

Longueur : 3,1 mm.

Holotype : ♂ : Grande Kabylie : forêt de l'Akfadou (Fontaine des Houx) ± 1200 m, 14-V-1953, in coll. G. FAGEL (Bruxelles).

Paratype : ♂ : Grande Kabylie : forêt de Yakouren, ravin au-dessus du marabout de Tala Tegzirine, ± 850 m, 9-V-1953, in coll. G. FAGEL.

Nous dédions respectueusement cette espèce au grand entomologiste algérois qui a tant fait pour la connaissance de la faune coléoptérologique nord-africaine et en souvenir de ses passages à Yakouren, ce dont plusieurs personnes, tant européennes que kabyles, se souviennent encore.

Apteranillus Peyerimhoffi n. sp. se séparera facilement de *A. Pueli* PEYER. par la forme du pronotum dont le rebord latéral est incomplet la conformation des antennes et les caractères sexuels secondaires du ♂.

Dans sa révision du genre (2), DE PEYERIMHOFF indique comme caractère sexuel secondaire de son espèce :

« ♂, 7^e segment dorsal échancré au milieu entre deux dents obtuses » or c'est le caractère ♀ !

Chez le ♂ de *A. Pueli*, le bord postérieur du 7^e tergite est nettement prolongé au milieu, cette partie porte une profonde encoche ne laissant subsister que deux grandes dents très aiguës.

Nous avons pu examiner un ♂ du Djebel Bou Zegza, près d'Alger, in coll. ABEILLE DE PERRIN > Muséum national d'Histoire naturelle (Paris) et deux ♂♀ de la même localité, in coll. A. FAUVEL > Institut royal des Sciences naturelles de Belgique. Ces spécimens avaient été déterminés par l'auteur. Le type, in coll. DE PEYERIMHOFF, avait été capturé par PUEL dans les environs de Dellys, également en Grande Kabylie, mais dans la zone littorale à climat plus chaud.

Institut royal des Sciences naturelles de Belgique.

(1) Nous avons capturé le spécimen type, sur la route, dans des feuilles mortes, mais au pied d'un talus d'éboulis, d'où il provenait certainement. Le second exemplaire était en place, dans l'humus profond, sous un amoncellement de grosses pierres, sur le flanc d'un petit ravin très encaissé, parcouru par un ruisseau.

(2) *Bull. Soc. Ent. France*, LIV, 1949, pp. 34-37.

Paléontologie et Taxonomie

par S.G. KIRIAKOFF (Gand).

Il est devenu presque un lieu commun de dire que la taxonomie moderne (ce qu'on désigne parfois sous le nom un peu abusif de « New Systematics ») doit se servir des données fournies par les autres branches de la biologie : à côté de la morphologie, qui a été depuis toujours à la base de la systématique, cette dernière doit, dit-on à juste raison, utiliser les résultats des recherches faites dans les domaines de la cytologie, de la physiologie, de l'écologie, de la biogéographie, de la paléontologie, de la génétique, enfin de la biochimie.

On affirme en même temps que la systématique doit refléter, dans l'arrangement des divers groupes d'organismes, leurs relations de parenté : en d'autres mots, elle doit tendre à devenir une représentation aussi exacte que possible de la phylogénie.

Il est tout à fait exact qu'un système biologique n'ayant pas de prétentions phylogénétiques équivaut à un arrangement peut-être pratique, mais ne pouvant se réclamer de la science. Il est plus grave, cependant, lorsqu'un système qui se dit « phylogénétique » (ce qui est, en somme, l'équivalent de l'ancienne expression « système naturel ») ne l'est en réalité que très imparfaitement. Or, il faut avouer que le système animal (si on laisse de côté le règne végétal) actuel présente pas mal d'imperfections — et peut-être pas seulement dans les détails — dûes moins à des lacunes dans nos connaissances qu'à une interprétation erronée des données disponibles.

La raison en est à chercher dans la constatation que, nonobstant les affirmations résumées dans les deux premiers paragraphes de la présente contribution, le travail systématique actuel reste toujours imprégné de l'esprit « typologique », puisant son inspiration dans les données fournies par la morphologie. On ne peut nier, certes, que beaucoup d'ouvrages systématiques récents

adoptent la ligne de la « New Systematics » : mais les données apportées par les diverses sciences et sous-sciences énumérées plus haut, sont le plus souvent utilisées pour autant qu'elles ne sont pas en contradiction avec les données morphologiques, lesquelles ont pour ainsi dire une priorité absolue.

