

DISTRIBUTION OF DERMATOPHYTE SPECIES CAUSING ONYCHOMYCOSIS IDENTIFIED BY MALDI-TOF MS AND SANGER SEQUENCING

Nguyen Thu Hang¹, Hoang Hong Manh^{2,3}, Vu Thi Dung³, Nguyen Thi Thu Hoai⁴, Tran Cam Van^{5*}

¹Hanoi Medical University - No. 1 Ton That Tung, Kim Lien Ward, Tp. Hanoi, Vietnam

²VNU University of Medicine and Pharmacy - 144 Xuan Thuy, Cau Giay Ward, Tp. Hanoi, Vietnam

³Bach Mai Hospital - 78 Giai Phong, Kim Lien Ward, Tp. Hanoi, Vietnam

⁴Thai Nguyen University of Medicine and Pharmacy -

284 Luong Ngoc Quyen, Phan Dinh Phung Ward, Thai Nguyen Province, Vietnam

⁵The National Center for Health Information, Vietnam Ministry of Health -
Alley 135/1 Nui Truc, Giang Vo Ward, Hanoi, Vietnam

Received: 12/03/2026

Revised: 22/05/2026; Accepted: 29/07/2026

ABSTRACT

Background: Onychomycosis is a common infectious disease in the community, predominantly caused by dermatophyte fungi. Accurate identification of the causative dermatophyte species is essential for selecting appropriate antifungal therapy and shortening treatment duration. This study aimed to identify dermatophyte species causing onychomycosis in patients treated at the National Hospital of Dermatology and Venereology using conventional methods combined with MALDI-TOF MS and Sanger sequencing.

Methods: A cross-sectional descriptive study was conducted on 149 patients diagnosed with onychomycosis at the National Hospital of Dermatology and Venereology from August 2022 to August 2023. Nail specimens were examined by direct microscopy, cultured, and identified using conventional morphology-based methods, combined with MALDI-TOF MS and Sanger sequencing.

Results: The positive culture rate for dermatophytes was 26.2% (39/149 samples). Conventional methods identified 27/39 isolates to the species level, accounting for 69.2%, while the remaining 12 isolates were identified only to the genus level. MALDI-TOF MS was performed on these 12 isolates and provided additional species-level identification for 9/12 isolates, including four isolates of *T. rubrum*, three of *T. tonsurans*, one of *T. interdigitale*, and one of *M. canis*; the remaining three isolates were identified only as *Trichophyton* spp. According to Sanger sequencing results, the genus *Trichophyton* predominated, accounting for 36/39 isolates (92.3%), whereas *Microsporum* accounted for 3/39 isolates (7.7%). The two most common species were *T. rubrum* with 16/39 isolates (41.0%) and *T. tonsurans* with 15/39 isolates (38.5%).

Conclusions: The genus *Trichophyton* was the predominant dermatophyte causing onychomycosis, with *T. rubrum* and *T. tonsurans* being the two most frequently identified species. Combining conventional methods with MALDI-TOF MS and Sanger sequencing improves the accuracy of dermatophyte species identification, thereby supporting etiological diagnosis and treatment orientation for onychomycosis.

Keyword: Onychomycosis, dermatophytes, *Trichophyton*, *Microsporum*, MALDI-TOF MS, Sanger sequencing.

*Corresponding author

Email: trancamvan.dl@gmail.com Phone: (+84) 918601231 DOI: 10.52163/yhc.v67iCD11.6090

PHÂN BỐ LOÀI DERMATOPHYTES GÂY NẤM MÓNG VÀ GIÁ TRỊ ĐỊNH DANH BẰNG MALDI-TOF MS, GIẢI TRÌNH TỰ SANGER

Nguyễn Thu Hằng¹, Hoàng Hồng Mạnh^{2,3}, Vũ Thị Dung³, Nguyễn Thị Thu Hoài⁴, Trần Cẩm Vân^{5*}

¹Trường Đại học Y Hà Nội - 1 Tôn Thất Tùng, P. Kim Liên, Tp. Hà Nội, Việt Nam

²Trường đại học Y Dược, ĐHQGHN - 144 Xuân Thủy, P. Cầu Giấy, Tp. Hà Nội, Việt Nam

