

Surveillance du syndrome hémolytique et urémique post-diarrhéique chez l'enfant de moins de 15 ans en France en 2021

Gabrielle Jones¹, Patricia Mariani-Kurkdjian², Aurélie Cointe², Stéphane Bonacorsi², Sophie Lefevre³, Maria Pardos de la Gandara³, François-Xavier Weill³, Athinna Nisavanh¹, Nathalie Jourdan-Da Silva¹, Alexandra Mailles¹, Henriette de Valk¹ et le réseau des néphrologues pédiatres⁴

¹ Santé publique France, Direction des maladies infectieuses, Saint Maurice

² Centre National de Référence - Laboratoire Associé des *Escherichia coli*, AP-HP, Service de Microbiologie, CHU Robert-Debré, Paris

³ Centre National de Référence des *Escherichia coli*, *Shigella* et *Salmonella*, Institut Pasteur, Unité des Bactéries pathogènes entériques, Paris

⁴ Services de néphrologie pédiatrique et pédiatrie des Centres Hospitaliers et Universitaires de : Amiens, Angers, Angoulême, Annecy, Besançon, Bordeaux, Brest, Caen, Clermont-Ferrand, Dijon, Grenoble, Kremlin-Bicêtre, Lille, Limoges, Lisieux, Lyon, Marseille, Montpellier, Nancy, Nantes, Nice, Paris (Necker-Enfants Malades, R. Debré, Trousseau), Poitiers, Reims, Rennes, Rouen, Saint-Étienne, Strasbourg, Toulouse, Tours.

CONTEXTE

Les *Escherichia coli* producteurs de Shiga-toxines (STEC) sont responsables de manifestations cliniques variées : diarrhée simple ou sanglante, colite hémorragique, pouvant se compliquer d'un syndrome hémolytique et urémique (SHU). L'âge est un facteur de risque important du SHU induit par une infection à STEC. Le SHU touche particulièrement les jeunes enfants de moins de cinq ans [1]. En France, l'incidence la plus élevée est observée chez les enfants de 6 mois à deux ans, puis diminue avec l'âge [1,2]. Plus d'un tiers des malades présentent des séquelles rénales à long terme et la létalité du SHU varie de 3 à 5% dans la littérature, 1% selon les données françaises de surveillance [1,2].

Le réservoir principal des STEC est le tube digestif des ruminants. Le principal mode de transmission est l'ingestion d'aliments contaminés, consommés crus ou peu cuits (produits carnés, produits laitiers au lait cru, fruits et légumes crus non pelés, eau non-traitée). Les produits alimentaires se contaminent au contact des matières fécales des animaux contaminés. La contamination peut aussi se faire par contact avec des animaux de ferme ou leur environnement. La transmission de personne-à-personne est possible, elle est surtout décrite en milieu familial ou dans des collectivités de jeunes enfants.

METHODES

Depuis 1996, la surveillance du SHU pédiatrique repose sur un réseau hospitalier de 32 services volontaires de néphrologie pédiatrique et de pédiatrie répartis sur le territoire métropolitain. En complément de ce réseau, tout service hospitalier sur le territoire métropolitain ou en Outre-mer peut notifier des cas de SHU

pédiatriques [2].

Une fiche de notification standardisée permet aux centres de notifier les cas à Santé publique France (SpFrance), coordonnateur du réseau. Cette fiche comprend des informations cliniques, microbiologiques et épidémiologiques (expositions à certains facteurs de risque alimentaires ou environnementaux d'infection à STEC), ainsi que la notion d'autres cas de SHU ou de diarrhée dans l'entourage des cas notifiés.

La définition de cas inclut les enfants âgés de moins de 15 ans chez qui un diagnostic de SHU a été posé devant la survenue brutale d'une anémie hémolytique micro-angiopathique (hémoglobine <10g/100ml avec schizocytose $\geq 2\%$), associée à une insuffisance rénale aigüe (créatininémie >60 $\mu\text{mol/l}$ jusqu'à l'âge de 2 ans, >70 $\mu\text{mol/l}$ à partir de 2 ans) et une thrombocytopenie (<150 000 plaquettes / μL).