Il n'est pas abusif, je crois, d'opposer la systématique typologique à la systématique phylogénétique, ou d'affirmer, tout au moins, que ces deux notions ne se couvrent pas, et de loin. Tant que le grand principe « *Ressemblance morphologique n'est pas synonyme de parenté phylétique* » ne sera pas appliqué d'une manière consistante, tout système, quelles que soient les sources utilisées, ne sera qu'un système typologique, teinté, au mieux, d'un peu de phylogénie.

Cette affirmation ne vaut pas dans la même mesure pour toutes les unités d'un système biologique. Il faut souligner d'abord que, dans bien des cas — on peut même dire dans la majorité des cas — une ressemblance morphologique plus ou moins prononcée correspond à un degré plus ou moins marqué de parenté phylétique ; mais il faut souligner en même temps qu'il y a aussi des exceptions qui ne confirment pas la règle, si règle il y a, et que, malgré l'abondance des cas « conformes », nous ne pouvons nous autoriser à considérer la parenté phylétique comme un corollaire inévitable de la ressemblance morphologique. En second lieu, il convient de noter avec satisfaction qu'en ce qui concerne les unités taxonomiques inférieures, notamment le complexe spécifique, de très nombreux ouvrages récents font preuve d'un esprit véritablement phylogénétique. Le reproche formulé plus haut ne s'adresse donc pas à ces travaux. Ce fait réjouissant tient à plusieurs causes, entre autres à l'influence et à l'utilisation des résultats des recherches sur la génétique, facilitées comme le sont ces recherches par la possibilité de l'observation directe des rapports reproductifs (ou, pour employer le terme de HENNIG, des rapports tocogénétiques) entre les individus.

En dépit de ces réserves, le principe énoncé ci-dessus ne devrait jamais être perdu de vue, et en premier lieu par ceux qui désirent appuyer par des données paléontologiques, écologiques, physiologiques... les conclusions découlant de l'étude de la morphologie des formes dont ils s'occupent : étude, faut-il le répéter, formant la base de toutes les recherches dans le domaine de la systématique biologique.

*

**

Ce long préambule était nécessaire pour situer exactement le problème avant d'aborder l'objet de cette étude qui est de développer quelques idées modernes au sujet de l'utilisation de la paléontologie comme science auxiliaire de la taxonomie.

Il entre dans mes intentions de n'examiner ici qu'un seul aspect de cette utilisation. Le sujet est, en effet, trop vaste et par ailleurs trop connu pour la plupart de ses aspects pour être traité ici dans son ensemble.

Je me limiterai donc ici à l'utilisation des données paléontologiques dans l'évaluation du rang taxonomique des groupes supergénériques. Je crois que cet aspect de l'utilisation de la paléontologie est peu connu, pour ne pas dire inconnu. En effet, ce qui a été fait jusqu'ici dans ce domaine, l'a été d'une manière exclusivement typologique, c'est-à-dire qu'en se fondant sur les affinités morphologiques des formes fossiles, et sur celles qu'elles présentent avec les formes vivantes, on a rangé les unes et les autres dans des groupes taxonomiques établis d'après le degré de ces affinités.

Si l'on se place, cependant, à un point de vue phylogénétique, cette manière de procéder devient insuffisante, en vertu du principe énoncé plus haut. Un autre élément doit entrer ici en considération, et cet élément est l'âge absolu et relatif des fossiles.

Comment peut-on tirer profit de cet élément ? Cette question n'a généralement pas été sérieusement discutée, ni même posée. Une étude sinon approfondie — faute de données plus complètes et peut-être de place — du moins assez détaillée en a été dernièrement faite par W. HENNIG dans son remarquable ouvrage « *Grundzüge einer Theorie der phylogenetischen Systematik* » (Berlin, 1950), qui a été brièvement commenté ici-même (*Bull. Ann. Soc. Entom. Belg.*, 88, 1952, p. 294). Les idées très nouvelles de HENNIG méritent certes d'être mieux connues et, bien que les méthodes qu'il préconise soient susceptibles de développements et d'amendements, il me semble qu'elles pourraient servir de base à des recherches dans le domaine de la systématique.