³Bệnh viện Bạch Mai - 78 Giải Phóng, P. Kim Liên, Tp. Hà Nội, Việt Nam

⁴Trường Đại học Y Dược, Đại học Thái Nguyên - 284 Lương Ngọc Quyến, P. Phan Đình Phùng, Tỉnh Thái Nguyên, Việt Nam

⁵Trung tâm thông tin Y tế Quốc gia, Bộ Y tế - Ngõ 135/1 Núi Trúc, P. Giảng Võ, Tp. Hà Nội, Việt Nam

Ngày nhận: 12/03/2026

Ngày sửa: 22/05/2026; Ngày đăng: 29/07/2026

TÓM TẮT

Đặt vấn đề: Nấm móng là bệnh nhiễm nấm thường gặp, trong đó dermatophytes là nhóm căn nguyên quan trọng. Định danh chính xác loài nấm gây bệnh có ý nghĩa trong chẩn đoán căn nguyên, định hướng điều trị và theo dõi dịch tễ học. Nghiên cứu này nhằm xác định phân bố các loài dermatophytes gây nấm móng tại Bệnh viện Da liễu Trung ương bằng phương pháp thường quy kết hợp MALDI-TOF MS và giải trình tự Sanger.

Đối tượng và phương pháp nghiên cứu: Nghiên cứu mô tả cắt ngang được thực hiện trên 149 bệnh nhân được chẩn đoán nấm móng tại Bệnh viện Da liễu Trung ương từ tháng 8/2022 đến tháng 8/2023. Bệnh phẩm móng được soi trực tiếp, nuôi cấy và định danh nấm sợi bằng phương pháp thường quy dựa trên đặc điểm hình thái, kết hợp MALDI-TOF MS và giải trình tự Sanger.

Kết quả: Tỷ lệ nuôi cấy dương tính với nấm sợi dermatophytes là 26,2% (39/149 mẫu). Phương pháp thường quy định danh được 27/39 chủng đến mức loài, chiếm 69,2%; 12 chủng còn lại chỉ định danh được đến mức chi. MALDI-TOF MS được thực hiện trên 12 chủng này và định danh bổ sung được 9/12 chủng đến mức loài, gồm *T. rubrum* 4 chủng, *T. tonsurans* 3 chủng, *T. interdigitale* 1 chủng và *M. canis* 1 chủng; 3 chủng còn lại chỉ định danh được ở mức chi Trichophyton. Theo kết quả giải trình tự Sanger, chi Trichophyton chiếm ưu thế với 36/39 chủng (92,3%), trong khi chi Microsporum chiếm 3/39 chủng (7,7%). Hai loài thường gặp nhất là *T. rubrum* với 16/39 chủng (41,0%) và *T. tonsurans* với 15/39 chủng (38,5%).

Kết luận: Chi Trichophyton là căn nguyên nấm sợi chủ yếu gây nấm móng, trong đó *T. rubrum* và *T. tonsurans* là hai loài chiếm tỷ lệ cao nhất. Việc kết hợp phương pháp thường quy với MALDI-TOF MS và giải trình tự Sanger giúp định danh chính xác loài dermatophytes, góp phần hỗ trợ chẩn đoán căn nguyên và định hướng điều trị nấm móng.

Từ khóa: Nấm móng, nấm sợi, Trichophyton, Microsporum, MALDI-TOF MS, giải trình tự Sanger.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Nấm móng là một bệnh lý thường gặp trong thực hành da liễu, có căn nguyên đa dạng và biểu hiện lâm sàng phong phú, trong đó các loài nấm sợi (Dermatophytes) đóng vai trò quan trọng [1-5]. Các căn nguyên nấm sợi gây bệnh thuộc 3 chi: Trichophyton, Epidermophyton và Microsporum. Khoảng 90% tổn thương gặp ở móng chân và 75% tổn thương gặp ở móng tay gây nên bởi nấm sợi, phổ biến nhất là Trichophyton mentagrophytes và Trichophyton rubrum [2]. Việc xác định chính xác căn nguyên nấm gây bệnh có ý nghĩa thiết yếu trong chẩn đoán, lựa chọn thuốc kháng nấm phù hợp và nâng cao hiệu quả điều trị cho người bệnh.

