

## In che modo il sequenziamento a singola cellula può aiutare ...

Question: In che modo il sequenziamento a singola cellula può aiutare a identificare sottopopolazioni cellulari resistenti ai trattamenti nei tumori solidi?

### Overview

 Applying searching strategies...

### Screening Results


↳ Database: Europe PMC

↳ Query di ricerca: ("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 "solid cancer") AND ("cell subpopulation" OR "cellular heterogeneity" OR "tumor heterogeneity" OR "clonal evolution" OR "resistant clone")

↳ Totale identificato: 1,116

↳ Dopo screening di rilevanza: 20

↳ Esclusi: 1,096

 Questo rapporto si basa sullo screening degli abstract di Europe PMC. Lo screening del testo completo richiede un accesso istituzionale e deve essere completato dall'utente. La fase di valutazione del testo completo del diagramma PRISMA non è inclusa in questo output.

 1116 studi analizzati · Top 20 sintetizzati

↳ Classificato da KlastroHeron utilizzando criteri di rilevanza disponibili pubblicamente

↳ Impatto citazionale:  Top 1 %,  Top 5 %,  Top 10 % visualizzato

↳ 1096 studi con minore rilevanza esclusi

 Found 20 papers. Analyzing...

### Evidenze della Ricerca:

- Il sequenziamento a singola cellula (scRNA-seq) consente di identificare popolazioni cellulari rare e stati cellulari caratteristici che non sono rilevabili con il bulk RNA-seq tradizionale, incluse sottopopolazioni associate alla resistenza terapeutica nei tumori solidi. Questo approccio permette la profilazione del trascrittoma a livello di singola cellula, rivelando l'eterogeneità genetica e i pathway di segnalazione coinvolti nella progressione tumorale. DOI: <https://doi.org/10.3389/fimmu.2025.1693784>
- Studi multi-omics a singola cellula nel neuroblastoma hanno delineato stati cellulari distinti lungo un continuum adrenergico-mesenchimale, rivelando come l'evoluzione adattativa sotto pressione terapeutica contribuisca alla resistenza al trattamento. Queste tecnologie hanno permesso di caratterizzare la gerarchia di lignaggio cellulare e le interazioni dinamiche nel tumor microenvironment (TME), aprendo nuove prospettive per superare la resistenza nei pazienti ad alto rischio. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41388-025-03635-2>
- Le tecnologie di single-cell sequencing — che comprendono genomics, transcriptomics, epigenomics, proteomics e spatial omics — hanno significativamente migliorato la capacità di dissezionare l'eterogeneità tumorale a risoluzione di singola cellula, illuminando i meccanismi di immune escape, la resistenza al trattamento e le risposte immunitarie paziente-specifiche, con importanti implicazioni per la precision oncology. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12943-025-02426-3>
- Le tecnologie di single-cell e spatial omics forniscono insight ad alta risoluzione sull'espressione genica a livello di singola cellula, identificando hallmarks cellulari predittivi della risposta ai farmaci e della resistenza. L'eterogeneità tumorale e le interazioni dinamiche tra cellule tumorali e TME sono fattori pivotali che influenzano l'efficacia terapeutica, e questi strumenti consentono di caratterizzarli con precisione senza precedenti. DOI: <https://doi.org/10.1186/s13045-025-01722-1>
- Il sequenziamento a singola cellula ha facilitato la caratterizzazione dettagliata dell'eterogeneità delle cellule endoteliali tumorali, rilevante per comprendere la resistenza alle terapie anti-angiogeniche nei tumori solidi. L'eterogeneità intrinseca delle cellule endoteliali rappresenta una sfida significativa per l'efficacia terapeutica, e la tecnologia scRNA-seq permette di investigarla a livello molecolare. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms262211128>