Un premier point important discuté par HENNIG — et j'ajouterai que je suis pleinement d'accord avec ses conclusions — a trait à l'impossibilité d'établir un système phylogénétique comprenant à la fois les formes fossiles et vivantes. Cela résulte de la constatation qu'un système phylogénétique reflète les relations de parenté entre les divers groupes, établies à un moment donné de l'histoire de ces groupes. Or, à chaque moment donné — que ce

soit au Crétacé, au Pliocène ou aujourd'hui — un certain nombre de groupes ou lignées vivaient (ou vivent) qui avaient (ou ont) entre eux des rapports phylétiques étroits ou éloignés, selon les cas, rapports qui sont exprimés dans le système par le rang hiérarchique attribué à chacun de ces groupes : par exemple, les divers phyles ou clades se trouvent en relation de parenté du même grade ; un autre grade — le même pour toutes les unités envisagées — est attribué aux classes ; un troisième aux ordres, et ainsi de suite, chaque fois, bien entendu, dans les limites des groupements immédiatement supérieurs hiérarchiquement. On dit que ces groupes sont « coordonnés », et un tel arrangement devient évident si l'on songe que chaque « grade » porte le nom d'une catégorie taxonomique : phyle, classe, ordre... Il paraît aussi évident, d'autre part, que ces relations hiérarchiques ne sont valables que pour un moment donné (moment dans le sens géologique, bien entendu), car le développement continu des lignées — l'essence même de l'évolution — tend à modifier, à bouleverser ces relations : une famille devient une superfamille ; un genre une sous-famille... Et comme l'évolution connaît des voies et des moyens et des rythmes différents : tachytélie, bradytélie, évolution rectilinéaire, superspécialisation, extinction, etc. — il n'existe ni synchronisation ni uniformité qualitative dans les modifications des rapports phylétiques : ces derniers peuvent donc différer considérablement à des époques différentes, et d'autant plus que ces époques sont chronologiquement éloignées les unes des autres. On comprendra donc qu'un système phylogénétique, qui n'est pas fondé sur la ressemblance morphologique seule, n'est en état que de donner un tableau des relations de parenté établies dans un plan chronologique unique. Les « ancêtres », c'est-à-dire les formes dont sont dérivés les groupes composant le système, n'y ont pas de place : celle-ci se trouve dans un autre système qui est établi à un niveau synchronique avec l'époque de leur existence.

Un système typologique, fondé, lui, sur les seules ressemblances morphologiques, ne connaît pas cette limitation ; mais s'il permet — dans beaucoup, même dans la plupart des cas — de voir l'existence des rapports phylétiques entre les divers groupes, il ne peut en exprimer le grade. Cela, sans parler des cas où les ressemblances morphologiques — il s'agit ici de « vraies » convergences — mènent à des conclusions fautives quant aux affinités phylétiques.

Si le système phylogénétique ne peut exprimer que les relations phylétiques d'un moment déterminé, il appartient à l'arbre généalogique, qui n'est pas limité par les deux dimensions d'un système, de présenter ces relations dans leur ensemble. On peut exprimer des doutes quant au succès des efforts faits jusqu'ici dans cette direction ; mais c'est là une question qui ne peut être que mentionnée ici.

Je dois ajouter que les considérations ci-dessus reflètent simplement la concordance de mes vues avec celles de HENNIG ; elles partent du principe — nouveau, me semble-t-il — énoncé par cet auteur ; pour le reste, je me suis efforcé de trouver des arguments pouvant supporter ce principe.

*
**

Il a été dit plus haut que l'élément nouveau intervenant dans la méthode de l'utilisation de la paléontologie aux fins taxonomiques-phylogénétiques, se trouve dans l'âge des fossiles. Cet âge — je dirai pour plus de clarté « le degré d'ancienneté » — remplace ici le « degré de ressemblance morphologique » du système typologique.