En France, la recherche des STEC dans les selles n'est pas effectuée par tous les laboratoires d'analyses médicales, soulignant le rôle essentiel de la surveillance microbiologique par le Centre National de Référence des *Escherichia coli*, *Shigella* et *Salmonella* (CNR-ESS) situé à l'Institut Pasteur à Paris et de son laboratoire associé des *Escherichia coli* (LA-RD), situé au Service de microbiologie du CHU Robert Debré (AP-HP, Paris).

Les infections à STEC sont microbiologiquement confirmées au LA-RD à l'aide des techniques suivantes :

Sur selles ou écouvillonnage rectal :

- Amplification génique directement sur les selles par PCR des gènes des facteurs de virulence *stx* (*stx*₁, *stx*₂), *eae* et *ehxA*, et des gènes codant pour 10

sérogroupe de STEC fréquemment observés en France chez les cas de SHU pédiatriques (O157, O121, O26, O103, O91, O145, O55, O111, O104 et O80)

- Isolement des souches de STEC et caractérisation : gènes de virulence (*stx1*, *stx2*, *eae*, *ehxA*, *aggR*) et sérogroupe.

Depuis le 1^{er} avril 2017, toutes les souches de STEC isolées au LA-RD sont ensuite transmises au CNR-ESS pour séquençage du génome complet. L'analyse des génomes permet :

- La détermination du sérotype moléculaire et du multi-locus sequence typing (MLST)
- La recherche étendue de tous les gènes de virulence souhaités (*stx*, *eae*, *ehx*, *saa*, *aggR*, *subA...*) et la détermination des différents types et sous types pour certains de ces gènes tels : *stx1* (*stx1a*, *c* ou *d*), *stx2* (*stx2a*, *b*, *c*, *d*, *e*, *f*, *g*, *i...*), et *eae* (*eae* θ , ϵ , γ , ζ , ϑ , $\xi...$).
- La détermination des relations de parenté entre les souches appartenant aux sérogroupe principaux O26, O80 et O157, mais aussi à d'autres sérogroupe en cas d'alerte. Cette détermination s'effectue par la méthode de core genome MLST (cgMLST), éventuellement complétée par une analyse phylogénétique basée sur les single nucleotide polymorphisms (SNP). La détection de clusters de souches présentant les mêmes caractéristiques peut faire suspecter un lien épidémiologique entre les patients infectés par ces souches. Dans le cadre d'investigations, une comparaison peut également être réalisée avec des souches alimentaires issues d'alertes ou d'investigations alimentaires.
- La recherche des gènes de résistance aux antibiotiques.

Les cas « importés » survenus pendant ou dans les jours suivant un séjour hors de France sont exclus des résultats du système de surveillance.

Les cas de SHU sporadiques notifiés à SpFrance ne font pas l'objet d'une investigation épidémiologique systématique visant à identifier la source de contamination, en raison des multiples sources de contamination possibles.

Une investigation est mise en œuvre si des cas de SHU ou d'infection à STEC groupés dans le temps ou dans l'espace sont signalés. Elle a pour objet de décrire les cas et de rechercher une source commune de contamination. Les situations suivantes sont concernées :

- Regroupement temporo-spatial inattendu de cas de SHU pédiatriques,
- Cas de SHU adultes ou de diarrhées glairo-sanglantes concomitants à un diagnostic de SHU pédiatrique,
- Cas de diarrhée simple ou glairo-sanglante signalés dans l'entourage d'un cas de SHU pédiatrique,

- Signalement par le CNR-ESS d'un regroupement temporo-spatial de souches de STEC ayant les mêmes caractéristiques génomiques.

RESULTATS

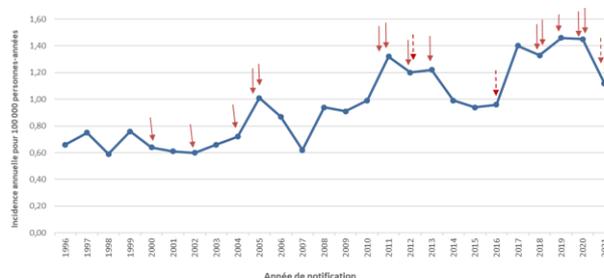
Incidence du SHU pédiatrique et tendances spatio-temporelles

En 2021, 128 cas de SHU pédiatriques ont été notifiés par 29 centres hospitaliers, dont cinq n'appartenant pas au réseau. L'incidence annuelle¹ du SHU pédiatrique était de 1,12 cas/10⁵ enfants de moins de 15 ans. Cette incidence est la plus faible observée depuis 2017 (Tableau 1, Figure 1).

