

¿Cómo puede utilizarse la secuenciación de célula única para...

Question: ¿Cómo puede utilizarse la secuenciación de célula única para identificar subpoblaciones celulares resistentes al tratamiento en tumores sólidos?

Overview

 Applying searching strategies...

Screening Results


↳ Base de datos: Europe PMC

↳ Consulta de búsqueda: ("single-cell sequencing" OR "single-cell RNA sequencing" OR "scRNA-seq" OR "single-cell transcriptomics") AND ("treatment resistance" OR "therapy resistance" OR "drug resistance" OR "resistant subpopulation" OR "resistant cell population") AND ("solid tumor" OR "solid tumour" OR "cancer" OR "tumor microenvironment") AND ("cell subpopulation" OR "cellular heterogeneity" OR "clonal evolution" OR "resistant clone")

↳ Total identificado: 4,821

↳ Tras cribado de relevancia: 20

↳ Excluidos: 4,801

 Este informe se basa en el cribado de resúmenes de Europe PMC. El cribado de texto completo requiere acceso institucional y debe ser completado por el usuario. La etapa de evaluación de texto completo del diagrama PRISMA no está incluida en este resultado.

 4821 estudios analizados · Top 20 sintetizados

↳ Clasificado por KlastroHeron utilizando criterios de relevancia disponibles públicamente

↳ Impacto de citación:  Top 1 %,  Top 5 %,  Top 10 % mostrado

↳ 4801 estudios de menor relevancia excluidos

 Found 20 papers. Analyzing...

Evidencia de Investigación:

- La secuenciación de RNA de célula única (scRNA-seq) ha permitido identificar subpoblaciones celulares con fenotipos transicionales en el adenocarcinoma ductal pancreático (PDAC), incluyendo células epiteliales malignas, fibroblastos asociados al cáncer (CAFs) heterogéneos, neutrófilos y macrófagos asociados al tumor (TANs y TAMs), y componentes neurales como las células de Schwann, todos los cuales contribuyen a la evasión inmune y la progresión tumoral. DOI: <https://doi.org/10.3390/biomedicines13123024>
- En cáncer de vejiga, la integración de datasets de scRNA-seq de muestras sensibles y resistentes a cisplatino permitió identificar subpoblaciones clave de células resistentes, caracterizadas por reprogramación metabólica (glucólisis, reparación de daño al DNA, metabolismo de fármacos) y comunicación célula-célula intensificada entre subconjuntos resistentes y células inmunes. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jbc.2026.111304>
- En cáncer de mama metastásico (MBC), la transcriptómica de célula única (SCT) ha revelado clones resistentes al tratamiento, células madre tumorales (cancer stem-like cells) y estados de transición epitelio-mesenquimal (EMT), superando las limitaciones del bulk transcriptomics tradicional para capturar subpoblaciones raras y expresión génica específica del contexto. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2025.1669741>
- En cáncer de vejiga, las tecnologías de secuenciación de célula única (SCS) han mejorado sustancialmente la detección de heterogeneidad intratumoral e intertumoral, ofreciendo análisis de alta resolución y sin sesgos de los patrones de expresión génica a nivel de célula individual, lo que resulta esencial para diseñar estrategias de tratamiento individualizadas. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12935-025-04094-1>
- En meningiomas, los avances en secuenciación de célula única han permitido perfilar la heterogeneidad intratumoral e intertumoral, identificar redes reguladoras génicas y caracterizar poblaciones celulares distintas dentro del microambiente tumoral (TME) que impulsan el comportamiento tumoral, incluyendo posibles subpoblaciones resistentes. DOI: <https://doi.org/10.1093/noajnl/vdaf133>

Implicaciones Clínicas e Investigativas:

- Este informe está orientado a revisión bibliográfica, educación clínica y referencia profesional; no reemplaza el juicio clínico individualizado ni constituye una recomendación diagnóstica o terapéutica específica para pacientes.
- La scRNA-seq permite diseccionar la heterogeneidad intratumoral con una resolución sin precedentes, lo que facilita la identificación de subpoblaciones celulares minoritarias que pueden ser responsables de la resistencia al tratamiento y que pasarían desapercibidas con técnicas de bulk sequencing.
- La caracterización del microambiente tumoral (TME) mediante scRNA-seq revela interacciones complejas entre células tumorales resistentes, fibroblastos, células inmunes y componentes neurales, lo que puede orientar el desarrollo de estrategias terapéuticas combinadas dirigidas a múltiples componentes del TME.
- El análisis de comunicación célula-célula (cell-cell communication analysis) derivado de datos de scRNA-seq identifica vías de señalización activas entre subpoblaciones resistentes, ofreciendo dianas moleculares potenciales para superar la resistencia.
- La integración de scRNA-seq con validación experimental in vitro fortalece la traslación de los hallazgos hacia aplicaciones clínicas, como se ha demostrado en modelos de resistencia a cisplatino en cáncer de vejiga.
- La plasticidad transcripcional y la dinámica de linajes celulares identificadas mediante SCT en tumores metastásicos sugieren que la resistencia al tratamiento puede ser un estado celular dinámico y reversible, con implicaciones para el diseño de terapias secuenciales o combinadas.

Limitations

Limitaciones de los Estudios:

- La mayoría de los estudios disponibles se basan en análisis de abstracts, por lo que los detalles metodológicos completos, los tamaños muestrales exactos y los criterios de inclusión/exclusión no pueden evaluarse en su totalidad.
- La heterogeneidad en los protocolos de scRNA-seq (plataformas, profundidad de secuenciación, métodos de integración de datos) entre estudios dificulta la comparación directa de resultados entre tipos tumorales.
- Muchos hallazgos de scRNA-seq se obtienen de cohortes de pacientes relativamente pequeñas, lo que puede limitar la generalización de las subpoblaciones identificadas a poblaciones más amplias y diversas.
- La validación funcional de las subpoblaciones resistentes identificadas mediante scRNA-seq requiere modelos experimentales adicionales (in vitro e in vivo), y no todos los estudios incluyen esta validación de forma sistemática.
- Los datos de scRNA-seq capturan un estado transcripcional en un momento determinado (snapshot), lo que puede no reflejar la dinámica temporal de la resistencia al tratamiento durante la evolución tumoral.
- La integración de datos espaciales (spatial transcriptomics) con scRNA-seq, aunque prometedora, aún no está ampliamente implementada en todos los tipos de tumores sólidos revisados.

Summary

Resumen de la Evidencia:

- La secuenciación de célula única (scRNA-seq y SCT) representa una herramienta transformadora para identificar subpoblaciones celulares resistentes al tratamiento en tumores sólidos, al permitir el análisis de alta resolución de la heterogeneidad intratumoral que los métodos convencionales de bulk sequencing no pueden capturar.
- Los mecanismos de resistencia identificados mediante scRNA-seq incluyen reprogramación metabólica, activación de vías de reparación del DNA, transición epitelio-mesenquimal, comunicación intercelular alterada dentro del TME y la presencia de células madre tumorales con capacidad de autorrenovación.
- La aplicación de esta tecnología en cáncer de vejiga, cáncer de mama metastásico, PDAC y meningiomas ha demostrado su utilidad para caracterizar el TME, identificar dianas terapéuticas y orientar el desarrollo de estrategias de tratamiento individualizadas.
- Para la toma de decisiones clínicas específicas sobre el manejo de pacientes con tumores resistentes al tratamiento, se requiere la evaluación por parte de un equipo multidisciplinar especializado, considerando los resultados de pruebas moleculares validadas, las guías clínicas nacionales e internacionales vigentes, y las características individuales de cada paciente.

 **Resumen metodológico de los 5 estudios principales**

Referencia # 1: Ellenbogen Y, Landry AP, Yefet LS, Ajisebutu A, Gui C, Persaud P, Kaloti R, Nassiri F. (2026)

DOI: <https://doi.org/10.1093/noajnl/vdaf133>

Tipo de estudio: Review

Diseño: Revisión narrativa del panorama actual de la genómica de célula única en la investigación de meningiomas

Tamaño de muestra: No especificado

Duración: No especificado

Modelo/Población:

- Literatura científica sobre meningiomas, el tumor intracraneal primario más común en adultos

Intervención:

- Tratamiento: No aplica (estudio de revisión)
- Comparador: Comparación entre análisis genómicos masivos tradicionales e histopatología versus tecnologías de secuenciación de célula única
- Parámetros: No aplica

