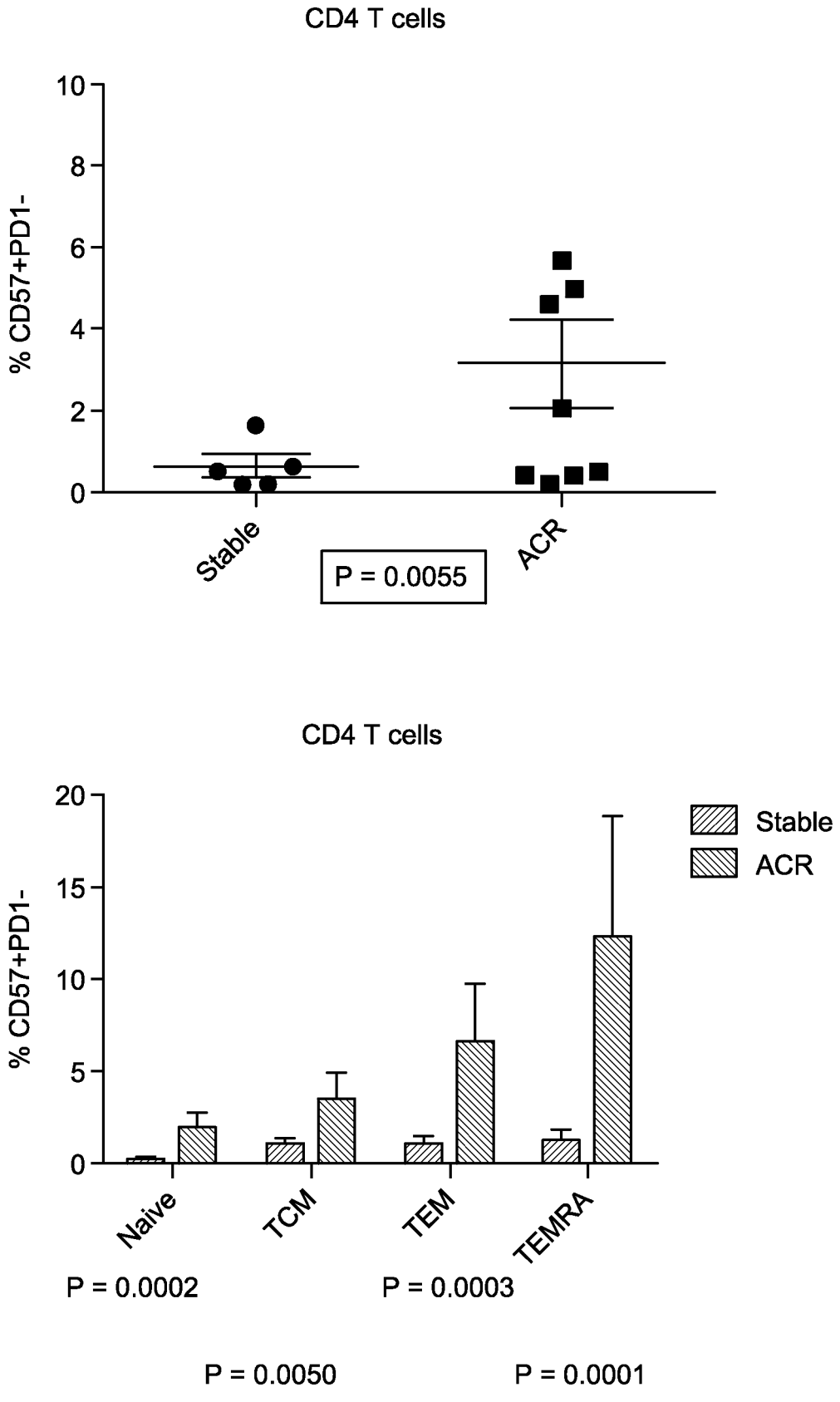
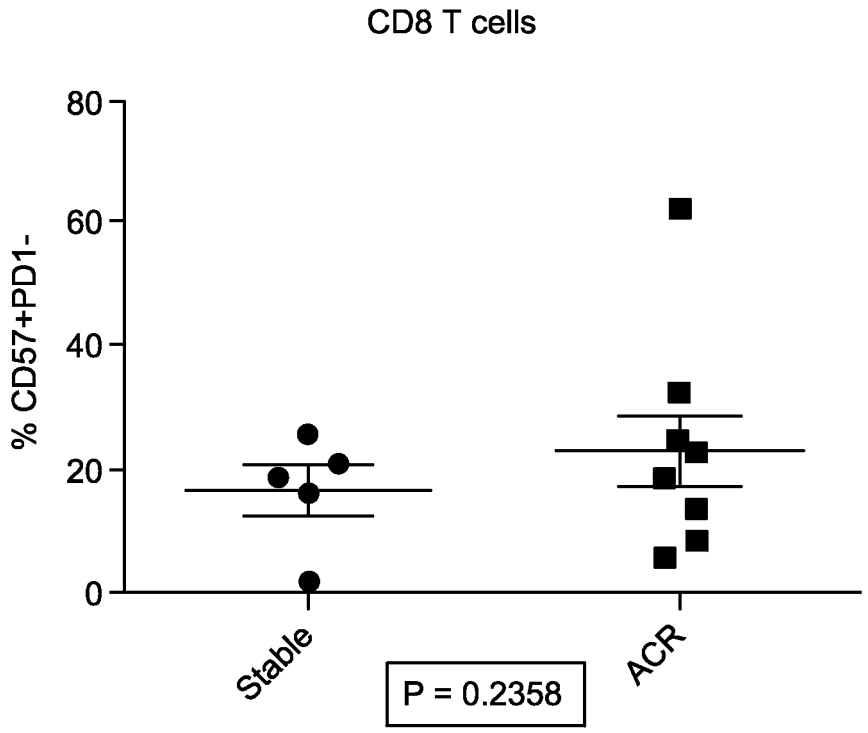