Trong những năm gần đây, tại Việt Nam đã có những nghiên cứu bước đầu khảo sát đặc điểm sinh học và hình thái của các chủng nấm sợi gây bệnh nấm móng, góp phần cung cấp dữ liệu nền về căn nguyên và tính đa dạng sinh học của các loài nấm gây bệnh trong thực tế lâm sàng. Trong nghiên cứu về đặc điểm sinh học của các chủng nấm sợi gây bệnh nấm móng tại Bệnh viện Da liễu Trung ương đã cung cấp dữ liệu ban đầu về đặc điểm nuôi cấy, hình thái đại thể, vi thể và một số thử nghiệm sinh học – hóa học của các chủng dermatophytes phân lập từ

bệnh nhân nấm móng [6]. Tuy nhiên, việc định danh chủ yếu dựa trên phương pháp truyền thống nên vẫn còn hạn chế trong các trường hợp hình thái không điển hình hoặc có sự tương đồng giữa các loài.

Trong thực hành xét nghiệm, việc định danh chính xác nấm sợi đến mức độ loài vẫn còn nhiều thách thức, đặc biệt trong các trường hợp kết quả định danh bằng phương pháp thông thường chưa rõ ràng. Điều này không chỉ ảnh hưởng đến công tác chẩn đoán mà còn hạn chế giá trị của dữ liệu dịch tễ học phục vụ lâm sàng. Do đó, việc ứng dụng các kỹ thuật định danh hiện đại nhằm hỗ trợ và khẳng định kết quả của phương pháp truyền thống là cần thiết. Hiện nay, kỹ thuật MALDI-TOF MS và giải trình tự gen đã được ứng dụng ngày càng rộng rãi trong định danh vi sinh vật, cho phép xác định loài nhanh chóng với độ chính xác cao. Việc triển khai các kỹ thuật này trong định danh nấm sợi gây bệnh nấm móng không chỉ giúp chuẩn hóa kết quả định danh mà còn góp phần bổ sung dữ liệu dịch tễ học có giá trị cho thực hành da liễu. Trên cơ sở đó, nghiên cứu hiện tại tập trung xác định phân bố loài dermatophytes gây nấm móng, đồng thời bổ sung và đối chiếu các phương pháp định danh hiện đại gồm khối

*Tác giả liên hệ

Email: trancamvan.dl@gmail.com Điện thoại: (+84) 918601231 DOI: 10.52163/yhc.v67iCD11.6090

phổ MALDI-TOF MS và giải trình tự Sanger, nhằm xác định chính xác các loài nấm sợi gây bệnh nấm móng, góp phần hoàn thiện dữ liệu căn nguyên học và hỗ trợ nâng cao hiệu quả chẩn đoán, điều trị bệnh nấm móng trong thực hành lâm sàng.

2. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu

Đối tượng nghiên cứu bao gồm các bệnh nhân có tổn thương móng trên lâm sàng, nghi ngờ nấm móng, đến khám và được chẩn đoán tại Bệnh viện Da liễu Trung ương trong thời gian từ tháng 8 năm 2022 đến tháng 8 năm 2023.

- Tiêu chuẩn lựa chọn:

+ Bệnh nhân được bác sĩ chuyên khoa Da liễu chẩn đoán lâm sàng nghi ngờ nấm móng.

+ Có ít nhất một móng xuất hiện các tổn thương gợi ý nấm móng như đổi màu móng, dày móng, tăng sừng dưới móng, móng giòn hoặc vụn.

+ Có biểu hiện bong tách bản móng khỏi giường móng, biến dạng hoặc phá hủy cấu trúc móng phù hợp với một trong các thể lâm sàng của nấm móng.

+ Kết quả soi trực tiếp bệnh phẩm móng bằng dung dịch KOH ghi nhận sợi nấm.

+ Bệnh nhân đồng ý tham gia nghiên cứu

- Tiêu chuẩn loại trừ:

+ Bệnh nhân đã được điều trị bằng thuốc bôi chống nấm hoặc thuốc bột sừng, bong vảy trong vòng ít nhất 2 tuần trước thời điểm lấy mẫu.