Tableau 1 : Incidence annuelle du SHU pour 100 000 enfants de moins de 15 ans. France, 1996-2021.

Année	Nombre de cas de SHU	Incidence annuelle	Année	Nombre de cas de SHU	Incidence annuelle
1996	81	0,66	2009	109	0,91
1997	92	0,75	2010	122	0,99
1998	76	0,59	2011	162	1,32
1999	93	0,76	2012	145	1,20
2000	79	0,64	2013	152	1,22
2001	74	0,61	2014	117	0,99
2002	73	0,60	2015	111	0,94
2003	80	0,66	2016	113	0,96
2004	87	0,72	2017	164	1,40
2005	122	1,01	2018	154	1,33
2006	104	0,87	2019	168	1,46
2007	74	0,62	2020	167	1,45
2008	112	0,94	2021	128	1,12
			Total	2 959	

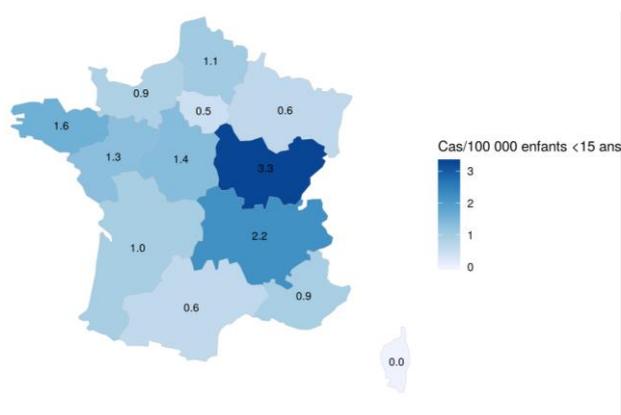
Figure 1 : Incidence annuelle du SHU pour 100 000 enfants de moins de 15 ans (flèches non-hachurées : épidémies d'origine alimentaire, flèches hachurées : cas groupés d'autres origines). France, 1996-2021.



¹ Les taux d'incidence bruts sont calculés à partir des estimations annuelles de la population française de l'Institut national de la statistique et des études économiques (Insee).

Des disparités régionales sont observées pour le taux d'incidence annuel. En 2021, les taux d'incidences régionaux les plus élevés ont été observés en Bourgogne-Franche-Comté (3,3 cas/10⁵ enfants de moins de 15 ans) et Auvergne-Rhône-Alpes (2,2 cas/10⁵). Les taux d'incidences observés dans l'ouest du pays étaient inférieurs à ceux de 2020 : Bretagne (1,6 cas/10⁵ vs. 3,3 en 2020), Pays de la Loire (1,3 cas/10⁵ vs. 2,7) et Normandie (0,9 cas/10⁵ vs. 2,4) (Figure 2).

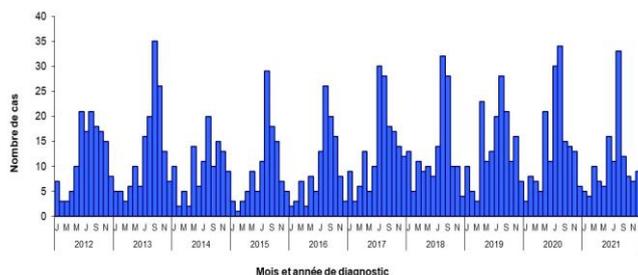
Figure 2 : Taux d'incidence annuel régional du SHU pour 100 000 enfants de moins de 15 ans. France, 2021.



Source : Santé publique France, 2021

La distribution mensuelle des cas notifiés de 2012 à 2021 est présentée dans la Figure 3. Le pic saisonnier habituel a été observé en 2021, en particulier au mois d'août. Hormis ce pic en août, le nombre de cas notifié est resté relativement faible sur la période estivale 2021 par rapport aux années précédentes.

