

# Sample

## English to French: Patent Biotech

### Source text – English

What is claimed is:

1. An isolated polynucleotide comprising the nucleic acid sequence of SEQ ID NO: 332, wherein said nucleic acid sequence codes for a polypeptide that is a MYB transcription factor.
2. The isolated polynucleotide of claim 1, wherein said polypeptide is a transcription factor that functions in a plant cell.
3. The isolated polynucleotide of claim 1, wherein the polypeptide is normally expressed in a species of Eucalyptus.
4. The isolated polynucleotide of claim 1, wherein the polypeptide is normally expressed in an angiosperm.
5. The isolated polynucleotide of claim 1, wherein said polypeptide is capable of upregulating the expression of a gene in a plant.
6. The isolated polynucleotide of claim 5, wherein said gene encodes a polypeptide involved in lignin biosynthesis.
7. A DNA construct comprising (i) the nucleic acid sequence of SEQ ID NO: 332, (ii) an Eucalyptus caffeic acid 3-O-methyltransferase (COMT) promoter, and (iii) a desired nucleic acid sequence encoding a polypeptide, wherein SEQ ID NO: 332 encodes a MYB transcription factor that regulates the activity of the promoter, and wherein said promoter and said desired nucleic acid sequence are operably linked.
8. A plant cell comprising a DNA construct comprising (i) the nucleic acid sequence of SEQ ID NO: 332, (ii) an Eucalyptus COMT promoter, and (iii) a desired nucleic acid sequence encoding a polypeptide, wherein SEQ ID NO: 332 encodes a MYB transcription factor that regulates the activity of the promoter and wherein said promoter and said desired nucleic acid sequence are operably linked.
9. A method for producing a transgenic plant, comprising (a) transforming a plant cell with a DNA construct that comprises (i) the nucleic acid sequence of SEQ ID NO: 332, (ii) an Eucalyptus COMT promoter, and (iii) a desired nucleic acid sequence encoding a polypeptide, wherein SEQ ID NO: 332 encodes a MYB transcription factor that regulates the activity of the promoter, and wherein said promoter and said desired nucleic acid sequence are operably linked; (b) culturing said transformed plant cell under conditions that promote growth of a plant, wherein the MYB transcription factor encoded by SEQ ID NO: 332 and the product of said desired nucleic acid sequence are both expressed in the plant.

Description

## FIELD OF INVENTION

The present invention relates to polynucleotide sequences isolated from plants that encode transcription factors, together with polypeptides encoded by such polynucleotides. In particular, this invention relates to polynucleotide and polypeptide sequences isolated from *Eucalyptus* and *Pinus* and the use of such polynucleotide and polypeptide sequences for regulating gene transcription and gene expression.

## BACKGROUND OF THE INVENTION

During transcription, a single-stranded RNA complementary to the DNA sequence to be transcribed is formed by the action of RNA polymerases. Initiation of transcription in eucaryotic cells is regulated by complex interactions between cis-acting DNA motifs, and trans-acting protein factors. Among the cis-acting regulatory regions are sequences of DNA, termed promoters. A promoter is located close to the transcription initiation site and comprises a nucleotide sequence that associates with an RNA polymerase, either directly or indirectly. Promoters usually consist of proximal (e.g. TATA box) and more distant elements (e.g. CCAAT box). Enhancers are cis-acting DNA motifs which may be situated 5-prime and/or 3-prime from the initiation site.

Both promoters and enhancers are generally composed of several discrete, often redundant, elements each of which may be recognized by one or more trans-acting regulatory proteins, known as transcription factors. Regulation of the complex patterns of gene expression observed both spatially and temporally, in all developing organisms, is thought to arise from the interaction of enhancer- and promoter-bound, general and tissue-preferred transcription factors with DNA (Izawa T, Foster R and Chua N H, 1993, *J. Mol. Biol.* 230:1131-1144; Menkens A E, Schindler U and Cashmore A R, 1995, *Trends in Biochem Sci* 13:506-510). Developmental decisions in organisms as diverse as *Drosophila melanogaster*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Arabidopsis thaliana* and *Pinus radiata* are regulated by transcription factors. These DNA-binding regulatory molecules have been shown to control the expression of genes responsible for the differentiation of different cell types, for example, the differentiation of leaf trichomes and xylem tissue in *Arabidopsis thaliana* (Kirik V, Schnittger A, Radchuk V, Adler K, Hulskamp M and Baumlein H, 2001, *Dev Biol.* 235(2):366-77, Baima S, Possenti M, Matteucci A, Wisman E, Altamura M M, Ruberti I and Morelli G., 2001 *Plant Physiol.* 126(2):643-55, formation of endoderm from embryonic cells in *Xenopus laevis* and the initiation of gene expression in response to environmental and phytohormonal stress in plants (Yanagisawa S and Sheen J, 1998, *The Plant Cell* 10:75-89).