+ Bệnh nhân có tổn thương móng do các bệnh da mạn tính khác không do nấm, bao gồm: vảy nến, lichen phẳng, loạn dưỡng 20 móng, viêm da cơ địa, hạt cơm dưới móng, chấn thương móng hoặc các nguyên nhân khác.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Thiết kế nghiên cứu và cỡ mẫu

Nghiên cứu được thực hiện theo thiết kế mô tả cắt ngang, nhằm trình bày các đặc điểm chung và xác định căn nguyên nấm gây bệnh nấm móng dựa trên kết quả xét nghiệm. Cỡ mẫu được lựa chọn theo phương pháp thuận tiện, bao gồm tất cả các bệnh nhân thỏa mãn tiêu chuẩn lựa chọn trong thời gian nghiên cứu.

2.2.2. Quy trình nghiên cứu

Các bệnh nhân được khám lâm sàng để chẩn đoán nấm móng, sau đó lấy mẫu bệnh phẩm móng tại vị trí tổn thương. Mẫu bệnh phẩm được soi trực tiếp với dung dịch KOH 20% nhằm phát hiện cấu trúc vi nấm, bao gồm sợi nấm, bào tử hoặc tế bào nấm men. Những mẫu soi tươi dương tính được tiếp tục nuôi cấy trên môi trường Sabouraud. Sau nuôi cấy, các chủng vi nấm phân lập thuần được định danh sơ bộ bằng phương pháp thông thường dựa trên đặc điểm hình thái đại thể của khuẩn lạc và đặc điểm vi thể [6]. Đồng thời, các chủng được định danh bằng MALDI-TOF MS sử dụng hệ thống MALDI Biotyper, Bruker Daltonik, Đức, phần mềm MBT Compass HT IVD và thư viện phổ tham chiếu của Bruker, bao gồm thư viện nấm men và nấm sợi. Đối với nấm sợi, khuẩn lạc thuần được tiến xử lý bằng quy trình chiết protein với ethanol, acid formic và acetonitrile trước khi phân tích. Kết quả MALDI-TOF MS được chấp nhận ở mức loài khi score $\geq 2,00$, ở mức chi khi score từ 1,70 đến $< 2,00$; score $< 1,70$ được xem là không đủ tin cậy.

Các chủng vi nấm tiếp tục được giải trình tự Sanger vùng ITS, bao gồm ITS1–5.8S–ITS2 rRNA, kết hợp một phần vùng 18S và 28S rRNA lân cận, với sản phẩm khuếch đại khoảng 800–1300 bp. Trình tự thu được được so sánh với

cơ sở dữ liệu GenBank bằng NCBI BLASTn. Định danh loài được chấp nhận khi độ tương đồng $\geq 99\%$, độ bao phủ $\geq 98\%$, E-value xấp xỉ 0 và các trình tự phù hợp nhất thống nhất cùng một loài. Trường hợp kết quả không đạt ngưỡng hoặc không phân biệt rõ giữa các loài gần nhau, chúng được báo cáo ở mức chi hoặc phức hợp loài.

2.3. Phương pháp xử lý số liệu

Xử lý số liệu theo phương pháp thống kê y học, sử dụng phần mềm SPSS 23.0. Sự khác biệt giữa 2 nhóm nghiên cứu có ý nghĩa thống kê nếu $p < 0,05$.

2.4. Đạo đức nghiên cứu

Nghiên cứu đã được Hội đồng Đạo đức trong nghiên cứu y sinh học của Trường Đại học Y Hà Nội và Bệnh viện Da liễu Trung ương chấp thuận. Người bệnh được giải thích đầy đủ về nghiên cứu và tự nguyện tham gia. Việc từ chối hoặc rút khỏi nghiên cứu không ảnh hưởng đến quá trình khám, tư vấn và điều trị. Tất cả thông tin cá nhân được bảo mật, dữ liệu nghiên cứu được mã hóa và chỉ sử dụng cho mục đích nghiên cứu.