---

## Implications

### Implicazioni Cliniche e di Ricerca:

- Questa sintesi è destinata alla revisione della letteratura, alla formazione clinica e al riferimento professionale; non sostituisce il giudizio clinico paziente-specifico.
- Il scRNA-seq permette di identificare sottopopolazioni cellulari minoritarie (rare cell populations) che possono essere responsabili della resistenza primaria o acquisita ai trattamenti, offrendo potenziali bersagli terapeutici precedentemente non identificabili con tecniche bulk.
- L'integrazione di spatial omics con il single-cell sequencing consente di mappare la distribuzione spaziale delle sottopopolazioni resistenti all'interno del TME, fornendo informazioni contestuali cruciali sulla loro localizzazione e sulle interazioni con le cellule immunitarie circostanti.
- La caratterizzazione degli stati cellulari lungo continuum (es. adrenergico-mesenchimale nel neuroblastoma) suggerisce che la plasticità cellulare è un meccanismo chiave di resistenza, con implicazioni per lo sviluppo di strategie terapeutiche che mirino a più stati cellulari simultaneamente.
- Le informazioni sull'evoluzione clonale ottenute tramite scRNA-seq possono guidare la selezione di biomarcatori predittivi di risposta o fallimento terapeutico, supportando approcci di medicina di precisione personalizzata.
- Decisioni diagnostiche, terapeutiche o di gestione paziente-specifiche richiedono la valutazione da parte di un clinico qualificato, integrando anamnesi, esame obiettivo, risultati di laboratorio e linee guida locali applicabili.

---

## Limitations

### Limitazioni degli Studi:

- La maggior parte degli studi disponibili si basa su analisi di abstract, il che limita la valutazione completa della metodologia, delle dimensioni campionarie e della robustezza statistica dei risultati.
- Molti studi di scRNA-seq nei tumori solidi sono condotti su coorti relativamente piccole o su specifici tipi tumorali (es. neuroblastoma, carcinoma polmonare), limitando la generalizzabilità dei risultati ad altri tumori solidi.
- Le tecnologie multi-omics a singola cellula sono ancora prevalentemente strumenti di ricerca con costi elevati e complessità bioinformatica significativa, il che ne limita l'applicazione clinica di routine nella pratica oncologica corrente.
- L'eterogeneità inter-paziente e intra-tumorale rende difficile la standardizzazione dei risultati e la definizione di firme molecolari universali di resistenza applicabili trasversalmente a diverse popolazioni di pazienti.
- Le interazioni dinamiche tra cellule tumorali e TME nel tempo (evoluzione sotto pressione terapeutica) richiedono studi longitudinali che rimangono tecnicamente e logisticamente complessi da realizzare.

---

**Sintesi delle Evidenze:**

- Il sequenziamento a singola cellula (scRNA-seq) e le tecnologie multi-omics associate rappresentano strumenti potenti per identificare sottopopolazioni cellulari resistenti ai trattamenti nei tumori solidi, superando i limiti intrinseci del bulk RNA-seq che maschera l'eterogeneità cellulare intra-tumorale.
- I meccanismi chiave di resistenza identificabili tramite queste tecnologie includono: la presenza di rare cell populations con profili trascrizionali distinti, la plasticità degli stati cellulari (es. transizioni epiteliale-mesenchimali), l'evoluzione clonale sotto pressione terapeutica e le interazioni immunosoppressive nel TME.
- L'integrazione di spatial omics aggiunge una dimensione contestuale fondamentale, permettendo di localizzare le sottopopolazioni resistenti all'interno dell'architettura tumorale e di comprendere le loro interazioni con il microambiente circostante.
- Per l'applicazione clinica di questi strumenti nella pratica oncologica, inclusa la selezione terapeutica personalizzata basata su profili di resistenza identificati tramite scRNA-seq, è necessaria la consulenza di un oncologo specializzato e il riferimento alle linee guida nazionali e internazionali vigenti (es. AIOM, ESMO, NCCN).

**Sintesi metodologica dei migliori 5 studi**

**Riferimento # 1:** Bica C, Zanoaga O, Pop L, Ciocan C, Raduly L, Nuțu A, Berindan-Neagoe I, Bender A. (2025)

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

**Tipo di studio:** Review

**Disegno:** Revisione narrativa della letteratura sull'applicazione del sequenziamento dell'RNA a singola cellula (scRNA-seq) nel cancro del polmone

**Dimensione del campione:** Non specificato

**Durata:** Non specificato

**Modello/Popolazione:**

- Studi su pazienti con cancro del polmone non a piccole cellule (NSCLC) e ricerche sul microambiente tumorale analizzate tramite scRNA-seq

**Intervento:**

- Trattamento: Sequenziamento dell'RNA a singola cellula (scRNA-seq)
- Comparatore: Sequenziamento dell'RNA in bulk (bulk RNA-seq)
- Parametri: Profilazione del trascrittoma a livello di singola cellula; identificazione di tipi cellulari, pattern di espressione genica e vie di segnalazione