Transcription factors generally bind DNA in a sequence-specific manner and either activate or repress transcription initiation. The specific mechanisms of these interactions remain to be fully elucidated. At least three types of separate domains have been identified within transcription factors. One is essential for sequence-specific DNA recognition, one for the activation/repression of transcriptional initiation, and one for the formation of protein-protein interactions (such as dimerization). Studies indicate that many plant transcription factors can be grouped into distinct classes based on their conserved DNA binding domains (Katagiri F and Chua N H, 1992, *Trends Genet.* 8:22-27; Menkens A E, Schindler U and Cashmore A R, 1995, *Trends in Biochem Sci.* 13:506-510; Martin C and Paz-Ares J, 1997, *Trends Genet.* 13:67-73). Each member of these families interacts and binds with distinct DNA sequence motifs that are often found in multiple gene promoters controlled by different regulatory signals.

Several transcription factor families have been identified in plants. For example, nucleotide sequences encoding the following transcription factors families have been identified: Alfin-like, AP2 (APETALA2) and EREBPs (ethylene-responsive element binding proteins), ARF, AUX/IAA, bHLH, bZIP, C2C2 (Zn), C2C2 (Co-like), C2C2 (Dof), C2C2 (GATA), C2C2 (YABBY), C2H2 (Zn), C3H-type, CCAAT, CCAAT HAP3, CCAAT HAP5, CPP (Zn), DRAP1, E2F/DP, GARP, GRAS, HMG-BOX, HOMEO BOX, HSF, Jumanji, LFY, LIM, MADS Box (SEQ ID NO: 3668), MYB, NAC, NIN-like, Polycomb-like, RAV-like, SBP, TCP, TFIID, Transfactor, Trihelix, TUBBY, and WRKY (SEQ ID NO: 3670).

Because transcription factors regulate transcription and orchestrate gene expression in plants and other

organisms, control of transcription factor gene expression provides a powerful means for altering plant phenotype. The multigenic control of plant phenotype presents difficulties in determining the genes responsible for phenotypic determination. One major obstacle to identifying genes and gene expression differences that contribute to phenotype in plants is the difficulty with which the expression of more than a handful of genes can be studied concurrently. Another difficulty in identifying and understanding gene expression and the interrelationship of the genes that contribute to plant phenotype is the high degree of sensitivity to environmental factors that plants demonstrate.

There have been recent advances using genome-wide expression profiling. In particular, the use of DNA microarrays has been useful to examine the expression of a large number of genes in a single experiment. Several studies of plant gene responses to developmental and environmental stimuli have been conducted using expression profiling. For example, microarray analysis was employed to study gene expression during fruit ripening in strawberry, Aharoni et al., *Plant Physiol.* 129:1019-1031 (2002), wound response in Arabidopsis, Cheong et al., *Plant Physiol.* 129:661-7 (2002), pathogen response in Arabidopsis, Schenk et al., *Proc. Nat'l Acad. Sci.* 97:11655-60 (2000), and auxin response in soybean, Thibaud-Nissen et al., *Plant Physiol.* 132:118. Whetten et al., *Plant Mol. Biol.* 47:275-91 (2001) discloses expression profiling of cell wall biosynthetic genes in *Pinus taeda* L. using cDNA probes. Whetten et al. examined genes which were differentially expressed between differentiating juvenile and mature secondary xylem. Additionally, to determine the effect of certain environmental stimuli on gene expression, gene expression in compression wood was compared to normal wood. A total of 156 of the 2300 elements examined showed differential expression. Whetten, supra at 285. Comparison of juvenile wood to mature wood showed 188 elements as differentially expressed. Id. at 286.