3. KẾT QUẢ

Trong 39 chủng nấm sợi phân lập được từ 149 bệnh nhân (26,2%), phương pháp hình thái học định danh được 27/39 chủng đến mức loài (69,2%), trong khi 12/39 chủng (30,8%) chỉ định danh được đến mức chi, gồm 11 chủng thuộc chi Trichophyton và 1 chủng thuộc chi Microsporum. Cụ thể, Trichophyton tonsurans chiếm tỉ lệ cao nhất là 30,8%, sau đó là Trichophyton rubrum (28,2%). 12 mẫu không xác định được bằng phương pháp thông thường, trong đó 11 mẫu thuộc chi Trichophyton, 1 mẫu thuộc chi Microsporum.

Trong 12 mẫu nấm sợi không xác định được bằng phương pháp thông thường được định danh bằng khối phổ MALDI-TOF MS xác định được 4 mẫu thuộc loài Trichophyton rubrum (33,4), 3 mẫu thuộc loài Trichophyton tonsurans (25%), 1 mẫu thuộc loài Microsporum canis và 1 mẫu thuộc Trichophyton interdigitale (8,3%).

Bảng 1. Kết quả định danh loài nấm gây bệnh nấm móng bằng phương pháp thông thường (N = 39) và MALDI - TOF MS (n = 12)

Định danh hình thái học (N = 39)	n	%	Định danh MALDI - TOF MS (n = 12)	n	%
<i>T. rubrum</i>	11	28,2	-	-	-
<i>T. tonsurans</i>	12	30,8	-	-	-
<i>T. mentagrophytes</i>	2	5,1	-	-	-
<i>M. canis</i>	2	5,1	-	-	-
<i>Trichophyton spp.</i>	11	28,2	<i>T. rubrum</i>	3	25
			<i>T. tonsurans</i>	4	33,4
			<i>T. interdigitale</i>	1	8,3
			<i>Trichophyton spp.</i>	3	25
<i>Microsporum spp.</i>	1	2,6	<i>M. canis</i>	1	8,3

Giải trình tự Sanger định danh được toàn bộ 39/39 chủng đến mức loài. Trong đó, *T. rubrum* là loài chiếm tỷ lệ cao nhất với 16/39 chủng (41,0%), tiếp theo là *T. tonsurans* với 15/39 chủng (38,5%). Các loài còn lại bao gồm

T. interdigitale 3 chủng (7,7%), *M. canis* 3 chủng (7,7%) và *T. mentagrophytes* 2 chủng (5,1%). Kết quả này cho thấy Trichophyton là chi nấm chủ yếu gây nấm móng trong nghiên cứu, đồng thời giải trình tự Sanger giúp khẳng định định danh loài và hỗ trợ đối chiếu quả của phương pháp hình thái học và MALDI-TOF MS.

Bảng 2. Kết quả định danh loài nấm sợi gây bệnh nấm móng bằng giải trình tự (N = 39)

Định danh GTT Sanger	Số lượng	Tỉ lệ (%)
<i>T. tonsurans</i>	15	38,5
<i>T. rubrum</i>	16	41,0
<i>T. mentagrophytes</i>	2	5,1
<i>T. interdigitale</i>	3	7,7
<i>M. canis</i>	3	7,7

4. BÀN LUẬN

Trong nghiên cứu này, tổng cộng 149 bệnh nhân được chẩn đoán nấm móng có 39 mẫu (26,2%) nuôi cấy dương tính với nấm sợi dermatophytes. Tỷ lệ nuôi cấy dương tính trong nghiên cứu này thấp hơn so với một số báo cáo trước đây ghi nhận tỷ lệ nuôi cấy dương tính có thể đạt 60 - 65% đối với nấm móng do nấm sợi [2]. Kết quả này có thể liên quan đến chất lượng và vị trí lấy bệnh phẩm, đặc biệt nếu mẫu không được lấy tại vùng ranh giới giữa móng lành và móng bệnh, nơi nấm còn hoạt động. Ngoài ra, thời gian vận chuyển, điều kiện bảo quản, môi trường nuôi cấy, thời gian ủ, tình trạng tạp nhiễm và tiền sử sử dụng thuốc kháng nấm hoặc dung dịch sát khuẩn trước khi lấy mẫu cũng có thể làm giảm khả năng mọc nấm.