CD4 T cells
% CD57+PD1-
10
8
6
4
2
0
Stable
ACR
P = 0.0055
CD4 T cells
% CD57+PD1-
20
15
10
5
0
Stable
ACR
Naive
TCM
TEM
TEMRA
P = 0.0002
P = 0.0003
P = 0.0050
P = 0.0001

FIG. 1



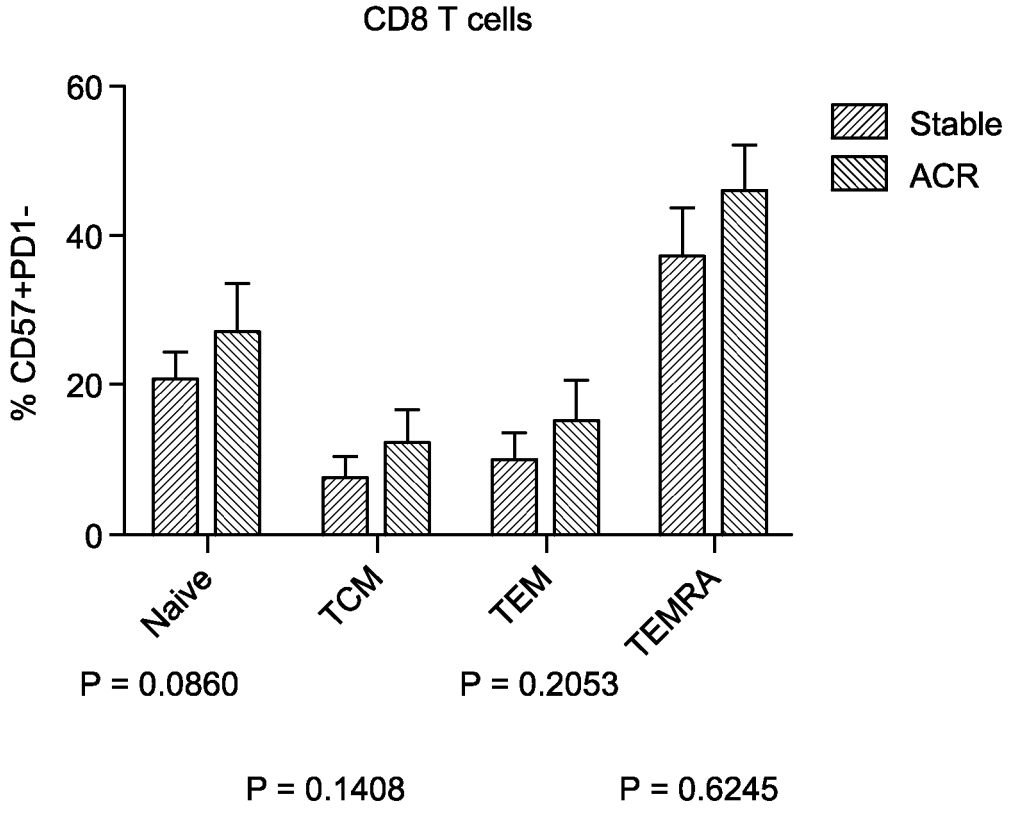
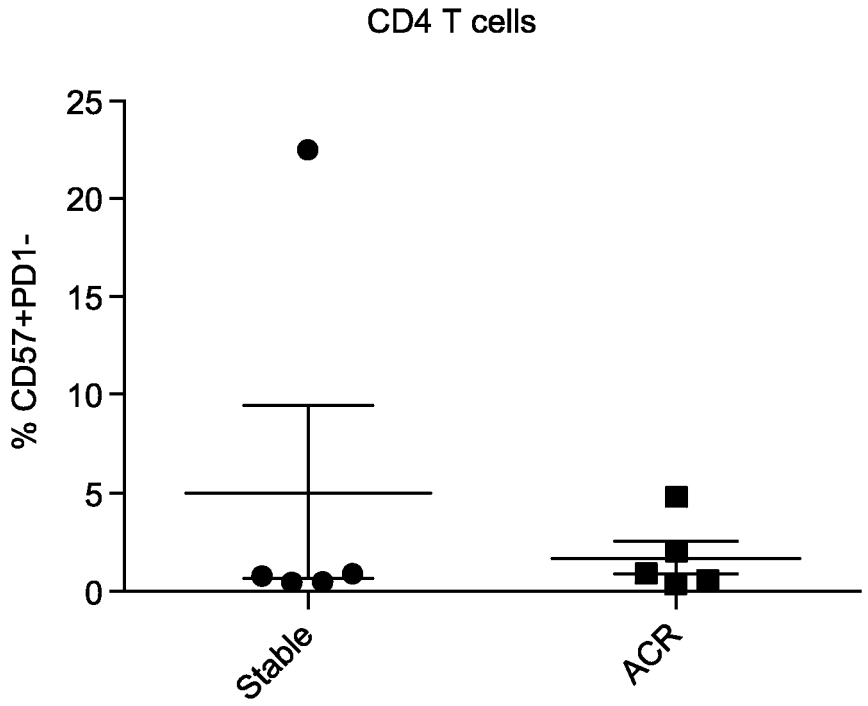


FIG. 1
(continued)


