

German abstract: Genomisch stabile Magenkarzinome sind häufig vom diffusen Phänotyp und weisen *hotspot*-Mutationen im *RHOA*-Gen auf. An einer unabhängigen, 415 Patienten umfassenden mitteleuropäischen Magenkarzinomkohorte untersuchten wir die Prävalenz, den histologischen Phänotyp und die klinisch-pathologischen Charakteristika *RHOA*-mutierter Magenkarzinome. Sechzehn (3.9%) Karzinome wiesen eine *RHOA*-Mutation auf. Darunter befanden sich vier bislang unbekannte Mutationen: p.G17Efs*24, p.V24F, p.T37A und p.L69R. *RHOA*-Mutationen fanden sich häufiger bei Frauen (5.4% vs. 2.8%), in distalen Magenkarzinomen (4.5% vs. 2.4%), in gering differenzierten Tumoren (G3/G4; 4.8% vs. 1.1%), T1/2-Tumoren (6.2% vs. 3.1%) und wiesen keine Fernmetastasen auf. Neun *RHOA*-mutierte Magenkarzinome waren vom diffusen, vier vom intestinalen, zwei vom nichtklassifizierbaren und einer vom gemischten Typ nach Laurén. *KRAS*- und *RHOA*-Mutationen schlossen einander aus. Ein einziger Fall wies eine *RHOA*- und eine *PIK3CA*-Mutation auf. Es fand sich kein signifikanter Unterschied im Gesamtüberleben zwischen *RHOA*-mutierten und Wildtyp-Karzinomen. Unsere Studie bestätigt das Vorkommen und die klinisch-pathologischen Besonderheiten der *RHOA*-Mutationen beim Magenkarzinom in einer unabhängigen Kohorte. Wir fanden keine Hinweise auf einen prognostischen oder wachstumsfördernden Effekt der *RHOA*-Mutation beim Magenkarzinom.