Although expression profiling and, in particular, DNA microarrays provide a convenient tool for genome-wide expression analysis, their use has been limited to organisms for which the complete genome sequence or a large cDNA collection is available. See Hertzberg et al., *Proc. Nat'l Acad. Sci.* 98:14732-7 (2001a), Hertzberg et al., *Plant J.*, 25:585 (2001b). For example, Whetten, supra, states, "A more complete analysis of this interesting question awaits the completion of a larger set of both pine and poplar ESTs." Whetten et al. at 286. Furthermore, microarrays comprising cDNA or EST probes may not be able to distinguish genes of the same family because of sequence similarities among the genes. That is, cDNAs or ESTs, when used as microarray probes, may bind to more than one gene of the same family.

Methods of manipulating gene expression to yield a plant with a more desirable phenotype would be facilitated by a better understanding of transcription factor gene expression in various types of plant tissue, at different stages of plant development, and upon stimulation by different environmental cues. The ability to control plant architecture and agronomically important traits would be improved by a better understanding of how cell cycle gene expression effects formation of plant tissues, how cell cycle gene expression causes plant cells to enter or exit cell division, and how plant growth and transcription factor gene are connected. Among the large number of transcription factor genes, the expression of which can change during development of a plant, only a fraction are likely to effect phenotype.

## **Translation – French**

### Revendications

1. Polynucléotide isolé comprenant la séquence d'acide nucléique de SEQ ID NO : 332, dans lequel ladite séquence d'acide nucléique code pour un polypeptide qui est un facteur de transcription de type MYB.
2. Polynucléotide isolé selon la revendication 1, dans lequel ledit polypeptide est un facteur de transcription qui fonctionne dans une cellule végétale.
3. Polynucléotide isolé selon la revendication 1, dans lequel le polypeptide est normalement exprimé dans une espèce du type *Eucalyptus*.

4. Polynucléotide isolé selon la revendication 1, dans lequel le polypeptide est normalement exprimé dans une angiosperme.

5. Polynucléotide isolé selon la revendication 1, dans lequel ledit polypeptide est capable de réguler positivement l'expression d'un gène dans une plante.

6. Polynucléotide isolé selon la revendication 5, dans lequel ledit gène code pour un polypeptide impliqué dans la biosynthèse de la lignine.

7. Construction d'ADN comprenant (i) la séquence d'acide nucléique de SEQ ID NO: 332, (ii) un promoteur (COMT) d'acide caféique 3-O-méthyltransférase d'Eucalyptus, et (iii) une séquence d'acide nucléique souhaitée codant pour un polypeptide, dans laquelle SEQ ID NO: 332 code pour un facteur de transcription de type MYB qui régule l'activité du promoteur, et dans laquelle ledit promoteur et ladite séquence d'acide nucléique souhaitée sont liés de manière opérationnelle.

8. Cellule végétale comprenant une construction d'ADN comprenant (i) la séquence d'acide nucléique de SEQ ID NO: 332, (ii) un promoteur COMT d'Eucalyptus, et (iii) une séquence d'acide nucléique souhaitée codant pour un polypeptide, dans laquelle SEQ ID NO: 332 code pour un facteur de transcription de type MYB qui régule l'activité du promoteur, et dans laquelle ledit promoteur et ladite séquence d'acide nucléique souhaitée sont liés de manière opérationnelle.

9. Méthode de production d'une plante transgénique, comprenant (a) la transformation d'une cellule végétale avec une construction d'ADN qui comprend (i) la séquence d'acide nucléique de SEQ ID NO: 332, (ii) un promoteur COMT d'Eucalyptus, et (iii) une séquence d'acide nucléique souhaitée codant pour un polypeptide, dans laquelle SEQ ID NO: 332 code pour un facteur de transcription de type MYB qui régule l'activité du promoteur, et dans laquelle ledit promoteur et ladite séquence d'acide nucléique souhaitée sont liés de manière opérationnelle; (b) la culture de ladite cellule végétale transformée dans des conditions de culture qui induisent la croissance d'une plante, le facteur de transcription de type MYB codé par SEQ ID NO: 332 et le produit de ladite séquence d'acide nucléique souhaitée étant tous deux exprimés dans la plante.