Trong 39 chủng nấm sợi phân lập được trong nghiên cứu đã được định danh loài bằng phương pháp thông thường dựa vào hình thái đại thể, vi thể và tính chất sinh lý hóa sinh, khối phổ MALDI-TOF và giải trình tự Sanger. Trong đó bằng phương pháp thông thường chúng tôi định danh chính xác được 27 mẫu cấy dương tính nấm sợi chiếm 69,23%. Tuy nhiên, một tỷ lệ không nhỏ các chủng nấm không thể định danh chính xác đến loài chỉ dựa trên hình thái và thử nghiệm sinh hóa, do sự chồng lấp về đặc điểm hình thái giữa các loài hoặc sự biến đổi hình thái trong điều kiện nuôi cấy khác nhau. Trong bối cảnh đó, việc ứng dụng khối phổ MALDI-TOF MS trong xác định các tác nhân nấm sợi gây nấm móng với nhiều ưu điểm vượt trội nhằm cho phép định danh nhanh, độ chính xác cao và ít phụ thuộc vào kinh nghiệm của kỹ thuật viên [7]. Trong nghiên cứu của chúng tôi, MALDI-TOF MS đã giúp định danh chính xác các mẫu trước đó chưa xác định được bằng phương pháp truyền thống, chủ yếu là các loài *Trichophyton rubrum*, *Trichophyton tonsurans*, *Trichophyton interdigitale* và *Microsporum canis*. Điều này khẳng định MALDI-TOF MS là công cụ hiệu quả, đặc biệt trong các trường hợp khó định danh bằng hình thái học. Mặc dù vậy, MALDI-TOF MS vẫn tồn tại những hạn chế nhất định, liên quan đến cơ sở dữ liệu pham chiếu chưa đầy đủ cho một số loài hoặc phức hợp loài Dermatophytes. Do đó, giải trình tự gen (Sanger sequencing) tiếp tục được xem là “tiêu chuẩn vàng” trong các trường hợp cần khẳng định loài. Việc kết hợp MALDI-TOF MS với giải trình tự gen trong nghiên cứu này đã giúp xác định đầy đủ 100% các chủng nấm sợi nuôi cấy dương tính, đồng thời cung cấp bức tranh toàn diện về phân bố loài Dermatophytes gây nấm móng tại Bệnh viện Da liễu Trung ương. Về phân bố loài thuộc chi *Trichophyton* (92,3%); trong đó *T. rubrum* chiếm tỉ lệ cao nhất là 41% (16 mẫu), sau đó là *T. tonsurans* 38,5% (15

mẫu); hai loài chiếm tỉ lệ thấp hơn là *T. interdigitale* và *T. mentagrophytes* với tỉ lệ lần lượt là 7,7% và 5,1%. Chi *Microsporum* chiếm tỉ lệ 7,7% đều thuộc loài *Microsporum canis*; tỉ lệ này cao hơn so với các nghiên cứu trước đó, theo Crozier tỉ lệ này là nhỏ hơn 1% [8],[9]; theo nghiên cứu của Erick Martínez và cộng sự trên 4420 bệnh nhân nấm móng do nấm sợi từ năm 2008 đến năm 2011, tỉ lệ bệnh do *Microsporum canis* là 0,24% [10]. Sự khác biệt về phân bố loài giữa các khu vực địa lý cũng được ghi nhận trong y văn, phản ánh vai trò của yếu tố môi trường, khí hậu và tập quán sinh hoạt. Tỉ lệ các loài nấm gây bệnh có sự khác nhau giữa các châu lục; ở châu Phi, nghiên cứu ở Madagascar do Norsoa Julie Zafindraibe và cộng sự kéo dài 13 năm cho thấy nấm móng do nấm sợi chủ yếu do các chi *Trichophyton* [11], ở Trung Quốc theo nghiên cứu của Wu và cộng sự trong thời gian 30 năm với hơn 30000 ca bệnh nấm da và nấm móng, tỉ lệ bệnh do *Trichophyton rubrum* giảm từ 75% xuống 57%, ngược lại tỉ lệ bệnh do *Trichophyton mentagrophytes* tăng từ 18-24% [12]. Nhìn chung, kết quả nghiên cứu cho thấy việc kết hợp giữa nuôi cấy, đánh giá đặc điểm hình thái đại thể, vi thể truyền thống với các kỹ thuật hiện đại như MALDI-TOF MS và giải trình tự gen không chỉ nâng cao độ chính xác trong định danh tác nhân gây bệnh mà còn góp phần làm rõ đặc điểm dịch tễ và sinh học của các chủng nấm sợi gây nấm móng. Đây là cơ sở quan trọng cho việc lựa chọn chiến lược chẩn đoán và điều trị phù hợp, đồng thời góp phần cập nhật dữ liệu về nấm học y học tại Việt Nam.