Metodología:

- Revisión de tecnologías de secuenciación de célula única para análisis del transcriptoma y epigenoma a resolución de célula única
- Análisis de datos espacialmente resueltos y enfoques de genómica funcional
- Evaluación de la heterogeneidad intratumoral e intertumoral mediante perfilado de poblaciones celulares
- Identificación de redes reguladoras génicas y caracterización del microambiente tumoral

Resultados:

- Heterogeneidad intratumoral e intertumoral
- Redes reguladoras de genes
- Caracterización de poblaciones celulares distintas en el microambiente tumoral
- Comportamiento tumoral impulsado por células del microambiente

Enfoque: Se examina el panorama actual de la genómica de célula única en meningiomas, destacando oportunidades para descubrimientos futuros mediante tecnologías ómicas avanzadas.

Referencia # 2: Chen K, Chen Z, Wang J, Zhou M, Liu Y, Xu B, Yu Z, Li Y, Yang G, Xu T. (2025)

DOI: <https://doi.org/10.3390/biomedicines13123024>

Tipo de estudio: Review

Diseño: Revisión narrativa de la literatura sobre secuenciación de célula única (scRNA-seq) en adenocarcinoma ductal pancreático (PDAC)

Tamaño de muestra: No especificado

Duración: Cubre avances tecnológicos del período 2023 a 2025

Modelo/Población:

- Literatura científica sobre PDAC, microambiente tumoral, subpoblaciones celulares y tecnologías de secuenciación de célula única

Intervención:

- Tratamiento: No aplica (revisión); se discuten terapias combinadas dirigidas a subpoblaciones celulares específicas
- Comparador: No especificado
- Parámetros: Integración multi-ómica (transcriptómica, epigenómica, proteómica); resolución espacial; herramientas computacionales personalizadas

Metodología:

- Revisión de tecnologías de scRNA-seq con enfoque en innovaciones de preprocesamiento de muestras y resolución espacial
- Análisis de integración multi-ómica combinando transcriptómica con epigenómica y proteómica para el estudio del PDAC
- Evaluación de herramientas computacionales adaptadas a los desafíos específicos del adenocarcinoma ductal pancreático
- Revisión de aplicaciones clínicas como biopsia líquida, subtipificación celular e identificación de biomarcadores (CLIC4, GAS2L1, Citoqueratinas, Vimentina, N-cadherina)

Resultados:

- Heterogeneidad celular del microambiente tumoral (TME) en PDAC

- Identificación de subpoblaciones celulares: células epiteliales malignas, CAFs, TANs, TAMs, células de Schwann
- Validación de biomarcadores en células tumorales circulantes
- Desarrollo de estrategias terapéuticas personalizadas y terapias combinadas

Enfoque: La revisión examina cómo la secuenciación de célula única (scRNA-seq) desvela la heterogeneidad celular y el microambiente tumoral del adenocarcinoma ductal pancreático, informando nuevas estrategias diagnósticas y terapéuticas.

Referencia # 3: Xu L, Lin Y, Shi G, Zhang L, Lin X, Zhang T. (2026)

DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jbc.2026.111304>

Tipo de estudio: Mechanism Study

Diseño: Estudio integrado de secuenciación de ARN unicelular con validación experimental in vitro; diseño comparativo entre muestras sensibles y resistentes a cisplatino

Tamaño de muestra: No especificado explícitamente; múltiples conjuntos de datos de scRNA-seq integrados

Duración: No especificado

Modelo/Población:

- Muestras de cáncer de vejiga (sensibles y resistentes a cisplatino); línea celular de cáncer de vejiga resistente a cisplatino; macrófagos (análisis de comunicación celular)

Intervención:

- Tratamiento: Cisplatino; knockdown de SPINK1; inhibición farmacológica de MIF
- Comparador: Muestras/células sensibles a cisplatino vs. resistentes a cisplatino
- Parámetros: IC50 de cisplatino medido tras knockdown de SPINK1; inhibición del eje MIF para revertir tolerancia de macrófagos

Metodología:

- Secuenciación de ARN unicelular (scRNA-seq) integrada de muestras de cáncer de vejiga sensibles y resistentes a cisplatino
- Análisis de comunicación célula-célula para identificar interacciones entre subpoblaciones resistentes, células inmunes y fibroblastos
- Análisis de trayectoria de desarrollo para caracterizar la transición dinámica de fibroblastos entre estados sensible y resistente

- Validación funcional mediante knockdown de SPINK1 en línea celular resistente e inhibición farmacológica del eje MIF

Resultados:

- IC50 de cisplatino tras knockdown de SPINK1
- Expresión de SPINK1 tras inducción de resistencia
- Activación de vías de señalización: MIF, trombospondina, MHC-II y fibronectina 1
- Tolerancia de macrófagos a cisplatino mediada por el eje MIF

Enfoque: Se investigaron los mecanismos moleculares de resistencia al cisplatino en cáncer de vejiga, identificando subpoblaciones celulares clave, reprogramación metabólica y redes de comunicación intercelular en el microambiente tumoral.

Referencia # 4: Han X, Li X, Bai L, Zhang G. (2025)

DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2025.1669741>

Tipo de estudio: Review

Diseño: Revisión narrativa integradora sobre el uso de la transcriptómica de célula única en el cáncer de mama metastásico

Tamaño de muestra: No especificado

Duración: No especificado

Modelo/Población:

- Literatura científica sobre cáncer de mama metastásico, con enfoque en estudios de transcriptómica de célula única y plataformas multi-ómicas

Intervención:

- Tratamiento: Transcriptómica de célula única (SCT); transcriptómica espacial; plataformas multi-ómicas
- Comparador: Transcriptómica masiva tradicional (bulk transcriptomics)
- Parámetros: No aplica; enfoque metodológico-tecnológico comparativo entre enfoques de resolución celular individual vs. análisis masivo

Metodología:

- Revisión del uso de SCT para mapear evolución tumoral, heterogeneidad clonal y espacial en cáncer de mama metastásico
- Análisis de la interacción entre células cancerosas y componentes del microambiente tumoral (inmunes, estromales, endoteliales)

- Integración de SCT con transcriptómica espacial y plataformas multi-ómicas para una visión ecosistémica del tumor
- Discusión de aplicaciones traslacionales: biomarcadores, biopsia líquida, oncología de precisión y desafíos técnicos clínicos

Resultados:

- Composición tumoral y dinámica de linajes celulares
- Identificación de células madre cancerosas y estados de transición epitelio-mesenquimal
- Mecanismos de resistencia terapéutica y reprogramación transcripcional
- Evasión inmune y formación del nicho metastásico

Enfoque: La revisión examina cómo la transcriptómica de célula única transforma la comprensión del cáncer de mama metastásico al revelar heterogeneidad tumoral, resistencia terapéutica y nuevas estrategias de tratamiento de precisión.

Referencia # 5: Liufu C, Ye S, Yin C, Zhu T, Jiang J, Wang Y, Shi B. (2025)

DOI: <https://doi.org/10.1186/s12935-025-04094-1>

Tipo de estudio: Review

Diseño: Artículo de revisión narrativa sobre avances en tecnologías de secuenciación de célula única y sus aplicaciones en cáncer de vejiga

Tamaño de muestra: No especificado

Duración: No especificado

Modelo/Población:

- Literatura científica sobre cáncer de vejiga (BCa), con enfoque en estudios de secuenciación de célula única (SCS)

Intervención:

- Tratamiento: Secuenciación de célula única (SCS); secuenciación de transcriptoma de célula única
- Comparador: Secuenciación de alto rendimiento tradicional (secuenciación masiva convencional)
- Parámetros: No aplica — estudio de revisión sin parámetros experimentales directos

Metodología:

- Revisión narrativa de avances tecnológicos en secuenciación de célula única (SCS)

- Análisis comparativo entre secuenciación tradicional de alto rendimiento y SCS en resolución de heterogeneidad celular
- Evaluación de aplicaciones de SCS en microambiente tumoral, metástasis y resistencia al tratamiento
- Enfoque en análisis de expresión génica a nivel de célula única con alta resolución y sin sesgos

Resultados:

- Heterogeneidad tumoral inter e intratumoral en cáncer de vejiga
- Caracterización del microambiente tumoral
- Mecanismos de metástasis
- Resistencia al tratamiento

Enfoque: Se revisan los avances de la secuenciación de célula única y su capacidad para revelar la diversidad celular tumoral en cáncer de vejiga, con implicaciones para estrategias de tratamiento individualizado.