## Description

### DOMAINE DE L'INVENTION

La présente invention a trait à des séquences de polynucléotides isolés à partir de plantes, et aux polypeptides codés par de tels polynucléotides. En particulier, cette invention concerne des séquences de polynucléotides et de polypeptides isolés à partir d'Eucalyptus et de Pinus et l'utilisation de ces séquences de polynucléotides et de polypeptides pour réguler la transcription et l'expression de gènes.

### CONTEXTE DE L'INVENTION

Pendant la transcription, un ARN simple brin complémentaire de la séquence d'ADN devant être transcrite est formé grâce à l'activité d'une ARN polymérase. L'initiation de la transcription dans les cellules eucaryotes est régulée par des interactions complexes entre des motifs d'ADN agissant en cis, et des facteurs protéiques agissant en trans. Parmi les régions régulatrices agissant en cis, il y a des séquences d'ADN dénommées promoteur. Un promoteur est localisé à proximité d'un site d'initiation de la transcription et comprend une séquence nucléotidique qui s'associe avec une ARN polymérase soit directement, soit indirectement. Les promoteurs sont constitués habituellement par des éléments proximaux (par exemple

TATA box) et des éléments plus distants (par exemple CCAAT box). Les amplificateurs sont des éléments agissant en cis qui peuvent être localisés en 5' et/ou en 3' par rapport au site d'initiation.

Les promoteurs et les amplificateurs sont généralement composés de plusieurs éléments discrets, souvent redondants, chacun d'entre eux pouvant être reconnu par une ou plusieurs protéines régulatrices agissant en trans, appelées facteurs de transcription. La régulation du profil complexe d'expression génique, observé de façon spatiale et temporaire dans tous les organismes développés, est supposée résulter de l'interaction entre des facteurs de transcription généraux et tissu spécifiques, liés avec des amplificateurs et des promoteurs, et l'ADN (Izawa T, Foster R and Chua N H, 1993, *J. Mol. Biol.* 230:1131-1144; Menkens A E, Schindler U and Cashmore A R, 1995, *Trends in Biochem Sci* 13:506-510). Les décisions développementales dans des organismes aussi divers que *Drosophila melanogaster*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Arabidopsis thaliana* et *Pinus radiata*, sont régulées par des facteurs de transcription. Il a été montré que ces molécules régulatrices lient l'ADN contrôlent l'expression de gènes responsables de la différenciation de différents types cellulaires, par exemple, la différenciation des trichomes de feuille et des tissus du xylème chez *Arabidopsis thaliana* (Kirik V, Schnittger A, Radchuk V, Adler K, Hulskamp M and Baumlein H, 2001, *Dev Biol.* 235(2):366-77, Baima S, Possenti M, Matteucci A, Wisman E, Altamura M M, Ruberti I and Morelli G., 2001 *Plant Physiol.* 126(2):643-55), la formation de l'endoderme à partir de cellules embryonnaires chez *Xenopus laevis* et l'initiation de l'expression de gènes en réponse à des stress environnementaux et phytohormonaux chez les plantes (Yanagisawa S and Sheen J, 1998, *The Plant Cell* 10:75-89).

Les facteurs de transcription se lient généralement à l'ADN de manière séquence spécifique et activent ou répriment l'initiation de la transcription. Les mécanismes spécifiques de ces interactions restent encore à élucider complètement. Au moins trois types de domaines distincts ont été identifiés dans les facteurs de transcriptions. L'un est essentiel pour la reconnaissance séquence spécifique de l'ADN, un autre pour l'activation/répression de l'initiation de la transcription, et un autre pour la formation d'interactions protéine-protéine (telle que la dimérisation). Des études indiquent que de nombreux facteurs de transcription de plante peuvent être groupés en des classes distinctes sur la base de leurs domaines de liaison à l'ADN conservés (Katagiri F and Chua N H, 1992, *Trends Genet.* 8:22-27; Menkens A E, Schindler U and Cashmore A R, 1995, *Trends in Biochem Sci.* 13:506-510; Martin C and Paz-Ares J, 1997, *Trends Genet.* 13:67-73). Chaque membre de ces familles interagit et se lie avec des motifs de séquence d'ADN différents qui sont souvent présents dans de nombreux promoteurs de gènes contrôlés par différents signaux de régulation.