5. KẾT LUẬN

Chi *Trichophyton* là căn nguyên nấm sợi chủ yếu gây nấm móng, chiếm 92,3%; trong đó *T. rubrum* và *T. tonsurans* là hai loài thường gặp nhất, lần lượt chiếm 41,0% và 38,5%. Việc kết hợp phương pháp thường quy với MALDI-TOF MS và giải trình tự Sanger giúp định danh chính xác loài dermatophytes, góp phần hỗ trợ chẩn đoán căn nguyên và định hướng điều trị nấm móng.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] Lipner SR, Scher RK. Onychomycosis: Clinical overview and diagnosis. *J Am Acad Dermatol*. 2019;80(4):835-851. doi:10.1016/j.jaad.2018.03.062
- [2] Leung AKC, Lam JM, Leong KF, et al. Onychomycosis: An Updated Review. *Recent Pat Inflamm Allergy Drug Discov*. 2020;14(1):32-45. doi:10.2174/1872213X13666191026090713
- [3] Theel ES, Hall L, Mandrekar J, Wengenack NL. Dermatophyte Identification Using Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry. *J Clin Microbiol*. 2011;49(12):4067-4071. doi:10.1128/JCM.01280-11
- [4] Piraccini B, Alessandrini A. Onychomycosis: A Review. *J Fungi*. 2015;1(1):30-43. doi:10.3390/jof1010030
- [5] Hay RJ, Baran R. Onychomycosis: A proposed revision of the clinical classification. *J Am Acad Dermatol*. 2011;65(6):1219-1227. doi:10.1016/j.jaad.2010.09.730
- [6] Hoàng Hồng Mạnh, Trần Cẩm Vân, and Nguyễn Thị Hà Vinh. "Đặc điểm sinh học của chủng nấm sợi gây bệnh nấm móng." *Tạp chí Y học Việt Nam* 535.1 (2024).
- [7] L'Ollivier C, Ranque S. MALDI-TOF-Based Der-

- matophyte Identification. Mycopathologia. 2017;182(1-2):183-192. doi:10.1007/s11046-016-0080-x
- [8] Crozier WJ, Lavrin LM. An uncommon case of onychomycosis due to *Microsporum canis*. Australas J Dermatol. 1979;20(3):144-146. doi:10.1111/j.1440-0960.1979.tb00225.x
- [9] André J, De Doncker P, Laporte M, et al. Onychomycosis caused by *Microsporum canis*: Treatment with itraconazole. J Am Acad Dermatol. 1995;32(6):1052-1053. doi:10.1016/0190-9622(95)91361-0
- [10] Martínez E, Ameen M, Tejada D, Arenas R. *Microsporum* spp. onychomycosis: disease presentation, risk factors and treatment responses in an urban population. Braz J Infect Dis. 2013;18(2):181-186. doi:10.1016/j.bjid.2013.08.005
- [11] Julie Zafindraibe N, Mireille FA, Rakotoarivelo ZH, et al. Onychomycosis: experience of the laboratory of parasitology-mycology of CHU-Joseph Ravoahangy Andrianavalona, Antananarivo, Madagascar. Pan Afr Med J. 2021;40. doi:10.11604/pamj.2021.40.176.25216
- [12] Wu SX, Guo NR, Li XF, et al. Human Pathogenic Fungi in China-Emerging Trends from Ongoing National Survey for 1986, 1996, and 2006. Mycopathologia. 2011;171(6):387-393. doi:10.1007/s11046-011-9398-6