Figure 3 : Distribution mensuelle des cas de SHU chez les enfants de moins de 15 ans. France, 2012-2021.



Caractéristiques des cas de SHU pédiatriques

En 2021, 55 % des cas notifiés étaient de sexe féminin. Soixante-huit pourcent des enfants étaient âgés de moins de trois ans (âge médian au diagnostic : 21 mois ; extrêmes : 10 jours - 14 ans). La proportion de cas de moins de trois ans est comparable à celle de 2020 et reste élevée par rapport aux années précédentes. L'âge médian (21 mois) est également comparable de celle observée en

² Information sur la dialyse manquante pour 11 enfants transfusés

³ Information sur la transfusion manquante pour 1 enfant dialysé

2020 (25 mois).

Le taux d'incidence le plus élevé est observé chez les enfants de moins de 3 ans : 4,30/10⁵ enfants de moins de 3 ans en 2021 (Tableau 2) et il diminue avec l'âge. Bien qu'inférieur à celle observée en 2020 (5,53 cas/10⁵ enfants de moins de 3 ans), cette incidence reste élevée en 2021.

Tableau 2 : Incidence annuelle du SHU pour 100 000 enfants de moins de 15 ans par classe d'âge. France, 2021.

Classe d'âge	Incidence annuelle
<3 ans	4,30
3-5 ans	0,78
6-10 ans	0,53
11-14 ans	0,09

En 2021, pour 96 % (110/125) des enfants la notion d'une diarrhée prodromique était indiquée sur la fiche de signalement. La diarrhée était sanglante pour 47 (47 %) des 100 cas avec l'information précisée.

La durée médiane d'hospitalisation était de neuf jours (étendue : 3-38j (information disponible pour 37 cas)). Parmi les 119 enfants pour lesquels des informations étaient renseignées sur les traitements par dialyse et/ou transfusion sanguine au moment de la notification :

- 39 % (n=46) ont été transfusés (non dialysés²),
- 34 % (n=40) ont été transfusés et dialysés,
- 6 % (n=7) ont été dialysés (non transfusés³).

Caractéristiques microbiologiques

Recherche de STEC dans les selles

En 2021, des informations sur la recherche de STEC dans les selles au LA-RD étaient disponibles pour 107 cas⁴ sur les 128 cas de SHU pédiatriques notifiés. Une infection à STEC a été confirmée (présence des gènes *stx* codant les Shiga-toxines par PCR dans les selles) au LA-RD pour 97 (91 %) de ces 107 cas.

Sur les 97 cas avec la présence de gènes *stx*, le gène *stx2* seul a été mis en évidence par PCR dans les selles de 83 enfants, *stx2* en association avec le gène *stx1* pour 10 cas, et le gène *stx1* seul a été détecté dans les selles de quatre cas.

Depuis 2016, le sérotype le plus fréquemment observé est O26 (35 % des 97 cas de SHU avec la présence de gènes *stx* confirmée en 2021), suivi par le sérotype O80 (18 % des cas en 2021) (Tableau 3). Après une diminution

⁴ Pour 16 cas supplémentaires, la présence de gène *stx* a été indiquée sur la fiche de signalement, mais aucun prélèvement de selles n'a été adressé au LA-RD pour confirmation et caractérisation.

de la proportion du sérotype O157 identifiée depuis plusieurs années, ce sérotype était identifié pour 10 % des cas en 2021 (2 % en 2020).

Tableau 3 : Distribution des résultats d'analyse de selles chez les 107 cas de SHU pédiatrique notifiés ayant un résultat renseigné. France, 2021. Les sérotypes ont été déterminés au LA-RD par PCR directement sur les selles (n=9) ou après isolement d'une souche (n=73).