Plusieurs familles de facteur de transcription ont été identifiées chez les plantes. Par exemple, des séquences nucléotidiques codant pour les familles de facteur de transcription suivantes ont été identifiées : Alfin-like, AP2 (APETALA2) et EREBPs (ethylene-responsive element binding proteins (protéines liant l'élément de réponse à l'éthylène)), ARF, AUX/IAA, bHLH, bZIP, C2C2 (Zn), C2C2 (Co-like), C2C2 (Dof), C2C2 (GATA), C2C2 (YABBY), C2H2 (Zn), C3H-type, CCAAT, CCAAT HAP3, CCAAT HAP5, CPP (Zn), DRAP1, E2F/DP, GARP, GRAS, HMG-BOX, HOMEO BOX, HSF, Jumanji, LFY, LIM, MADS Box (SEQ ID NO: 3668), MYB, NAC, NIN-like, Polycomb-like, RAV-like, SBP, TCP, TFIID, Transfactor, Trihelix, TUBBY, et WRKY (SEQ ID NO: 3670).

Du fait que les facteurs de transcription régulent la transcription et contrôlent l'expression des gènes chez les plantes et chez d'autres organismes, le contrôle de l'expression des gènes de facteur de transcription constitue un moyen puissant pour altérer le phénotype des plantes. Le caractère multi-génique du contrôle du phénotype des plantes entraîne des difficultés pour identifier les gènes responsables du déterminisme phénotypique. Un obstacle majeur pour identifier des gènes et des différences d'expression de gène qui contribuent à un phénotype chez les plantes réside dans la difficulté d'étudier simultanément l'expression d'un grand nombre de gènes. Le haut degré de sensibilité des plantes aux facteurs environnementaux constitue une autre difficulté pour l'identification et la compréhension de l'expression génique et des interactions entre les gènes qui contribuent à un phénotype chez les plantes.

Des progrès récents ont été réalisés en utilisant des techniques d'étude du profil d'expression à l'échelle du génome entier. En particulier, l'utilisation de puces à ADN a permis d'examiner l'expression d'un grand nombre de gènes en une seule expérience. Plusieurs études de réponses de gènes de plante à des stimuli

développementaux et environnementaux ont été conduites en réalisant des profils d'expression. Par exemple, des analyses à l'aide de puces à ADN ont été utilisées pour étudier l'expression génique pendant le mûrissement des fruits du fraisier, Aharoni et al., *Plant Physiol.* 129:1019-1031 (2002), la réponse à la blessure chez *Arabidopsis*, Cheong et al., *Plant Physiol.* 129:661-7 (2002), la réponse à une attaque pathogène chez *Arabidopsis*, Schenk et al., *Proc. Natl Acad. Sci.* 97:11655-60 (2000), et la réponse à l'auxine chez le soja, Thibaud-Nissen et al., *Plant Physiol.* 132:118. Whetten et al., *Plant Mol. Biol.* 47:275-91 (2001) décrivent le profil d'expression des gènes de la biosynthèse de la paroi cellulaire chez *Pinus taeda* L. déterminé à l'aide de sondes ADNc. Whetten et al. ont étudié des gènes qui étaient différentiellement exprimés entre du xylème juvénile en cours de différenciation et du xylème secondaire mature. En outre, pour déterminer l'effet de certains stimuli environnementaux sur l'expression génique, l'expression génique de bois de compression a été comparée à celle de bois normal. Au total, sur 2300 éléments examinés, 156 présentaient une expression différentielle (Whetten, supra à 285). La comparaison de bois juvénile et de bois mature présentait 188 éléments exprimés différentiellement (Id. à 286).

Bien que les techniques de détermination du profil d'expression et, en particulier, les puces à ADN constituent des outils appropriés pour l'analyse de l'expression génique à l'échelle du génome entier, leur utilisation est limitée aux organismes pour lesquels la séquence du génome complet ou d'une grande collection d'ADNc est disponible. Voir Hertzberg et al., *Proc. Nat'l Acad. Sci.* 98:14732-7 (2001a), Hertzberg et al., *Plant J.*, 25:585 (2001b). Par exemple, Whetten, supra, a déclaré que « Une analyse plus complète de cette intéressante question devra attendre le séquençage d'un plus grand ensemble d'EST de pin et de peuplier. » Whetten et al. à 286. En outre, les puces à ADN comprenant pour sondes des ADNc ou des EST peuvent ne pas être capables de faire la distinction entre des gènes de la même famille en raison de similarités de séquence parmi ces gènes. C'est-à-dire, que lorsque des ADNc ou des EST sont utilisés comme sondes pour des puces à ADN, ils peuvent se lier à plus d'un gène de la même famille.