**Metodologia:**

- Revisione delle applicazioni di scRNA-seq per caratterizzare l'eterogeneità tumorale cellulare e molecolare
- Analisi di popolazioni cellulari rare, popolazioni patogene caratteristiche ed evoluzione clonale non rilevabili con bulk RNA-seq
- Studio delle interazioni tra cellule tumorali e cellule del microambiente tumorale (TME)
- Valutazione del potenziale clinico di scRNA-seq per diagnosi, prognosi e predizione della risposta terapeutica

**Risultati:**

- Identificazione di marcatori molecolari per la diagnosi del tumore
- Predizione della risposta alla terapia, inclusa l'immunoterapia
- Caratterizzazione dell'eterogeneità cellulare e delle popolazioni immunitarie nel microambiente tumorale
- Identificazione di potenziali bersagli terapeutici

*Focus: La revisione esamina come scRNA-seq possa fornire informazioni clinicamente rilevanti sull'eterogeneità tumorale e sulla resistenza terapeutica nel carcinoma polmonare non a piccole cellule (NSCLC).*

---

**Riferimento # 2:** He GQ, He SJ, Jing XY, Dai YL, Guo X, Gao J, Zhang W. (2026)

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

**Tipo di studio:** Review

**Disegno:** Revisione narrativa della letteratura su studi multi-omici a singola cellula nel neuroblastoma

**Dimensione del campione:** Non specificato

**Durata:** Non specificato

**Modello/Popolazione:**

- Studi recenti di single-cell omics e spatial multi-omics sul neuroblastoma pediatrico, con focus su pazienti ad alto rischio

**Intervento:**

- Trattamento: Chirurgia, chemioterapia, radioterapia, terapia differenziativa, immunoterapia
- Comparatore: Non specificato
- Parametri: Non specificati parametri di dosaggio; focus sulla resistenza terapeutica e sulla plasticità tumorale

**Metodologia:**

- Integrazione di trascrittomica a singola cellula, epigenomica e profilazione spaziale per mappare l'evoluzione della resistenza
- Analisi del continuum adrenergico-mesenchimale e della gerarchia di lignaggio cellulare nel neuroblastoma
- Studio del microambiente tumorale tramite tecnologie multi-omiche spaziali e a singola cellula
- Revisione dei meccanismi molecolari di escape terapeutico: rimodellamento della cromatina guidato da MYCN, riorganizzazione dei super-enhancer, attivazione di segnali bypass

**Risultati:**

- Eterogeneità cellulare e stati cellulari nel neuroblastoma
- Meccanismi di resistenza terapeutica e recidiva
- Plasticità epigenetica, metabolica e immunitaria del tumore
- Identificazione di vulnerabilità specifiche di lignaggio per strategie terapeutiche combinate

*Focus: La revisione analizza come le tecnologie multi-omiche a singola cellula abbiano rivoluzionato la comprensione dell'eterogeneità, delle origini evolutive e dei meccanismi di resistenza terapeutica nel neuroblastoma pediatrico.*

---

**Riferimento # 3:** Le J, Dian Y, Zhao D, Guo Z, Luo Z, Chen X, Zeng F, Deng G. (2025)

**DOI:** <https://doi.org/10.1186/s12943-025-02426-3>

**Tipo di studio:** Review

**Disegno:** Revisione narrativa sistematica delle tecnologie single-cell multi-omics applicate alla ricerca oncologica e all'immunoterapia

**Dimensione del campione:** Non specificato

**Durata:** Non specificato

**Modello/Popolazione:**

- Letteratura scientifica recente sulle tecnologie single-cell multi-omics in oncologia e immunoterapia del cancro

**Intervento:**

- **Trattamento:** Tecnologie single-cell multi-omics: genomica, trascrittomica, epigenomica, proteomica e omica spaziale
- **Comparatore:** Non applicabile
- **Parametri:** Analisi a singola cellula con risoluzione multi-strato

**Metodologia:**

- Revisione sistematica dei progressi recenti nelle tecnologie single-cell multi-omics in diversi ambiti della ricerca oncologica
- Analisi dell'eterogeneità tumorale a risoluzione di singola cellula tramite approcci multi-omici integrati
- Esame dei meccanismi di fuga immunitaria, resistenza al trattamento e risposta immunitaria paziente-specifica
- Discussione delle limitazioni tecniche e analitiche attuali associate alle tecnologie single-cell