Avant d'exposer quelle est la signification de l'âge — absolu et relatif — des fossiles dans l'établissement du rang taxonomique des groupes d'organismes, il convient de souligner que, le plus souvent et en tous cas là où c'est possible, il est utile de recourir à deux méthodes auxiliaires, à savoir la méthode paléontologique, dont les éléments de travail sont fournis par les fossiles ; et la méthode paléogéographique qui opère à l'aide de diverses hypothèses émises sur la répartition des mers et des terres dans le passé. Ces deux méthodes se complètent mutuellement et sont en vérité intimement liées. Cependant, ce n'est qu'en s'inspirant constamment des principes de la phylogénie, qu'on pourra en tirer un maximum de profit.

La signification et l'utilisation dans la taxonomie de la méthode paléogéographique et, plus généralement, de la méthode chorologique seront étudiées dans une autre contribution. Nous nous en tiendrons dans le présent article à la paléontologie, et examinerons maintenant la signification de l'âge des fossiles. A la base de cette signification se trouve encore un principe énoncé par HENNIG. Ce principe peut être formulé, pour les besoins de la présente contribution, comme suit : « *Les groupes d'âge égal ont une valeur taxonomique égale.* »

Ainsi défini, le principe paraît simple et son application facile. Il paraît logique aussi, car il est, après tout, fondé sur les conceptions courantes et sur la pratique des systématiciens; une sous-espèce est plus « jeune » qu'une espèce; un genre est séparé au sein d'une unité supérieure déjà existante, etc. On peut cependant se demander, si le principe de HENNIG, tel que cet auteur le définit théoriquement et l'applique dans les exemples qu'il cite, n'est pas en contradiction avec celui du monophylétisme initial, ce dernier principe étant, comme on sait, à la base de la phylogénie moderne. Il est, en effet, clair que l'idée du monophylétisme initial implique un développement graduel des groupes devenant de plus en plus étendus, et à différenciation de plus en plus marquée, groupes que la taxonomie répartit dans des complexes variés, suivant leurs affinités phylétiques (idéalement, tout au moins), et que chaque complexe d'un rang hiérarchique supérieur est, en quelque sorte, le symbole d'une étape donnée de l'évolution, étape plus avancée que celle atteinte par ses composants; il s'ensuit que ces derniers sont historiquement plus « anciens » que le complexe qui les groupe, puisque chacun d'eux représente une étape évolutive plus proche du point de départ de toute la lignée.

Cette contradiction n'est en réalité qu'apparente: elle part d'un point de vue formaliste qui ne devrait pas avoir de place en phylogénie. Si un groupe reçoit dans le système, en raison de son ancienneté, le rang d'une famille, et si un autre, plus ancien, est placé dans le même système comme un sous-ordre, cela ne veut dire rien d'autre que, pendant la période écoulée entre l'origine du premier ancêtre de chacun de ces groupes et le temps présent, le premier de ces groupes a atteint un degré de développement et de différenciation dont l'ordre peut être évalué comme correspondant à celui d'une famille; et que le deuxième, en raison du temps plus long, dont la succession de ses ancêtres a pu bénéficier, a pu atteindre un degré de développement et de différenciation supérieur à celui atteint par le premier groupe et pouvant être évalué comme correspondant à l'échelon sub-ordinal. Il est sans objet de remarquer qu'au moment de l'origine du premier des groupes en question, le deuxième (le plus ancien) n'existait encore que comme un genre ou comme une sous-famille. Car, comme il a été dit plus haut, le système phylogénétique ne peut donner qu'une vue d'ensemble des relations de parenté à un moment déterminé: HENNIG compare ce système — très justement, à mon

sens — à une coupe horizontale de l'arbre généalogique, faite à une hauteur déterminée. Ce qui explique, encore une fois, pourquoi les formes éteintes ne peuvent être incorporées dans un système phylogénétique.

Une autre conclusion, logique semble-t-il, que l'on peut tirer de ce qui précède, a trait aux formes éteintes sans descendance, ou à descendants n'ayant pas survécu jusqu'aux temps présents. HENNIG estime que ces formes ou groupes doivent être traités de la même façon que les formes ou groupes récents, c'est-à-dire qu'on doit leur accorder le même rang taxonomique qu'aux groupes récents ayant un âge égal au leur (1).