Des méthodes pour manipuler l'expression génique en vue d'obtenir des plantes avec un phénotype souhaité bénéficieraient d'une meilleure compréhension de l'expression des gènes de facteur de transcription dans différents types de tissu de plante, à différents stades de développement, et en fonction de stimulation par différents signaux environnementaux. La possibilité de contrôler l'architecture des plantes et des caractères importants sur le plan agronomique bénéficierait d'une meilleure compréhension des mécanismes par lesquels l'expression des gènes du cycle cellulaire influence la formation des tissus végétaux, par lesquels l'expression des gènes du cycle cellulaire entraîne l'entrée ou la sortie de la division des cellules végétales, par lesquels la croissance des plantes et les gènes de facteurs de transcriptions sont connectés. Parmi un grand nombre de gènes de facteur de transcription, dont l'expression peut varier pendant le développement d'une plante, il est vraisemblable que seulement une fraction affecte un phénotype donné.

## English to French: Legislation, family law proceedings

### Source text – English

#### Parenting orders

1. On an application made to it for the purpose by an eligible person, the court may make a parenting order determining the time or times when specified persons have the role of providing day-to-day care for, or may have contact with, the child.
2. A parenting order determining that a person has the role of providing day-to-day care for the child may specify that the person has that role
  - (a) at all times or at specified times; and
  - (b) either alone or jointly with 1 or more other persons.
3. A parenting order determining that a person may have contact with the child may specify any of the following:

- (a) the nature of that contact (for example, whether it is direct (that is, face to face) contact or some form of indirect contact (for example, contact by way of letters, telephone calls, or email));
  - (b) the duration and timing of that contact;
  - (c) any arrangements that are necessary or desirable to facilitate that contact.
4. A parenting order may be a final order or it may be an interim order that has effect until a specified date or event or until the court orders otherwise.
  5. A parenting order may also be subject to any other terms or conditions (including, without limitation, a condition requiring a party to enter into a bond) the court determines.
  6. This section is subject to sections 50 to 52 and 60

## **Translation – French**

### Ordonnances parentales

1. A la demande qui lui en est faite à ce sujet par une personne éligible, le tribunal peut rendre une ordonnance parentale en déterminant le ou les moments où des personnes spécifiques ont le rôle consistant à assumer les besoins quotidiens de l'enfant, ou si elles peuvent être en contact avec l'enfant.
2. Une ordonnance parentale déterminant qu'une personne a le rôle consistant à assumer les besoins quotidiens de l'enfant peut spécifier que cette personne a ce rôle :
  - a) tout le temps ou bien à des moments spécifiés ; et
  - b) seule ou de façon conjointe avec une ou plusieurs autres personnes.
3. Une ordonnance parentale déterminant qu'une personne peut être en contact avec l'enfant peut spécifier un ou plusieurs des aspects suivants :
  - a) la nature de ce contact (par exemple, si c'est un contact direct (c'est-à-dire face à face) ou indirect (par l'intermédiaire de lettres, d'entretiens téléphoniques ou de courriers électroniques par exemple) ;
  - b) la durée et le moment de ce contact ;
  - c) tous arrangements nécessaires ou souhaitables pour faciliter ce contact.
4. Une ordonnance parentale peut être une décision définitive, ou une décision temporaire applicable jusqu'à une date ou un évènement spécifié, ou jusqu'à ce que le tribunal en décide autrement.
5. Une ordonnance parentale peut également être assortie de toutes autres conditions fixées par le tribunal (y compris, sans limite, une condition imposant à une partie de prendre un engagement).
6. Cette section est assujettie aux sections 50 à 52, et 60.

## **English to French: TELEVISION BROADCASTING RIGHTS AGREEMENT**

### **Source text – English**

THE PARTIES HEREBY AGREE AS FOLLOWS :

The contractual relationships of the parties hereto shall be governed by the "Specific Conditions" and the "Standard terms and conditions" hereinafter. Only the Specific Conditions are likely to depart from the Standard Terms and Conditions.