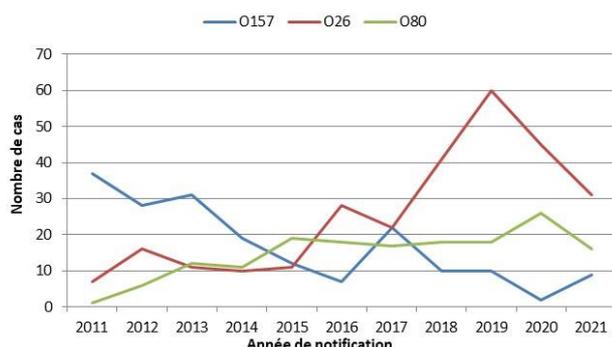
Sérotype*	Total N	% des cas confirmés†
O26	34	35,1
O80	17	17,5
O157	10	10,3
O145	4	4,1
O121	4	4,1
O103	2	2,1
O177	2	2,1
O28ab	2	2,1
O55	1	1,0
O5	1	1,0
O91	1	1,0
O128ac	1	1,0
O146	1	1,0
O157-O26-O80	1	1,0
Présence de gènes <i>stx</i> dans les selles sans sérotype identifié	16	16,5
Analyse négative	10	-
Total	107	

* information non disponible pour 21 cas notifiés au système de surveillance
 †Proportion calculée sur les 97 cas de SHU avec une infection à STEC confirmée

Isolément et caractérisation des souches de STEC

Parmi les 107 cas avec une recherche de STEC au LA-RD, une souche a pu être isolée pour 73 (68 %). Parmi les 97 cas avec la présence de gènes *stx* confirmée dans les selles au LA-RD, une souche a pu être isolée dans 75 % de ces cas. Le Figure 4 montre l'évolution de la proportion des souches par sérotype pour les trois sérotypes historiquement prédominants en France (O26, O80 et O157). Après une diminution du nombre de souches O157 isolées est observée depuis 2013, le nombre de souches O157 isolées a légèrement augmenté en 2021.

Figure 4 : Evolution du nombre de souches de STEC O157, O26 et O80 isolées dans les selles des cas de SHU pédiatriques. France, 2011-2021.



Pour les 73 souches isolées des cas de SHU pédiatriques, les sous-types de gènes *stx* ont été déterminés par WGS. Le sous-type prédominant était le *stx2a* seul (44 souches (60 %)), suivi de *stx2d* (17 souches (23 %)) et *stx2a* associé à *stx1a* (cinq souches (7 %)). Les sous-types *stx2c*, *stx1a* et *stx1c* seuls ont été identifiés chez trois, deux et une cas respectivement. La présence des sous-types *stx2a* ou *stx2d* est associée à un risque plus important d'infection sévère dont le SHU [1]. Soixante-huit (93 %) des souches isolées étaient également porteuses du gène *eae*. La présence du gène *eae* associé aux gènes *stx1* et/ou *stx2* est également associée à un risque plus important de SHU [1]. Pour les cinq souches non-porteuses du gène *eae*, il s'agit de sérotypes rarement associés au SHU pédiatrique en France (O91, O146, O28ab) pour quatre cas. Pour un cas aucun sérotype n'a pu être déterminé.

Cas groupés d'infection à STEC

Onze investigations épidémiologiques ont été menées en 2021 suite à divers signalements :

- Sept investigations concernant des cas de diarrhée ou SHU signalés dans l'entourage (familial ou collectivité) d'un cas de SHU pédiatrique ;
- Une investigation concernant une suspicion de toxico-infection alimentaire collective (TIAC) familiale à STEC sans complication clinique ;
- Une investigation concernant une suspicion de TIAC à STEC en milieu scolaire ;
- Une investigation en lien avec un regroupement temporo-spatial inattendu de SHU pédiatriques ;
- Une investigation en lien avec le signalement par le CNR-ESS d'un cluster de souches de STEC O157 ayant les mêmes caractéristiques génomiques.

Pour la grande majorité, aucune source commune de contamination n'a été identifiée. Trois investigations ont permis d'identifier une source de contamination.

Cas groupés de SHU pédiatriques en lien avec la fréquentation de collectivités pour enfants

En 2021, deux cas groupés de SHU et d'infections à STEC sans complication au sein de collectivités pour enfants ont fait l'objet d'investigation.

Les investigations d'une épidémie de gastro-entérites aiguës (GEA) survenant en février 2021 au sein d'une crèche ont permis de confirmer la survenue de deux cas d'infection (dont un SHU) à STEC O26:H11 ayant les mêmes caractéristiques génomiques, concomitant à une épidémie de norovirus. Une transmission interhumaine a été suspectée à l'origine du cas groupés d'infection à STEC et des mesures de prévention renforcée ont été mise en place afin de limiter le risque de survenue d'autres cas de STEC et d'endiguer la transmission virale.