**Risultati:**

- Comprensione dell'eterogeneità tumorale intra- e inter-paziente
- Meccanismi di immunoterapia e fuga immunitaria
- Monitoraggio della malattia residua minima (MRD)

- Scoperta di neoantigeni per trattamenti personalizzati

*Focus: La revisione esamina come le tecnologie single-cell multi-omics stiano trasformando la comprensione dell'eterogeneità tumorale e l'immunoterapia oncologica verso trattamenti personalizzati di precisione.*

---

**Riferimento # 4:** Cheng X, Peng T, Chu T, Yang Y, Liu J, Gao Q, Cao C, Wei J. (2025)

**DOI:** <https://doi.org/10.1186/s13045-025-01722-1>

**Tipo di studio:** Review

**Disegno:** Revisione narrativa della letteratura su tecnologie omiche a singola cellula e spaziali applicate alla resistenza ai farmaci oncologici

**Dimensione del campione:** 25 tipi di cancro analizzati

**Durata:** Non specificata

**Modello/Popolazione:**

- Letteratura scientifica riguardante 25 tipi di cancro, con focus su eterogeneità tumorale e microambiente tumorale (TME)

**Intervento:**

- Trattamento: Farmaci oncologici (non specificati singolarmente); tecnologie omiche a singola cellula e spaziali
- Comparatore: Non specificato
- Parametri: Non applicabile

**Metodologia:**

- Revisione dei principi, metodologie e flussi di lavoro delle tecnologie omiche a singola cellula e spaziali nella ricerca oncologica
- Analisi dei meccanismi di eterogeneità tumorale, riprogrammazione del TME, interazioni cellula-cellula, modulazione metabolica e regolazione delle vie di segnalazione
- Sintesi di biomarcatori cellulari predittivi per risposta e resistenza ai farmaci in 25 tipi di cancro
- Approccio multi-omico ad alta risoluzione per catturare l'eterogeneità intercellulare e le interazioni cellulari

**Risultati:**

- Biomarcatori cellulari predittivi di risposta ai farmaci oncologici
- Biomarcatori cellulari predittivi di resistenza ai farmaci oncologici
- Caratteristiche cellulari chiave (hallmarks) legate all'eterogeneità tumorale e al TME

- Interazioni cellula-cellula e modulazione delle vie di segnalazione a livello di singola cellula

*Focus: La revisione esplora come le tecnologie omiche a singola cellula e spaziali possano identificare biomarcatori cellulari per predire la risposta e la resistenza ai farmaci in oncologia, con implicazioni per la medicina di precisione.*

---

**Riferimento # 5:** Zhao S, Liu S, Shao W, Liu D. (2025)

**DOI:** <https://doi.org/10.3390/ijms262211128>

**Tipo di studio:** Review

**Disegno:** Revisione narrativa della letteratura sulle tecnologie di sequenziamento a singola cellula applicate alle cellule endoteliali tumorali

**Dimensione del campione:** Non specificato

**Durata:** Non specificato

**Modello/Popolazione:**

- Studi pubblicati sull'eterogeneità delle cellule endoteliali tumorali analizzata tramite tecnologie di sequenziamento a singola cellula

**Intervento:**

- Trattamento: Tecnologie di sequenziamento a singola cellula (single-cell omics)
- Comparatore: Non applicabile
- Parametri: Analisi a livello genico e cellulare dell'eterogeneità delle cellule endoteliali tumorali

**Metodologia:**

- Sintesi dei risultati provenienti dal campo della single-cell omics per caratterizzare l'eterogeneità delle cellule endoteliali tumorali
- Analisi comparativa dei progressi recenti nelle tecnologie a singola cellula, considerando sia caratteristiche comuni che distintive
- Revisione delle applicazioni del sequenziamento a singola cellula nel microambiente tumorale
- Focus sull'eterogeneità intrinseca delle cellule endoteliali come sfida per le terapie anti-angiogeniche

**Risultati:**

- Caratterizzazione dell'eterogeneità delle cellule endoteliali tumorali a livello di singola cellula
- Ruoli funzionali delle singole cellule nel microambiente tumorale