#### SPECIFIC CONDITIONS

#### RECITALS :

Decree 2002-140 dated 4 February 2002, modified on 1 August 2003, defines the obligations of television services broadcasters towards independent production, and provides under Article 14 – I – 1 that such broadcasters may acquire the rights in the broadcast of a programme for a maximum duration of 18 months as from the date of delivery and that such broadcasters may be entitled to a priority option for additional multiple broadcasts.

Consequently, THE CHANNEL, wishing to acquire the additional broadcasting rights of said programme, has



informed Licensor that it wished to exercise its right of option for the purchase of a second additional multiple broadcast of the programme, which Licensor accepts.

#### ARTICLE 1 : PURPOSE

Licensor hereby grants THE CHANNEL the right to broadcast and have broadcast, in the Territories, by the Media and during the Term set forth herein below, the programme whose characteristics are as follows :

- 1.1 – Title of Programme : Suppositions
- 1.2 – Nationality of Programme : French
- 1.3 – Original version of Programme : French
- 1.4 – Version of Programme as delivered : English
- 1.5 – Version of exploitation : English
- 1.6 – Number of episode : 10
- 1.7 – Duration per episode : 50'
- 1.8 – Total duration : 10x50'
- 1.9 – Name of director : Albert Schmidt
- 1.10 – Date of production : 1999
- 1.11 – Producer(s) and co-producer(s) : N/A

Hereinafter called : the "Programme".

#### ARTICLE 2 : TERM AND NUMBER OF BROADCASTS

##### 2.1 Term

Licensor hereby grants the broadcasting rights of the Programme to THE CHANNEL for a duration of 12 months, in application of the exercise by THE CHANNEL of its right of option for the second multiple broadcast of the Programme hereunder.

Accordingly, the exploitation period of the Programme shall commence as from 1 January 2008 and shall end on 31 December 2008,

subject to delivery of the Material in the conditions set forth in Article 3 of the Standard Terms and Conditions.

Should the delivery date of the Material take place after the beginning of the above-mentioned exploitation period of the Programme, such exploitation period shall have a duration of 12 months as from the delivery date of the Material.

##### 2.2 Number of broadcasts

Licensor hereby grants to THE CHANNEL, which accepts, the right to broadcast the Programme for 1 (one) multiple broadcast per episode, plus 1 (one) additional multiple broadcast per episode as resulting from the exercise by THE CHANNEL of its right of option, being a total of 2 (two) multiple broadcasts, each consisting of a maximum of 8 (eight) runs in a period of 2 (two) months.

#### ARTICLE 3 : TERRITORIES

3.1 : Exclusive Territories : France (DOM TOM included), Andorra, Monaco.

The rights granted to THE CHANNEL on the territories mentioned above are to be understood as exclusive.



As such they imply that no other broadcaster in France shall be authorized to broadcast the Programme regardless of their broadcasting media (hertzian, cable, satellite, encrypted, etc...).

3.2 : Non-Exclusive Territories : Belgium, Luxembourg, Switzerland, Morocco, Algeria, Tunisia;

Benin, Burkina Faso, Cameroon, Comoros, Congo, Ivory Coast, Gabon, Gambia, Ghana, Guinea Bissau, Conakry Guinea, Equatorial Guinea, Mauritius, Liberia, Madagascar, Mali, Niger, Nigeria, Central African Republic, Democratic Republic of Congo, Sao Tome & Principe, Senegal, Seychelles, Sierra Leone, Chad, Togo;

Angola, Botswana, Burundi, Cape Verde, Ethiopia, Kenya, Lesotho, Malawi, Mauritania, Mozambique, Uganda, Rwanda, Swaziland, Tanzania & Zanzibar, Zambia, Zimbabwe;

Hereinafter called : the "Territories".

## **Translation – French**

IL A ETE CONVENU CE QUI SUIIT :

Les relations contractuelles des Parties seront régies par les « Conditions Particulières » et les « Conditions Générales » ci-après. Seules les « Conditions Particulières » sont susceptibles de déroger aux « Conditions Générales ».