En aout 2021, le LA-RD a informé Santé publique France de la réception de trois prélèvements en deux jours pour des cas de SHU pédiatriques hospitalisés dans un même

service hospitalier. Les investigations épidémiologiques ont été initiées afin d'identifier une éventuelle origine commune aux cas. Les investigations ont identifié comme seul lien commun la fréquentation d'un centre de loisirs pour deux cas. Les analyses microbiologiques ont confirmé une infection par un STEC O28ab:H9 *stx2a* pour ces deux enfants ; la souche isolée chez le troisième enfant n'ayant pas fréquenté ce centre était différente. Les investigations n'ont pas permis de conclure à l'origine (alimentaire ou interhumaine) des infections au sein du centre.

TIAC en milieu scolaire liée à la consommation de concombres crus

Le 9 septembre 2021, l'Agence régionale de Santé des Hauts de France a reçu une déclaration obligatoire de TIAC suite à la survenue de plusieurs cas de GEA d'origine non identifiée au sein d'un groupe scolaire dans le département 59. Le 13 septembre, l'ARS a été informée que deux étudiants de ce groupe scolaire ont été hospitalisés pour SHU, faisant suspecter une TIAC à STEC. L'ARS a sollicité la Cellule régionale de Santé publique France pour appuyer les investigations épidémiologiques.

Au total, 35 cas dont 8 cas confirmés de STEC O157:H7 *stx1a stx2a eae ehxA* ayant les mêmes caractéristiques génomiques ont été liés à cette TIAC [3]. Dix cas ont été hospitalisés dont les deux cas de SHU. Les cas sont survenus parmi des étudiants du groupe scolaire et des adultes âgés bénéficiant de livraison de repas à domicile. Une même cuisine municipale fournissait les repas au groupe scolaire et service de livraison de repas. Les investigations épidémiologiques ont identifié la consommation de salade de concombres comme aliment suspecté à l'origine des infections. L'analyse microbiologique des restes de cette salade a permis de confirmer la présence de STEC O157:H7 *stx1a stx2a eae ehxA* ayant les mêmes caractéristiques génomiques que les cas humains. Les investigations de traçabilité ont identifié que la production des concombres incriminés était située en Belgique.

Les autorités Belges n'ont pas pu déterminer la source de contamination des concombres au niveau de la production. Les investigations au sein de la cuisine municipale ont pu identifier des facteurs lors de la préparation qui n'ont pas permis d'éliminer la contamination STEC : un processus défaillant de décontamination des concombres et un épluchage partiel ; des mesures correctives ont été mises en place.

DISCUSSION

En 2021, l'incidence annuelle globale du SHU pédiatrique était plus faible que celle observée les quatre dernières années. Même si cette diminution de l'incidence annuelle est observée chez les enfants de moins de trois ans, l'incidence dans cette tranche d'âge reste élevée et largement supérieure à celle observée chez les enfants plus âgés. Comme chaque année, une hétérogénéité

régionale est observée. En 2021, les régions Bourgogne-France-Comté et Auvergne-Rhône-Alpes ont été particulièrement touchées. En 2021, le sérotype O26 reste majoritaire suivi du sérotype O80. Après plusieurs années de diminution de la part de cas dus à O157, une légère augmentation du nombre de souches O157 est observée en 2021.

La recherche systématique et la caractérisation des souches de STEC dans les selles et/ou par écouvillonnage rectal chez les enfants atteints de SHU est un examen essentiel pour la surveillance microbiologique de ces infections. Le séquençage du génome entier, réalisé systématiquement sur toute souche de STEC isolée, permet de préciser leurs caractéristiques, notamment les sous-types de leurs gènes de virulence. Les sous-types de Shiga-toxines détectés majoritairement chez les cas de SHU pédiatrique en France (*stx2a* et *stx2d*) sont ceux associés aux formes graves d'infection à STEC [1]. Le WGS permet également de détecter des clusters potentiellement épidémiques et de différencier des cas « épidémiques » faisant partie d'un même cluster génomique des cas « sporadiques » afin de mieux orienter les investigations épidémiologiques.