- Implicazioni per lo sviluppo di terapie tumorali di precisione

- Espressione genica e profili cellulari delle cellule endoteliali tumorali

*Focus: La revisione analizza come il sequenziamento a singola cellula permetta di caratterizzare l'eterogeneità delle cellule endoteliali tumorali, con potenziali implicazioni per il miglioramento delle terapie anti-angiogeniche.*

---

### **Schemi metodologici tra gli studi:**

#### **Tipi di studio:**

- Review: 5 studi

#### **Modelli di ricerca:**

- Literature: 5 studi

#### **Interventi studiati:**

- Farmaci oncologici (non specificati singolarmente); tecnologie omiche a singola cellula e spaziali
- Tecnologie single-cell multi-omics: genomica, trascrittomica, epigenomica, proteomica e omica spaziale
- Tecnologie di sequenziamento a singola cellula (single-cell omics)
- Chirurgia, chemioterapia, radioterapia, terapia differenziativa, immunoterapia
- Sequenziamento dell'RNA a singola cellula (scRNA-seq)



#### **Indicazioni per la progettazione della ricerca:**

#### **Per revisioni/meta-analisi:**

- Annotare criteri di inclusione
- Valutare approcci analitici
- Definire l'ambito

#### **Raccomandazioni generali:**

- La coerenza metodologica migliora la riproducibilità
- Gli approcci comuni sono spesso più validati
- Adattare al contesto

#### **Nota importante:**

Questi riassunti derivano dagli abstract e offrono dettagli limitati.

Per protocolli completi:

- Accedere ai testi completi tramite DOI
- Esaminare Materiali e Metodi
- Controllare i supplementi
- Contattare gli autori se necessario
- Verificare requisiti normativi

## References

### References:

- 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%

- 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%

- Single-cell multi-omics in cancer immunotherapy: from tumor heterogeneity to personalized precision treatment.

Authors: Le J, Dian Y, Zhao D, Guo Z, Luo Z, Chen X, Zeng F, Deng G

DOI: <https://doi.org/10.1186/s12943-025-02426-3>

 48 |  Top 1%

- Application of single-cell and spatial omics in deciphering cellular hallmarks of cancer drug response and resistance.

Authors: Cheng X, Peng T, Chu T, Yang Y, Liu J, Gao Q, Cao C, Wei J

DOI: <https://doi.org/10.1186/s13045-025-01722-1>

 29 |  Top 1%

- Research Progress Regarding the Use of Single-Cell Sequencing Technology in Analyzing Tumor Endothelial Cell Pathophysiology.

Authors: Zhao S, Liu S, Shao W, Liu D

DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms262211128>

- Single-Cell Transcriptomics Sheds Light on Tumor Evolution: Perspectives from City of Hope's Clinical Trial Teams.

Authors: Cosgrove PA, Bild AH, Dellinger TH, Badie B, Portnow J, Nath A

DOI: <https://doi.org/10.3390/jcm13247507>

 4 |  Top 5%

- Toward Personalized Treatment of Urogenital Cancers: The Role of Patient-Derived Organoids.

Authors: Sagliocchi S, Musone M, Chianese S, Cicatiello AG, Del Mastro S, Del Giudice F, Dentice M, Crocetto F  
DOI: <https://doi.org/10.1007/s40487-025-00411-w>

- Single-cell RNA sequencing in pediatric research: Focusing on differentiation trajectories and immune microenvironment of neuroblastoma.

Authors: Wang R, Wang S

DOI: <https://doi.org/10.1002/pdi3.61>

- Immunosuppressive Microenvironment Reprogramming by Synergistic Sonodynamic Therapy of Phthalocyanine-MOF Hybrids for Hepatocellular Carcinoma.

Authors: Wu H, Gu L, Xu J, Zhang C, Wang M, Li C, Yao L, Diao Y, Li Y, Chen F, Fan H, Zhao Y, Shen F, Yang T

DOI: <https://doi.org/10.1002/exp.20250074>

 1 |  Top 5%

- Chromosomal Instability and Clonal Heterogeneity in Breast Cancer: From Mechanisms to Clinical Applications.

Authors: Meléndez-Flórez MP, Ortega-Recalde O, Rangel N, Rondón-Lagos M

DOI: <https://doi.org/10.3390/cancers17071222>

 2 |  Top 5%

- Single-cell-based identification of drug synergy with immunotherapy via tumor microenvironment remodeling.