CD4 T cells
% CD57+PD1-
25
20
15
10
5
0
Stable
ACR

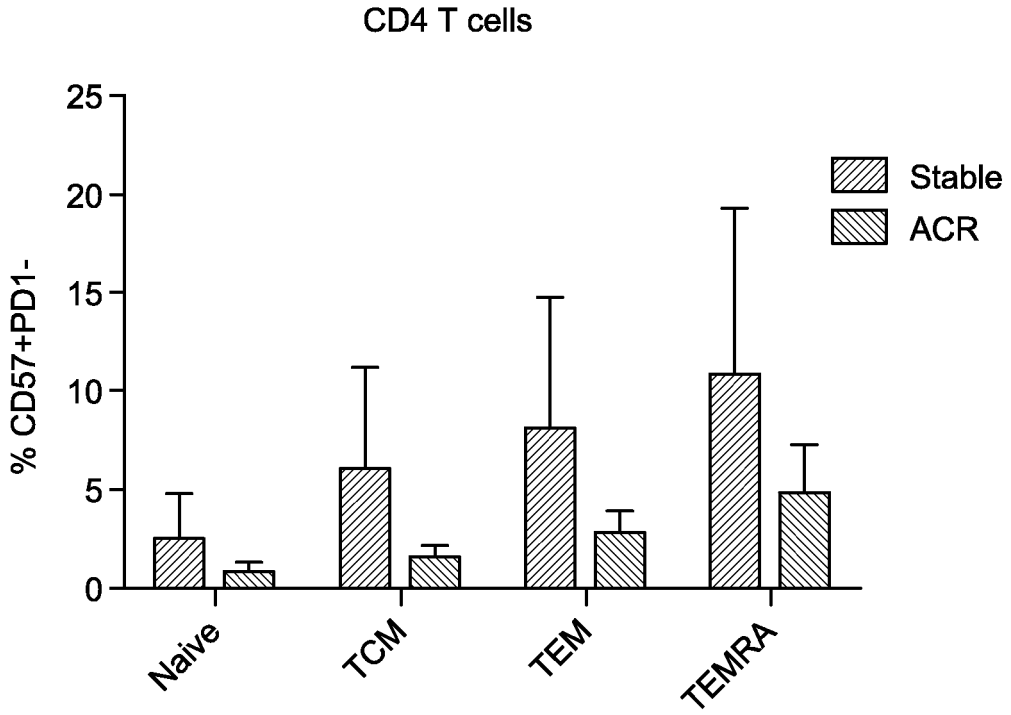
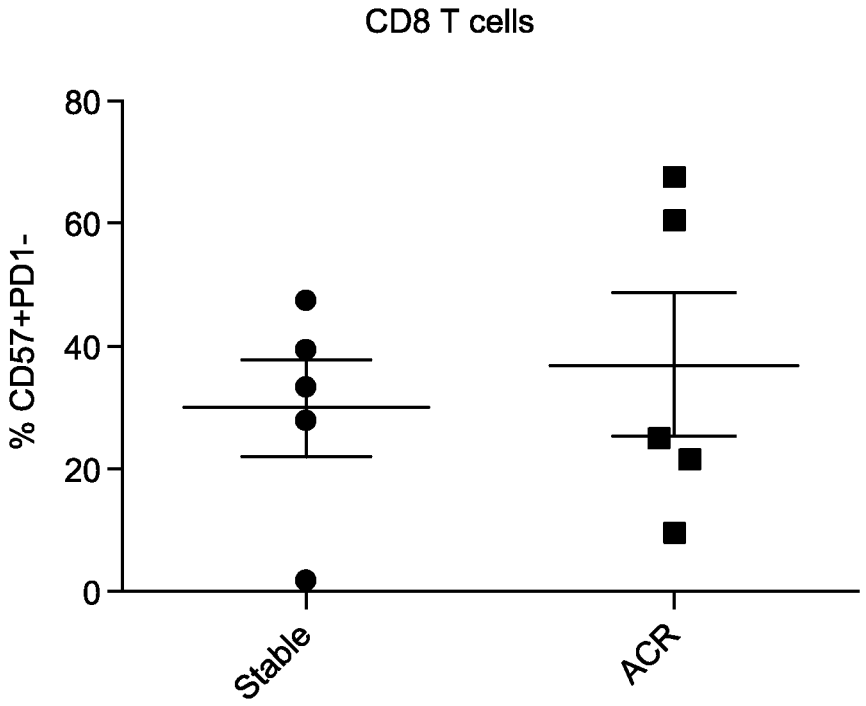