Onze investigations épidémiologiques ont été initiées en 2021 autour de cas de SHU pédiatriques ou d'infections à STEC. Trois de ces investigations ont permis d'identifier l'origine de la contamination : deux cas groupés en collectivité de jeunes enfants et une TIAC liée à la consommation de concombres crus. Le risque STEC lié à la consommation de végétaux crus (salades, concombres, céleri, graines germées...) a déjà été documenté dans plusieurs pays [4, 5, 6, 7]. Le lavage et/ou l'épluchage des végétaux destinés à être consommés crus est recommandé afin de limiter le risque de contamination [8].

REMERCIEMENTS

- Aux services de pédiatrie, réanimation pédiatrique et néphrologie pédiatrique participant à la surveillance : *Agen, Alpes Leman, Amiens, Angers, Angoulême, Annecy, Arras, Avranches, Besançon, Bigorre, Bordeaux, Bourg en Bresse, Brest, Caen, Calais, Clermont-Ferrand, Dijon, Dole, Kremlin-Bicêtre, Grenoble, Lille, Limoges, Lisieux, Lyon, Le Mans, Marseille, Metz, Mont de Marsan, Montpellier, Nancy, Nantes, Nice, Nîmes, Paris (Necker-Enfants Malades, R. Debré, Trousseau), Poitiers, Reims, Rennes, Rouen, Saint-Étienne, Sallanches, Strasbourg, Toulouse, Tours, Villefranche sur Saône.*
- Aux biologistes des laboratoires hospitaliers et privés.

REFERENCES

1. Joseph A, Cointe A, Mariani-Kurkdjian P, Rafat C, Hertig A. Shiga-Toxin associated Hemolytic Uremic Syndrome : A Narrative Review. *Toxins*. 2020 12(2), 67.

2. Bruyand M, Mariani-Kurkdjian P, Le Hello S, King LA, Van Cauteren D, et al. Paediatric haemolytic uraemic syndrome related to Shiga toxin-producing *Escherichia coli*, an overview of 10 years of surveillance in France, 2007 to 2016. *Euro Surveill*. 2019 Feb;24(8).
3. Toxi-infection alimentaire collective (TIAC) à *E. coli* O157 producteur de Shiga-toxines, associée à la consommation de concombres crus. Saint-Maurice: Santé publique France, 2021. 24p. Disponible à partir de l'URL: [Toxi-infection alimentaire collective \(TIAC\) à E. coli O157 producteur de Shiga-toxines, associée à la consommation de concombres crus \(santepubliquefrance.fr\)](https://www.santepubliquefrance.fr/fr/toxi-infection-alimentaire-collective-tiac-a-e-coli-o157-producteur-de-shiga-toxines-associee-a-la-consommation-de-concombres-crus)
4. Waltenburg MA, Schwensohn C, Madad A, Seelman SL, Peralta V, Koske SE. Two multistate outbreaks of a reoccurring Shiga toxin-producing *Escherichia coli* strain associated with romaine lettuce: USA, 2018-2019. *EID*. 2021;150.
5. Mulchandani R, Brehmer C, Butt S, Vishram B, Harrison M, Marchant E, et al. Outbreak of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* O157 linked with consumption of a fast-food product containing imported cucumbers, United Kingdom, August 2020. *Int J Infect Dis*. 2021;110.
6. Smith CR, Griffiths A, Allison S, Hoyano D, Hoang L. *Escherichia coli* O103 outbreak associated with minced celery among hospitalized individuals in Victoria, British Columbia, 2021. *Can Commun Dis Rep*. 2022;48(1):47-50.
7. Buchholz U, Berard H, Werber D, Böhmer MM, Remschmidt C, Wilking H, et al. German Outbreak of *Escherichia coli* O104:H4 Associated with Sprouts. *NEJM*. 2011;365:1763-1770.
8. Santé publique France. Prévention du SHU chez l'enfant de moins de 15 ans en France. Disponible sur internet : [SpFrance](https://www.santepubliquefrance.fr/fr/prevention-du-shu)