J'ai dit plus haut que le principe de la coordination de l'âge et du rang taxonomique des lignées phylétiques paraissait simple, tel que je l'avais formulé. Il est, en effet, simple en théorie. En pratique, cependant, des difficultés de toutes sortes attendent le systématicien qui essaie de s'en inspirer. Car il ne suffit pas de connaître l'âge absolu d'un fossile (ce qui est somme toute généralement faisable avec un certain degré d'exactitude); il faut aussi déterminer avec certitude si ce fossile est un ancêtre en ligne directe d'un groupe vivant, et de quel groupe. Et c'est ici que les difficultés peuvent s'amonceler: l'action pratiquement universelle de la règle de déviation en fournira quelques-unes, car, à part les indications fournies par l'allure générale de l'évolution dans un groupe déterminé et par les cas d'évolution rectilinéaire (= orthogénèse des auteurs), il n'est pas toujours facile, ni même possible de déterminer la nature exacte, la direction et le rythme des apomorphoses. Il y a ensuite les synapomorphoses, dont il est souvent difficile de dire si elles sont la conséquence de la règle des séries parallèles de variabilité (règle de VAVILLOV) ou de convergences,

Une fois ces difficultés surmontées, il est évidemment facile de dresser un « tableau des rangs », correspondant à l'ancienneté relative des lignées. Mais l'existence même de ces difficultés — plus fréquentes sans doute qu'on ne se l'imagine — rend l'applicabilité de la méthode élaborée par HENNIG assez restreinte.

Un autre fait tendant à la restreindre davantage, est (on s'en doutait) l'absence de fossiles connus qui pourraient être rapportés au groupe étudié. Cela se présente avec une fréquence particulière précisément en entomologie, de sorte qu'une évaluation complète

(1) Lire à ce sujet la remarque de JEANNEL in: *Traité de Zoologie*, t. IX, p. 6.