CD4 T cells
% CD57+PD1-
25
20
15
10
5
0
Stable
ACR
Naive
TCM
TEM
TEMRA

FIG. 2



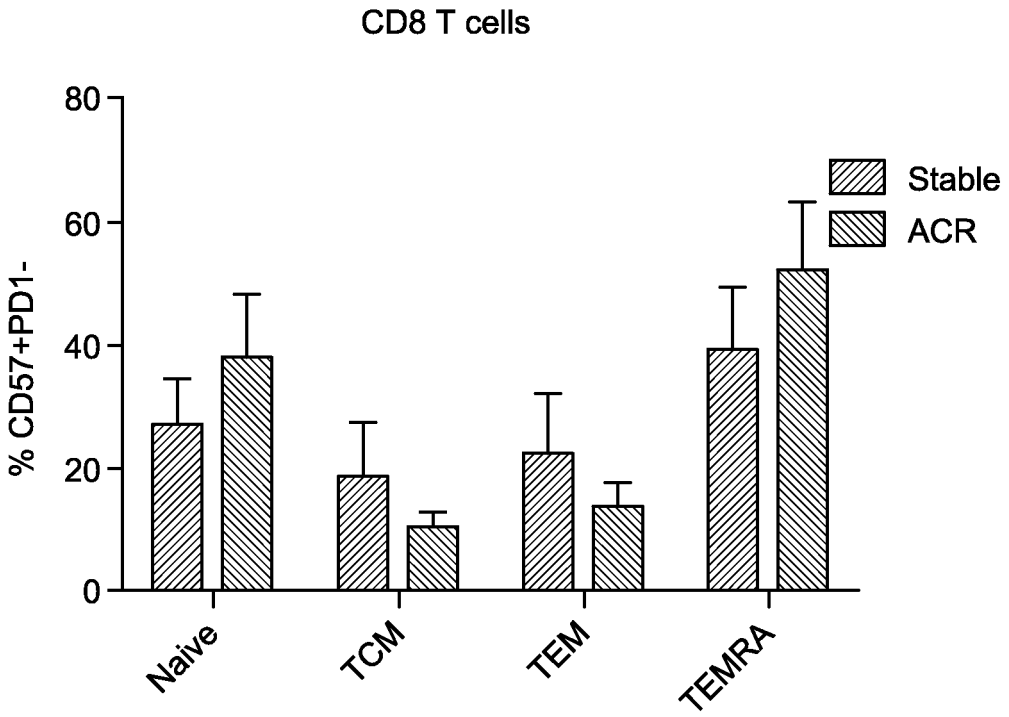


FIG. 2
(continued)

