L, Mackill D J, Bonman M, et al. RFLP mapping of genes conferring complete and partial resistance to blast in a durably resistant rice cultivar[J]. *Genetics*, 1994, 136: 1421-1434.
- [6] 全国稻瘟病科研协作组. 水稻品种资源抗稻瘟病鉴定[J]. 中国农业科学, 1980, 13(44): 4-52.
- [7] 朱小源, 杨祁云, 刘斌, 等. 三黄占 2 号及其衍生品种抗稻瘟病特征研究[J]. 广东农业科学, 2003(2): 37-40.
- [8] 伍尚忠, 朱小源, 刘斌, 等. 籼稻品种三黄占 2 号的稻瘟病持久抗性评价与遗传分析[J]. 中国农业科学, 2004, 37(4): 528-534.
- [9] Deng Y W, Zhu X D, Shen Y, et al. Genetic characterization and fine mapping of the blast resistance locus *Pigm* (*t*) tightly linked to *Pi2* and *Pi9* in a broad-spectrum resistant Chinese variety[J]. *Theor Appl Genet*, 2006, 113: 705-713.
- [10] Li Luoye, Wang Ling, Jing Jinxue, et al. The *Pikm* gene, conferring stable resistance to isolates of *Magnaporthe oryzae*, was finely mapped in a crossover-cold region on rice chromosome 11[J]. *Molecular Breeding*, 2007, 20: 179-188.
- [11] Lee. DNA makers in plant Breeding programs[J]. *Adv. Agron*, 1995, 55: 265-344.
- [12] Hittalmani S, Parco A, Mew T V, et al. Fine mapping and DNA marker-assisted pyramiding of the three major genes for blast resistance in rice[J]. *Theor Appl Genet*, 2000, 100: 1121-1128.
- [13] 倪大虎, 易成新, 李莉, 等. 利用分子标记辅助选择聚合水稻基因 *Xa21* 和 *Pi9* (*t*) [J]. 分子植物育种, 2005, 3(3): 329-334.
- [14] 陈红旗, 陈宗祥, 倪深, 等. 利用分子标记技术聚合 3 个稻瘟病基因改良金 23B 的稻瘟病抗性[J]. 中国水稻科学, 2008, 22(1): 23-27.
- [15] Zheng K, Huang N, Bennettj. PCR-based marker-assisted

- selection in-rice breeding[Z]. IRRI Discussion Paper Series No. 12. International Rice Institute, P. O. Box 933, Manila, Philippines, 1995.
- [16] 陈学伟,李仕贵,马玉清,等. 水稻抗稻瘟病基因 *Pi-d(t)1*、*Pi-b*、*Pi-ta2* 的聚合及分子标记选择[J]. 生物工程学报, 2004, 20(5): 708-714.
- [17] 何光明,孙传清,付永彩,等. 水稻抗衰老 *IPT* 基因与抗白叶枯病基因 *Xa23* 的聚合研究[J]. 遗传学报, 2004, 31(8): 836-841.
- [18] 柳武革,王丰,金素娟,等. 利用分子标记辅助选择聚合 *P-i1* 和 *P-i2* 基因改良两系不育系稻瘟病抗性[J]. 作物学报, 2008, 34(7): 1128-1136.
- [19] 李仕贵,王玉平,黎汉云,等. 利用微卫星鉴定水稻的稻瘟病抗性[J]. 生物工程学报, 2000, 16(3): 324-327.
- [20] Hittalmani S, Parco A, Mew T V, et al. Fine map-ping and DNA marker-assisted pyramiding of the three major gene for blast resistance in rice[J]. Theor Appl Genet, 2000, 100: 1121-1128.
- [21] 周海鹏,占小登. 具抗稻瘟病基因 *Pi25* 杂交稻恢复系的分子标记辅助选育[J]. 中国水稻科学, 2008, 22(6): 590-596.
- [22] 刘士平,李信,汪朝阳,等. 利用分子标记辅助选择改良珍汕 97 的稻瘟病抗性(英文)[J]. 植物学报, 2003, 45(11): 1346-1350.
- [23] 刘洋,徐培洲. 水稻抗稻瘟病 *Pib* 基因的分子标记辅助选择与应用[J]. 中国农业科学, 2008, 41(1): 9-14.
- [24] 王忠华,贾育林,吴殿星,等. 水稻抗稻瘟病基因 *Pi-ta* 的分子标记辅助选择[J]. 作物学报, 2004, 30(12): 1259-1265.

## Research Progress of Molecular Marker-assisted Selection in Rice Blast Resistance Varieties Breeding

GUO Zhen-hua, LIU Chuan-xue, ZHANG Lan-min, GUAN Shi-wu, ZHANG Shu-hua, WANG Rui-ying, HUANG Xiao-qun

(Jiamusi Rice Research Institute of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Jiamusi, Heilongjiang 154026)

**Abstract:** Rice blast, as a worldwide fungal disease of rice, severely decreases the yield and quality of rice. The most economical and effective method to resist rice blast is researching resistance varieties. The identification of disease resistant germplasm resources, gene mapping, gene cloning, innovation and utilization of them were reviewed. Furthermore, it also prospected utilization of molecular marker-assisted selection in rice blast resistance varieties breeding.

**Key words:** rice; rice blast; molecular marker-assisted selection

### 损害农机的习惯及改进方法

- 1 新旧机油混用 许多机手在机油需更换时,不是全部更换,而是向曲轴箱补充新鲜机油,使机油不断地“累积”,误以为这样做既保证了柴油机的润滑需要,又节约了开支。殊不知,机油在经过长期使用后已变质,杂质增多,润滑质量下降,此时,即使经常补充新鲜机油,也不能使机油质量满足要求,致使机件磨损加快,大大缩短了气缸套和活塞等机件的使用寿命。同时,油中大量杂质会粘附于油道壁上,严重时堵塞油道发生故障。因此,在机油需更换时应一次全部换完。
- 2 随意调整气门间隙 大多数机手不用专用工具检验,而是通过晃动气门摇臂的感觉来判断气门间隙的大小。即使真的“八九不离十”,也会对柴油机的工作造成影响,轻者耗油量增大,发动机功率下降;重者使活塞与气门发生撞击,甚至引发烂活塞、折连杆、断曲轴和打缸体等重大故障。
- 3 长时间不清理排气管积炭 大多数机手忽视对机车排气管道的维护,长期不清理排气管的积炭,结果使排气管道截面变窄,排气受阻,导致发动机耗油率提高,功率下降,出现“过热”现象。因此,在一般情况下,每季度应对排气管积炭进行一次清理,确保柴油机排气通畅。
- 4 新机不磨合就投入负荷作业 有的机手买回新农机后,不按规定对机器进行试运转磨合就直接投入作业,致使机器的使用寿命大大缩短。所以在购回新机后,除了对其进行检查和保养外,还必须严格按照出厂说明书规定的试运转程序进行磨合,转速由低到高,负荷由轻到重,以消除零件摩擦面凹凸不平的加工痕迹,使其表面光滑。
- 5 作业前后不检查 许多机手对作业前后的检查根本不当一回事,致使农机在作业中零部件松动脱落,甚至伤害人体。因此,在农机作业前后,要细心停机检查各部位螺栓、螺母、垫圈、开口销等松动的要及时拧紧,丢失的要及时补齐,磨损变形的机件应立即修复,严防以小失大。