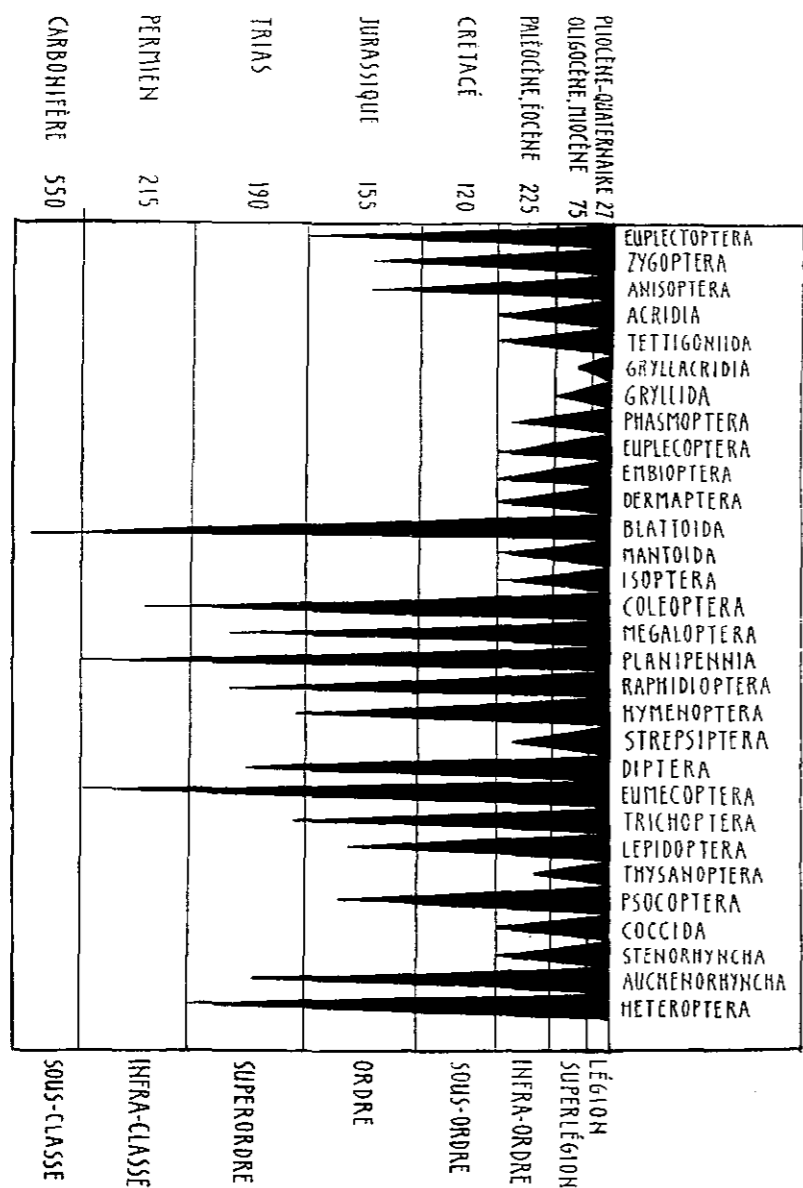


FIG. 1. — « Tableau des rangs » taxonomiques des « ordres » d'Insectes ptérygotes. A gauche, les périodes géologiques, avec indication de leurs durées en millions d'années. A droite, les noms des catégories taxonomiques correspondant à ces périodes. La disposition et l'ancienneté des « ordres » ont été tirées du « Tableau généalogique et systématique de la classe des Insectes » inspiré des travaux de MARTYNOV, modifié par JEANNEL (*Traité de Zoologie*, t. IX (1949), en face de la p. 16).

du rang taxonomique des lignées phylétiques, fondée sur la méthode paléontologique telle qu'elle est exposée ici, n'est probablement possible pour aucun ordre d'Insectes.

HENNIG lui-même limite l'applicabilité de sa méthode aux groupes ne remontant qu'au Trias ou au Carbonifère. Pour les groupes plus anciens, les difficultés énumérées plus haut deviennent trop grandes — je pense même, généralement insurmontables.

Les exemples donnés par HENNIG dans son exposé sont tirés pour la plupart de l'ordre des Diptères : on sait, en effet, que cet auteur est un diptérologue de grande valeur. Afin d'illustrer l'emploi de la méthode de HENNIG, j'ai dressé (fig. 1) un « Tableau des rangs » des ordres des Insectes Ptérygotes, en me servant du schéma modifié de MARTYNOV (*Traité de Zoologie* de P.P. GRASSÉ, t. IX, en face de la page 16). Il est clair que les résultats obtenus sont hautement spéculatifs, car le schéma de MARTYNOV n'est pas fondé uniquement sur le record fossile existant ; les époques d'origine de plusieurs groupes sont hypothétiques et, plus généralement, ce schéma (comme d'ailleurs tout ce qui a été fait jusqu'ici dans ce domaine) n'a pas été établi dans un esprit purement phylogénétique, mais présente plutôt le mélange habituel de tendances typologiques et phylogénétiques. Aussi, voudra-t-on bien ne point tirer du tableau présenté ici des conclusions hâtives et le considérer comme une simple illustration d'un côté de la manière à employer la méthode de HENNIG, et de l'autre côté des imperfections de la classification actuelle, car, malgré le caractère spéculatif des données utilisées et des résultats obtenus, ce tableau montre l'inégalité de la valeur taxonomique des groupes considérés aujourd'hui comme se trouvant tous au même échelon hiérarchique du système.

Les noms des catégories taxonomiques qui correspondent dans le tableau ci-contre aux âges absolus des diverses lignées sont tirés de mon ouvrage « *De huidige problemen van de Taxonomische terminologie in de Dierkunde* » (Bruxelles, 1947), p. 47. Leur choix n'est pas tout à fait arbitraire, car il semble insuffisant de considérer les Insectes comme une classe : ils forment plutôt une superclasse, et leurs divisions primaires actuelles sont des classes. Dès lors, il était logique d'attribuer à la lignée la plus ancienne, les Blattoïdes, la valeur d'une sous-classe.

Ces quelques remarques ne couvrent évidemment pas l'ensemble du problème ; je n'effleure même pas ici, par exemple, la question des catégories dites « vides » qui jouent un rôle important dans une

classification phylogénétique. Toutes ces questions feront peut-être, plus tard, l'objet d'une contribution spéciale.