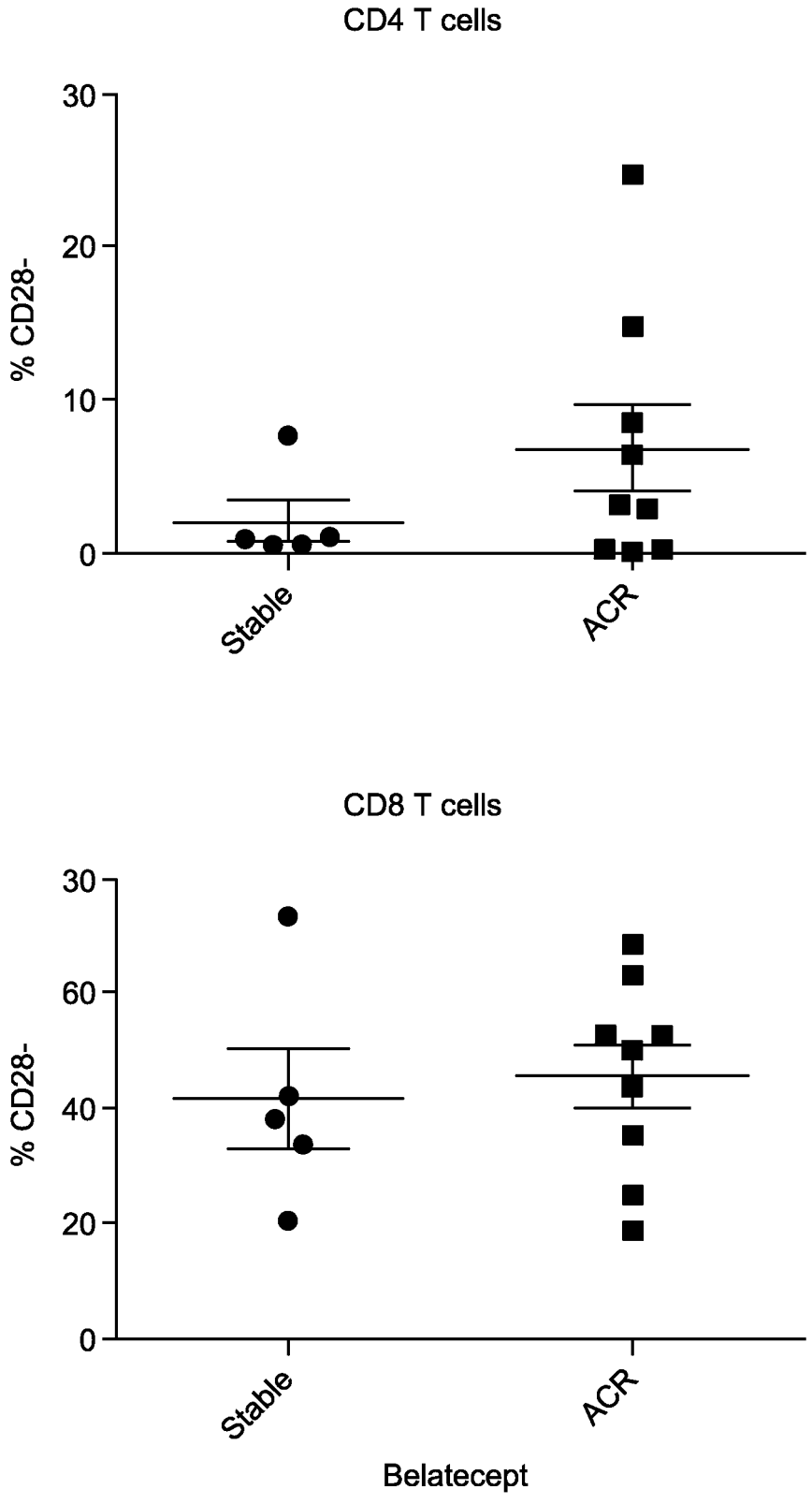

CD4 T cells
30
20
10
0
% CD28-
Stable
ACR
CD8 T cells
30
60
40
20
0
% CD28-
Stable
ACR
Belatecept