### CONDITIONS PARTICULIERES

ETANT PREALABLEMENT RAPPELE CE QUI SUIIT :

Le décret n° 2002-140 du 4 février 2002 modifié le 1er août 2003, qui définit les obligations des éditeurs de services de télévision à l'égard de la production indépendante, prévoit notamment en son Article 14 - I - 1, que les éditeurs peuvent acquérir une diffusion du programme pendant une durée maximum de 18 mois à compter de leur livraison et peuvent bénéficier d'un droit d'option prioritaire pour des multidiffusions supplémentaires.

En conséquence, LA CHAINE qui souhaite acquérir les droits de diffusion supplémentaire dudit programme, a informé le CONTRACTANT qu'elle désirait faire jouer son droit d'option pour l'acquisition d'une deuxième multidiffusion supplémentaire du programme, ce que le CONTRACTANT a déclaré accepter.

### ARTICLE 1 - OBJET DU PRESENT CONTRAT

Le CONTRACTANT cède à LA CHAINE le droit de diffuser et faire diffuser sur les territoires, supports et durée, définis ci-dessous, le programme dont les caractéristiques sont les suivantes :

- 1.1 - Titre du Programme : Suppositions
- 1.2 - Nationalité du Programme : Française
- 1.3 - Version originale du Programme : Française
- 1.4 - Version délivrée du Programme : Anglaise
- 1.5 - Version d'exploitation : Anglaise
- 1.6 - Nombre d'épisodes : 10
- 1.7 - Durée par épisode : 50'
- 1.8 - Durée totale : 10x50'
- 1.9 - Nom du réalisateur : Albert Schmidt
- 1.10 - Date de production : 1999
- 1.11 - Producteur(s) et co-producteur(s) : N/A

Ci-après dénommé : le « Programme »

## ARTICLE 2 - DUREE ET NOMBRE DE DIFFUSIONS :

### 2.1 Durée :

Le CONTRACTANT cède à LA CHAINE les droits de diffusion du Programme pour une durée de 12 (douze) mois par épisode, et ce en application de l'option consentie à LA CHAINE par le CONTRACTANT pour la deuxième multidiffusion du Programme objet des présentes.

En conséquence, la période d'exploitation du Programme sera du 1<sup>er</sup> janvier 2008 au 31 décembre 2008, sous réserve de la livraison du Matériel telle que définie à l'Article 3 des Conditions Générales.

Dans le cas où la date de livraison du Matériel serait postérieure à la date de début de la période d'exploitation mentionnée ci-dessus, la période d'exploitation mentionnée sera d'une durée de 12 (douze) mois à compter de la date de la livraison du Matériel.

### 2.2 Nombre de diffusions :

Le CONTRACTANT cède à LA CHAINE les droits de diffusion du Programme pour 1 (une) multidiffusion par épisode, plus 1(une) multidiffusion supplémentaire par épisode, résultant de l'exercice par LA CHAINE de son droit d'option, soit un total de 2 (deux) multidiffusions, chacune consistant en un maximum de 8 (huit) passages sur 2 (deux) mois.

## ARTICLE 3 - TERRITOIRES POUR LESQUELS LA DIFFUSION EST AUTORISEE :

3.1 : Territoires Exclusifs : France (DOM TOM inclus), Andorre, Monaco. Les droits s'entendent comme exclusifs sur ces territoires, et ce à l'encontre de l'ensemble des chaînes diffusées en France, quel que soit leur mode de diffusion (hertzien, câble, satellite, cryptage, etc...)

3.2 : Territoires non Exclusifs : Belgique, Luxembourg, Suisse, Maroc, Algérie, Tunisie ;

Bénin, Burkina Faso, Cameroun, Comores, Congo, Côte d'Ivoire, Gabon, Gambie, Ghana, Guinée Bissau, Guinée Conakry, Guinée Equatoriale, Ile Maurice, Libéria, Madagascar, Mali, Mauritanie, Niger, Nigeria, République de Centre Afrique, République Démocratique du Congo, Sao Tome et Principe, Sénégal, Seychelles, Sierra Léone, Tchad, Togo ;

Angola, Botswana, Burundi, Cap Vert, Ethiopie, Ghana, Guinée Bissau, Guinée Equatoriale, Kenya, Lesotho, Liberia, Malawi, Mozambique, Nigeria, Ouganda, Rwanda, Sao Tome et Principe, Sierra Léone, Swaziland, Tanzanie et Zanzibar, Zambie, Zimbabwe, Zone Caraïbes ;

Ci-après ensemble les « Territoires ».