

**Spearman Correlations and p-values between central carbon metabolism fluxes and transcript levels of corresponding genes  
 (for *S. cerevisiae*)**

minimizn of Euclidean Norm									
Spearman Correlation					p-values of correlation				
		GLX. Pathway is zero				GLX. Pathway is zero			
	Strict Opt	Flex Opt	Strict Opt	Flex Opt	Strict Opt	Flex Opt	Strict Opt	Flex Opt	
aerobic chemostat	0,28	0,27	0,27	0,26	0,01	0,02	0,02	0,03	
aerobic batch	0,29	0,30	0,29	0,30	0,01	0,01	0,01	0,01	
anaerobic chemostat	0,35	0,36			0,00	0,00			

minimizn of abs. sum of fluxes									
Spearman Correlation					p-values of correlation				
		GLX. Pathway is zero				GLX. Pathway is zero			
	Strict Opt	Flex Opt	Strict Opt	Flex Opt	Strict Opt	Flex Opt	Strict Opt	Flex Opt	
aerobic chemostat	0,18	0,14	0,16	0,16	0,12	0,21	0,17	0,16	
aerobic batch	0,23	0,26	0,11	0,15	0,05	0,02	0,33	0,20	
anaerobic chemostat	0,28	0,28			0,01	0,01			

Geometric FBA									
Spearman Correlation					p-values of correlation				
		GLX. Pathway is zero				GLX. Pathway is zero			
	Strict Opt	Flex Opt	Strict Opt	Flex Opt	Strict Opt	Flex Opt	Strict Opt	Flex Opt	
aerobic chemostat	0,30	0,21	0,29	0,23	0,01	0,06	0,01	0,04	
aerobic batch	0,32	0,22	0,30	0,20	0,01	0,06	0,01	0,09	
anaerobic chemostat	0,36	0,34			0,00	0,00			