Étant donné l'extrême pauvreté du record fossile chez les Insectes, j'ai renoncé à la confection d'autres « Tableaux de rangs ». Des résultats beaucoup meilleurs pourront être obtenus pour les Vertébrés. Et, en ce qui concerne les Insectes, la méthode paléogéographique sera d'un secours beaucoup plus grand dans la majorité des cas. Dans ce domaine, nous devons entre autres à JEANNEL des recherches intéressantes, dont le côté taxonomique devrait cependant être révisé à la lumière des principes phylogénétiques purs.

Revenant au tableau présenté ici, il est à supposer que tout le monde ne sera pas d'accord sur les rangs y attribués aux différents groupes, d'autant plus que la généralisation de la méthode amènerait des réévaluations de grande étendue dans beaucoup de grandes divisions, et notamment chez les Vertébrés. L'usage courant sera pour beaucoup dans les divergences de vue qu'on peut prévoir. Par contre, on peut faire remarquer que, par ces réévaluations, on obtiendra une uniformité plus grande dans les valeurs relatives des principales unités taxonomiques, uniformité souhaitée par beaucoup, et que certains ont essayé à réaliser avec plus ou moins de succès, comme par exemple HANDLIRSCH pour les Insectes.

Malgré ses limitations et ses imperfections, la méthode paléontologique élaborée par HENNIG représente un pas en avant dans la méthodologie de la systématique biologique. De plus, ce n'est qu'une des méthodes pouvant être utilisées par cette dernière science dans ses efforts tendant à l'établissement d'un système phylogénétique des organismes. Le présent exposé a le défaut de ne traiter précisément que d'une méthode entre plusieurs, alors que c'est l'emploi coordonné de toutes qui pourra mener à de meilleurs résultats. Une contribution traitant de l'ensemble de la question serait trop longue pour nos *Bulletin et Annales*. Dans le cadre de mes exposés de diverses questions qui se posent actuellement en taxonomie, ces quelques pages seront, me semble-t-il, de quelque intérêt, malgré le défaut que je viens de signaler.

Janvier 1954.

Laboratoire de Zoologie systématique
de l'Université de Gand.
Directeur : Prof. dr. P. VAN OYE.

SOCIÉTÉ ENTOMOLOGIQUE DE BELGIQUE

Assemblée mensuelle du 8 mai 1954

Présidence de M. R. MAYNÉ, *Président*.

Bibliothèque. — Echange. Il est décidé de procéder à l'échange de nos *Bulletin et Annales* contre les publications de l'*Instituto de Zoologia « Dr. Augusto Nobre »*, de la Faculté des sciences de Porto.

Dons. — Nous avons reçu des separata de MM. FERRIÈRE (6) et Dr. SCHEDL (6). (*Remerciements.*)

COMMUNICATION.

Note sur la présence en Belgique d'un Bostrychide indo-malais : *Sinoxylon anale* LESNE.

Au cours d'une visite dans une huilerie près de Selzaete, à Ertvelde-Rieme, le 31 mars 1954, notre collègue KASSIANOFF a trouvé, dans des racines de manioc, un exemplaire mort, mais en parfait état, de *Sinoxylon anale* LESNE. L'espèce n'a pas encore été signalée en Belgique. EVERTS ne la mentionne pas de Hollande où cependant plusieurs espèces du genre ont déjà été notées.

L'aire d'habitat de l'espèce s'étend sur l'Inde, l'Indochine, la Chine méridionale, les Philippines, l'Indonésie et le Nord de l'Australie. L'insecte se développe dans le bois mort de divers arbres et dans le bambou. De plus, il s'est adapté au régime des grains entreposés. Ce passage du régime xylophage au régime cléthrophage est connu chez divers Bostrychides. Les Insectes qui présentent cette particularité ont été dénommés sitiophiles par LEPESME. Il s'agit souvent d'espèces d'origine tropicale qui ne peuvent survivre dans les régions tempérées que dans les habitations et les entrepôts chauffés en hiver. Ces sitiophiles présentent une tendance à devenir des ravageurs cosmopolites et il est toujours intéressant de mentionner leur apparition dans un pays. Le Service de Quarantaine des Etats-Unis a trouvé l'espèce à plusieurs reprises dans le bois de caisses et dans des racines de *Derris*. *Sinoxylon anale* LESNE pourrait devenir un hôte commun des denrées entreposées.

J. M. VRYDAGH.