FIG. 3

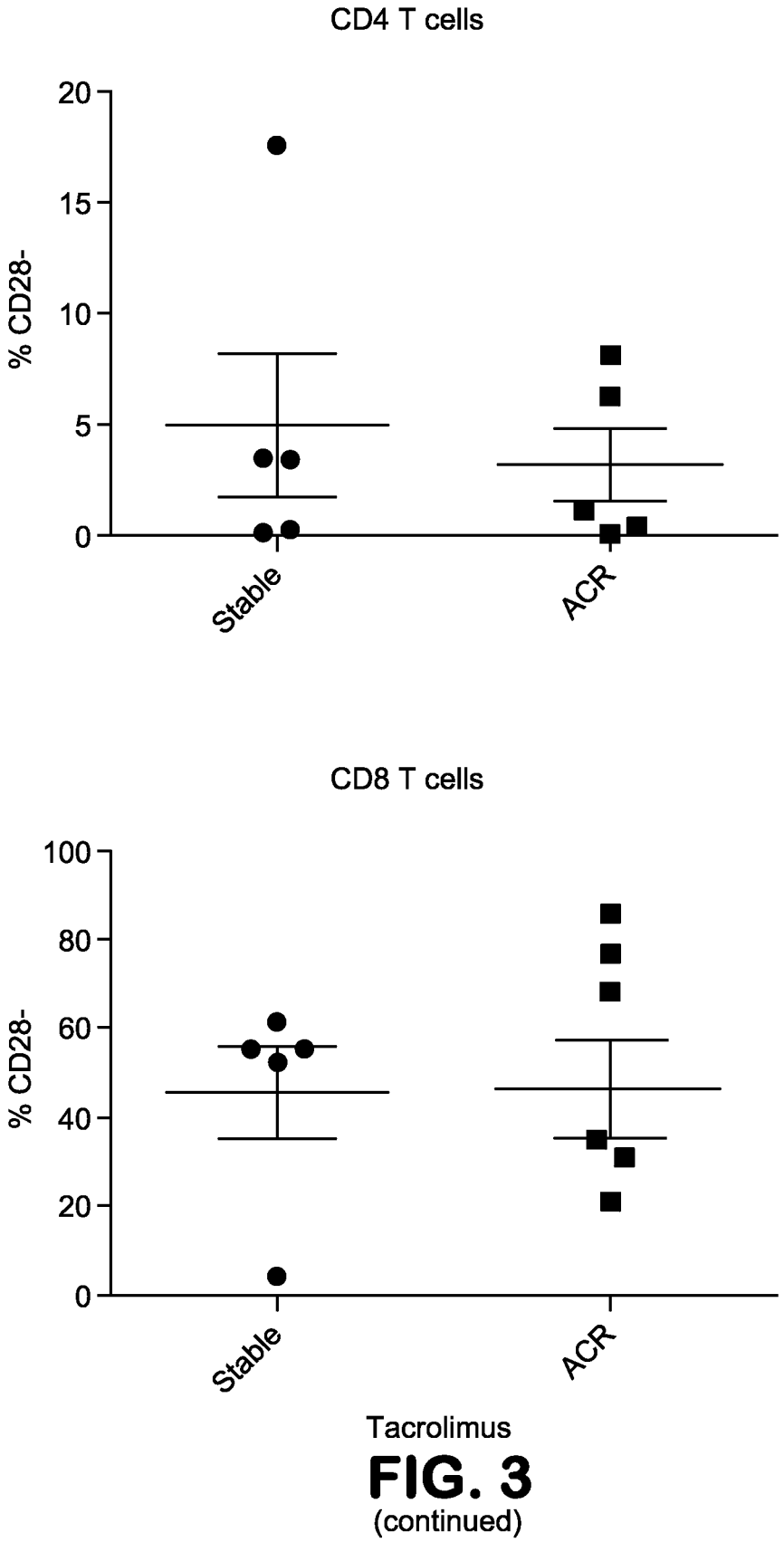


FIG. 3
(continued)

Laser	488 nm Blue			633 nm Red			407 nm Violet				
filter-PMT	530/3	575/26	780/60	660/20	710/50	780/60	450/50		660/40		
Tube #	FITC	PE	PE-Cy7	APC	Alexa 700	APC-Alexa 780	V450	PacOrange	Qdot 655		
1	CD57 1ul	PD1 5ul	CCR7 2ul	CD127 10ul	CD3 10ul *	CD8 1ul	CD4 2ul	CD14\20 2ul\2ul	CD45RA 1ul*	Memory	
2	CD2 2ul	CD28 10ul	CCR7 2ul	CD27 10ul	CD3 10ul *	CD8 1ul	CD4 2ul	CD14\20 2ul\2ul	CD45RA 1ul*	Memory	
3	CD11a 5ul	CD38 10ul	CCR7 2ul	HLADR 2ul	CD3 10ul *	CD8 1ul	CD4 2ul	CD14\20 2ul\2ul	CD45RA 1ul*	Activation	
4	CD103 10ul	CD31 10ul	CCR7 2ul	CCR5 5ul	CD3 10ul *	CD8 1ul	CD4 2ul	CD14\20 2ul\2ul	CD45RA 1ul*	RTEs	
5	CD39 2ul	CD25 5ul	CD127 5ul		CD3 10ul *		CD4 2ul	CD14\20 2ul\2ul	CD45RA 1ul*	Treg	
6	1gD 10ul	IgM 10ul	CD19 1ul	IgG 20ul	CD27 10ul	CD24 5ul	CD5 5ul	CD3 5ul	CD38 5ul	B cells	
7	Ki67 10ul	BCL2 10ul	CCR7 2ul		CD3 10ul *	CD8 1ul	CD4 2ul	CD14\20 2ul\2ul	CD45RA 1ul*	Intracellular	
8	Perforin 10ul	Gran B 2ul	CCR7 2ul		CD3 10ul *	CD8 1ul	CD4 2ul	CD14\20 2ul\2ul	CD45RA 1ul*	Intracellular	