Authors: Wang Z, Hu J, Liu K, Xu J, Li J, Liu Y, Ma Q, Dong Y, Zhu Y, Zhang K, Wang D, Wang X, Wang S, Pan J, Jiang S, Wu J, Jiang W, Zhang L, Dang Y

DOI: <https://doi.org/10.1136/jitc-2025-014132>

- Inhibition of Glutamine Metabolism Attenuates Tumor Progression Through Remodeling of the Macrophage Immune Microenvironment.

Authors: Li T, Akhtarkhvari S, Qi S, Fan J, Chang TY, Shen YA, Yang J, Slusher BS, Shih IM, Gaillard S, Wang TL

DOI: <https://doi.org/10.1002/adbi.202400738>

 3 |  Top 5%

- Deciphering the tumor ecosystem dynamics undergoing immunochemotherapy therapy across multiple cancer types unveils the immunosuppressive role of S100A4 in fibroblasts by promoting PD-L1 expression in tumor cells.

Authors: Yang B, Chen R, Zu M, Yao J, Ren H, Lin Y, Zhang B, Ji T, Liu Y

DOI: <https://doi.org/10.3389/fcell.2025.1613296>

 2 |  Top 10%

- Nanomedicine Targeting Cancer-Associated Fibroblasts in Prostate Cancer: From Biological Mechanisms to Integrated Theranostic Strategies.

Authors: Qian F, Zhou J, Tang Y, Chen J, Zuo J, Gou K, Tan C, Fang J, Zhao Z, Zhao J, Wen L, Fu S, Yang J, Wang C, Zhang Z

DOI: <https://doi.org/10.2147/ijn.s588669>

 1 |  Top 5%

- Advances in multi-omics research on neuroblastoma.

Authors: Wang Y, Zhao Z, Wang J, Song S, Zhao C, Qv C, Lu H

DOI: <https://doi.org/10.3389/fped.2026.1739376>

- Next-generation sequencing in breast cancer: current clinical applications and future directions.

Authors: Mohd Zuhdi NF, Siddig A, Mohd Nafi SN, Md Salleh MS, Yahya MM, Wan Zain WZ, Tengku Din TADA, Wan Abdul Rahman WF

DOI: <https://doi.org/10.1080/07853890.2025.2569989>

 3 |  Top 5%

- Somatic mtDNA mutations at intermediate levels of heteroplasmy are a source of functional heterogeneity among primary leukemic cells.

Authors: McCastlain K, Welsh C, Ni Y, Ding L, Chang TC, Autry RJ, Sejdiu BI, Pan Q, Franco M, Chen W, Wu H, Gonzalez-Pena V, Schreiner P, Arunachalam S, Joo JH, Brady S, Zhang J, Gawad C, Evans WE, Babu MM, Khrapko K, Yu J, Wu G, Pounds S, Kundu M

DOI: <https://doi.org/10.1126/sciadv.adt3873>

 3 |  Top 5%

- Organoid models in oncology: advancing precision cancer therapy and vaccine development.

Authors: Xiao Y, Li Y, Jing X, Weng L, Liu X, Liu Q, Chen K

DOI: <https://doi.org/10.20892/j.issn.2095-3941.2025.0127>

 6 |  Top 5%

- SCANNER: robust and sensitive identification of malignant cells from the scRNA-seq profiled tumor ecosystem.

Authors: Xia P, Wu W, Liu Q, Huang B, Wu M, Lin Z, Zhu M, Yu M, Qu Y, Li K, Wu L, Zhang R, Wang Q

DOI: <https://doi.org/10.1093/bib/bbaf175>

 1 |  Top 5%

- Identification of prognostic biomarkers associated with T and melanoma cell subpopulations in melanoma through integrating machine learning and multiomics.