Patrones metodológicos entre estudios:

Tipos de estudio:

- Review: 4 estudios
- Mechanism Study: 1 estudio

Modelos de investigación:

- Literature: 4 estudios
- Multiple: 1 estudio

Intervenciones estudiadas:

- Cisplatino; knockdown de SPINK1; inhibición farmacológica de MIF
- Secuenciación de célula única (SCS); secuenciación de transcriptoma de célula única
- No aplica (revisión); se discuten terapias combinadas dirigidas a subpoblaciones celulares específicas
- No aplica (estudio de revisión)
- Transcriptómica de célula única (SCT); transcriptómica espacial; plataformas multi-ómicas

 **Ideas para el diseño de investigación:**

Para revisiones/metaanálisis:

- Registrar criterios de inclusión
- Revisar enfoques analíticos
- Definir el alcance

Recomendaciones generales:

- La consistencia metodológica mejora la reproducibilidad
- Los enfoques comunes suelen estar mejor validados
- Adaptar protocolos al contexto

 **Nota importante:**

Estos resúmenes se basan en resúmenes con detalles limitados.

Para protocolos completos:

- Acceder a textos completos vía DOI
- Revisar secciones de Métodos
- Consultar materiales suplementarios
- Contactar a los autores si es necesario
- Verificar requisitos regulatorios

References

References:

- Current landscape of single-cell genomics in meningioma.

Authors: Ellenbogen Y, Landry AP, Yefet LS, Ajisebutu A, Gui C, Persaud P, Kaloti R, Nassiri F

DOI: <https://doi.org/10.1093/noajnl/vdaf133>

- Single-Cell Sequencing Unravels Pancreatic Cancer: Novel Technologies Reveal Novel Aspects of Cellular Heterogeneity and Inform Therapeutic Strategies.

Authors: Chen K, Chen Z, Wang J, Zhou M, Liu Y, Xu B, Yu Z, Li Y, Yang G, Xu T

DOI: <https://doi.org/10.3390/biomedicines13123024>

 6 |  Top 1%

- Single-cell insights into cisplatin resistance mechanisms in bladder cancer tumor microenvironment.

Authors: Xu L, Lin Y, Shi G, Zhang L, Lin X, Zhang T

DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jbc.2026.111304>

- Single-cell transcriptomics in metastatic breast cancer: mapping tumor evolution and therapeutic resistance.

Authors: Han X, Li X, Bai L, Zhang G

DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2025.1669741>

 2 |  Top 5%

- Single-cell sequencing in bladder cancer: new insights from tumor cell diversity to individualized treatment strategies.

Authors: Liufu C, Ye S, Yin C, Zhu T, Jiang J, Wang Y, Shi B

DOI: <https://doi.org/10.1186/s12935-025-04094-1>

- Single-cell insights into tumor microenvironment heterogeneity and plasticity: transforming precision therapy in gastrointestinal cancers.

Authors: Weng J, Ju F, Lyu Z, Fan N, Smit DJ, Xu W, Wu X, Becker P, Xu Y, Schweiger MR, Hillmer AM, Harwig R, Gul S, Link A, Meder L, Fang N, Dong Q, Bruns CJ, Ren N, Zhao Y

DOI: <https://doi.org/10.1186/s13046-025-03567-5>

 8 |  Top 1%

- Single-cell sequencing reveals the complexity of cutaneous T-cell lymphoma.

Authors: Du J, Yuan HR, Lin ZH, Pan YE, Zhang SQ, Ye ZJ, Lyu JT

DOI: <https://doi.org/10.1007/s12672-025-04063-0>

 1 |  Top 5%

- Harnessing Cancer Stem Cells and 3D Organoids in Unravelling Spatial and Cellular Heterogeneity in Cancer.

Authors: Kwak E, Kim H, Kim E

DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms27093790>

- Tumor heterogeneity assessment using single-cell RNA sequencing (scRNA-seq): applications in lung cancer for diagnosis and treatment.