FIG. 4

```
ATGGGTGTACTGCTCACACAGAGGACGCTGCTCAGTCTGGTCCTTGCACTCCTGTTTCCA     -19
M--G--V--L--L--T--Q--R--T--L--L--S--L--V--L--A--L--L--F--P--     -7

AGCATGGCGAGCATGGCAATGCACGTGGCCCAGCCTGCTGTGGTACTGGCCAGCAGCCGA     +42
S--M--A--S--M--A--M--H--V--A--Q--P--A--V--V--L--A--S--S--R--     +14
                +1

GGCATCGCTAGCTTTGTGTGTGAGTATGCATCTCCAGGCAAATATACTGAGGTCCGGGTG     +102
G--I--A--S--F--V--C--E--Y--A--S--P--G--K--Y--T--E--V--R--V--     +34

ACAGTGCTTCGGCAGGCTGACAGCCAGGTGACTGAAGTCTGTGCGGCAACCTACATGATG     +162
T--V--L--R--Q--A--D--S--Q--V--T--E--V--C--A--A--T--Y--M--M--     +54

GGGAATGAGTTGACCTTCCTAGATGATTCCATCTGCACGGGCACCTCCAGTGGAAATCAA     +222
G--N--E--L--T--F--L--D--D--S--I--C--T--G--T--S--S--G--N--Q--     +74

GTGAACCTCACTATCCAAGGACTGAGGGCCATGGACACGGGACTCTACATCTGCAAGGTG     +282
V--N--L--T--I--Q--G--L--R--A--M--D--T--G--L--Y--I--C--K--V--     +94

GAGCTCATGTACCCACCGCCATACTACGAGGGCATAGGCAACGGAACCCAGATTTATGTA     +342
E--L--M--Y--P--P--P--Y--Y--E--G--I--G--N--G--T--Q--I--Y--V--     +114

ATTGATCCAGAACCGTGCCCAGATTCTGATCAGGAGCCCAAATCTTCTGACAAAACTCAC     +402
I--D--P--E--P--C--P--D--S--D--Q--E--P--K--S--S--D--K--T--H--     +134

ACATCCCCACCGTCCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGGATCGTCAGTCTTCCTCTTCCCC     +462
T--S--P--P--S--P--A--P--E--L--L--G--G--S--S--V--F--L--F--P--     +154

CCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG     +522
P--K--P--K--D--T--L--M--I--S--R--T--P--E--V--T--C--V--V--V--     +174

GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTG     +582
D--V--S--H--E--D--P--E--V--K--F--N--W--Y--V--D--G--V--E--V--     +194

CATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGC     +642
H--N--A--K--T--K--P--R--E--E--Q--Y--N--S--T--Y--R--V--V--S--     +214

GTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCC     +702
V--L--T--V--L--H--Q--D--W--L--N--G--K--E--Y--K--C--K--V--S--     +234

AACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA     +762
N--K--A--L--P--A--P--I--E--K--T--I--S--K--A--K--G--Q--P--R--     +254

GAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGATGAGCTGACCAAGAACCAGGTCAGC     +822
E--P--Q--V--Y--T--L--P--P--S--R--D--E--L--T--K--N--Q--V--S--     +274

CTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAAT     +882
L--T--C--L--V--K--G--F--Y--P--S--D--I--A--V--E--W--E--S--N--     +294

GGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTC     +942
G--Q--P--E--N--N--Y--K--T--T--P--P--V--L--D--S--D--G--S--F--     +314

TTCCTCTACAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA     +1002
F--L--Y--S--K--L--T--V--D--K--S--R--W--Q--Q--G--N--V--F--S--     +334

TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCT     +1062
C--S--V--M--H--E--A--L--H--N--H--Y--T--Q--K--S--L--S--L--S--     +354

CCGGGTAAATGA
P--G--K--*
```

FIG. 5