

A produção de *Klebsiella pneumoniae* carbapenemases (KPC), atualmente, constitui o principal mecanismo de resistência aos carbapenêmicos em enterobactérias, porém, até o momento sua presença não foi relatada no gênero *Kluyvera*. *Kluyvera* spp. são usualmente encontradas no trato respiratório, porém raramente patogênicas, justificando os poucos relatos de resistência antimicrobiana das mesmas. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi caracterizar fenotípica e genotipicamente um isolado de *Kluyvera* sp. resistente aos antibióticos carbapenêmicos. O isolado foi obtido de um aspirado traqueal quantitativo e submetido à análise por seqüenciamento do gene 16S para a elucidação da espécie bacteriana. O teste de suscetibilidade aos antimicrobianos foi realizado por microdiluição em caldo e interpretado de acordo com o Clinical Laboratory Standards Institute (CLSI). Para detecção de β -lactamases de espectro estendido (ESBL) foram realizados testes fenotípicos, combinando discos de ácido clavulânico com ceftazidima e cefotaxima, e a confirmação genotípica foi realizada por PCR para os genes *bla*_{CTX-M}, *bla*_{TEM} e *bla*_{SHV}. Na triagem de carbapenemases foram realizados o teste de Hodge modificado (MHT) e o teste dos discos combinados com ácido borônico (BA). A pesquisa genotípica de carbapenemases por PCR contemplou os genes *bla*_{IMP}, *bla*_{SPM} e *bla*_{KPC}. O seqüenciamento do gene *bla*_{KPC} foi realizado para determinar a variante genética. A partir do seqüenciamento do gene 16S bacteriano, foi observada uma similaridade de 99,85% com aquele descrito para a *K. georgiana* ATCC 51603. O isolado apresentou resistência a todos os β -lactâmicos testados nos testes de microdiluição em caldo, porém, demonstrou sensibilidade aos antimicrobianos amicacina, ciprofloxacino, tigeciclina e polimixina B. Nenhum resultado positivo foi encontrado na pesquisa fenotípica e genotípica de ESBL, enquanto que os testes MHT e BA para detecção de carbapenemases apresentaram resultados positivos, bem como a PCR para o gene *bla*_{KPC}. O seqüenciamento do fragmento amplificado apresentou 100% de similaridade com o gene *bla*_{KPC-2}. Este é o primeiro relato da presença da enzima KPC em um isolado do gênero *Kluyvera*, justificando sua elevada resistência aos antibióticos β -lactâmicos.