Authors: Bica C, Zanoaga O, Pop L, Ciocan C, Raduly L, Nuțu A, Berindan-Neagoe I, Bender A

DOI: <https://doi.org/10.3389/fimmu.2025.1693784>

 2 |  Top 5%

- Single-Cell RNA Sequencing in Unraveling Acquired Resistance to EGFR-TKIs in Non-Small Cell Lung Cancer: New Perspectives.

Authors: Peng L, Deng S, Li J, Zhang Y, Zhang L

DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms26041483>

 6 |  Top 5%

- Dissecting neuroblastoma heterogeneity through single-cell multi-omics: insights into development, immunity, and therapeutic resistance.

Authors: He GQ, He SJ, Jing XY, Dai YL, Guo X, Gao J, Zhang W

DOI: <https://doi.org/10.1038/s41388-025-03635-2>

 5 |  Top 1%

- RARRES1 marks an immune-cold, chemoresistance-associated malignant epithelial subpopulation enriched in pancreatic ductal adenocarcinoma.

Authors: Ge H, Zhou J, Ghadban T, Wolters-Eisfeld G, Hackert T, Wang D, Liu W, Güngör C

DOI: <https://doi.org/10.1007/s00262-026-04361-8>

- A Multi-Omics Framework Reveals Tumor Heterogeneity and Predicts Therapeutic Targets in Renal Cell Carcinoma.

Authors: Yin X, Zhou Z, Xue Y, Zheng Y, Yu W, Geng Z, Sun Y, Wang L, Chen Z, Wang S, Wang L, Zhao H

DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms27104456>

- Colorectal Cancer Organoid Model Reveals the Mechanisms of Irinotecan Resistance at Single-Cell Resolution.

Authors: Pan Y, Chen L, Hu Y, Chang J, Xu X, Xu S, Li Y, Du J, Wang J, Xu W

DOI: <https://doi.org/10.1002/cam4.71550>

- Integrated transcriptomic and single-cell analysis reveals cell cycle dysregulation and cellular heterogeneity in lung cancer.

Authors: Zhang Y, Che W, Li Q, Huang W

DOI: <https://doi.org/10.1007/s12672-025-04303-3>

- Single-cell and spatial transcriptome analysis of breast cancer tumor-associated fibroblast heterogeneity and its mediated remodeling of the tumor microenvironment.

Authors: Liu Y, He T, Tang C, Li F

DOI: <https://doi.org/10.1186/s12885-026-16003-4>

- Prognostic Role of Uric Acid-Related Gene Signatures in Glioblastoma Multiforme: Insights from Bulk RNA and Single-Cell RNA Sequencing.

Authors: Sun K, Li C, Wang J, Xu R

DOI: <https://doi.org/10.3390/cancers18081297>

- New biological insights into osteosarcoma-lessons from single cell sequencing studies.

Authors: Zehenter JI, Kager L, Eder SK, Taschner-Mandl S, Hinić S

DOI: <https://doi.org/10.1007/s10555-026-10336-z>

- Single-cell omics in tumor lymph node metastasis: mechanisms and therapeutic implications.

Authors: Liu X, Meng X, Liu Z, Cao L, Gan L, He Y

DOI: <https://doi.org/10.1186/s12943-026-02585-x>

- Spatial and temporal intratumoral heterogeneity in breast cancer: a systematic and conceptual review of single-cell and spatial omics studies.

Authors: Barjij I, Lamsyah O, Kdadri S, Lkhoyaali S, Najem S, Naciri S, Inrhaouen H, Elghissassi I, Boutayeb S, Mrabti H, Errihani H

DOI: <https://doi.org/10.1186/s12885-026-15928-0>

Aviso legal

Esta información es proporcionada por un sistema de IA únicamente con fines educativos. Esta aplicación no es un dispositivo médico y no está destinada al diagnóstico ni al tratamiento. Consulte a un médico calificado para obtener asesoramiento médico profesional. Esta aplicación no recomienda, respalda ni promociona ningún medicamento aprobado o evaluado por la Agencia Europea de Medicamentos (EMA). No almacenamos el contenido de sus conversaciones.

Screening Results Flow

Europe PMC · AI-assisted relevance screening