Authors: Zheng H, Shen C, Ma L, Li J, Li W, Zhou S, Guo F, Yu G

DOI: <https://doi.org/10.1007/s12672-025-03701-x>

 1 |  Top 5%

**⚠ Avvertenza**

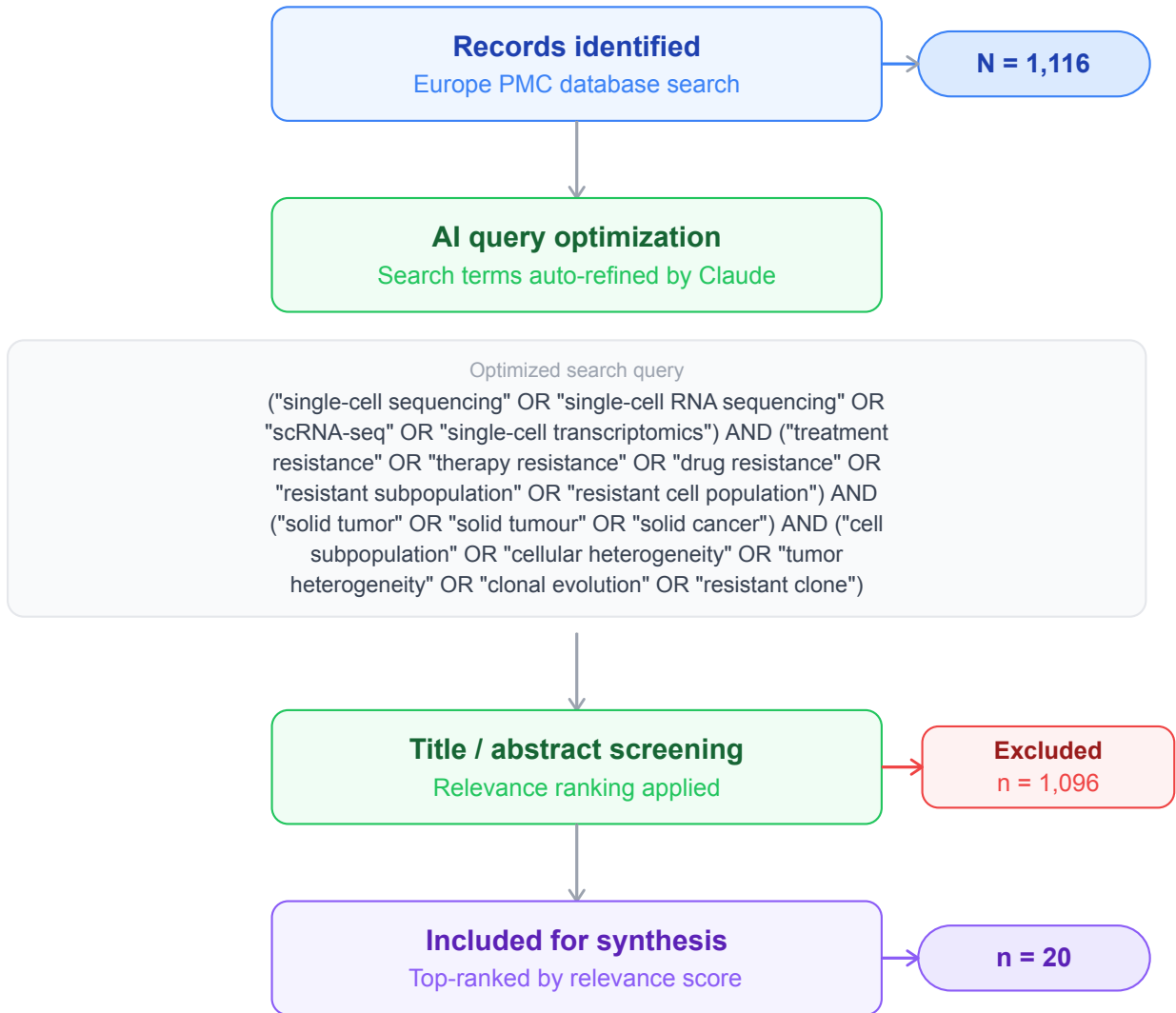
Queste informazioni sono fornite da un sistema di IA solo a scopo educativo. Questa applicazione non è un dispositivo medico e non è destinata alla diagnosi o al trattamento. Si prega di consultare un medico qualificato per un consiglio medico professionale. Questa applicazione non raccomanda, approva né promuove alcun medicinale approvato o valutato dall'Agenzia Europea per i Medicinali (EMA). Non memorizziamo i contenuti delle tue conversazioni.

---

Generated by KlastroHeron AI · For educational purposes only · Not medical advice

# Screening Results Flow

Europe PMC · AI-assisted relevance screening



## ⚠️ Abstract-based screening only

This report is based on Europe PMC abstract-level screening.  
Full-text screening requires institutional access and must be completed by the user.  
The full-text assessment stage of the PRISMA flow chart is not included in this output.