

Table S1. *Rhodospseudomonas palustris* metabolic network used for ¹³C-metabolic flux analyses

Reaction	Substr. 1	Substr. 2	Prod. 1	Prod. 2
<i>Uptake</i>	ace1 #AB		AcCoA #AB	
<i>CS</i>	AcCoA #AB	OAA #abcd	Cit #dcbaBA	
<i>IDH</i>	Cit #ABCDEF		aKG #ABCEF	CO2 #D
<i>αKDH</i>	aKG #ABCDE		Suc #BCDE	CO2 #A
<i>αKDH2</i>	aKG #ABCDE		Suc #EDCB	CO2 #A
Two reactions for label scrambling due to succinate symmetry				
<i>SDH</i>	Suc #ABCD		Mal #ABCD	
<i>MDH</i>	Mal #ABCD		OAA #ABCD	
<i>ILy</i>	Cit #ABCDEF		Suc #DCEF	Glx #AB
<i>ILy2</i>	Cit #ABCDEF		Suc #FECD	Glx #AB
Two reactions for label scrambling due to succinate symmetry				
<i>MSyn</i>	Glx #AB	AcCoA #ab	Mal #ABba	
<i>PK</i>	PEP #ABC		Pyr #ABC	
<i>PEPCK</i>	OAA #ABCD		PEP #ABC	CO2 #D
<i>PDH/POR</i>	Pyr #ABC		AcCoA #BC	CO2 #A
<i>MEnz</i>	Mal #ABCD		Pyr #ABC	CO2 #D
<i>Eno</i>	PEP #ABC		PG3 #ABC	
<i>GAPDH</i>	PG3 #ABC		G3P #ABC	
<i>Ald</i>	G3P #ABC	G3P #abc	F6P #CBAabc	
<i>PGI</i>	F6P #ABCDEF		G6P #ABCDEF	
<i>Rubisco</i>	R5P #ABCDE	CO2 #a	PG3 #aBA	PG3 #CDE
<i>S7Ald</i>	G3P	E4P	S7P	

	#ABC	#abcd	#CBAabcd	
<i>OPPP</i>	G6P #ABCDEF		R5P #BCDEF	CO2 #A
<i>net_CO2</i>	CO2 #A		CO2_out #A	
<i>TK1</i>	F6P #ABCDEF	G3P #abc	R5P #ABabc	E4P #CDEF
<i>TK2</i>	S7P #ABCDEF	G3P #abc	R5P #ABabc	R5P #CDEF
<i>TA</i>	S7P #abcdefg	G3P #ABC	F6P #abcABC	E4P #defg
<i>Biosynthetic reactions</i>				
<i>vAsp</i>	OAA #ABCD		Asp #ABCD	
<i>vAspout</i>	Asp #ABCD		Asp_out #ABCD	
<i>vThr</i>	Asp #ABCD		Thr #ABCD	
<i>vThrouT</i>	Thr #ABCD		Thr_out #ABCD	
<i>vIleT</i>	Thr #ABCD		Obu #ABCD	
<i>vIleC</i>	Pyr #ABC	AcCoA #ab	Obu #abBC	CO2 #A
<i>vIle3</i>	Obu #ABCD	Pyr #abc	Ile #ABbCDc	CO2 #a
<i>vIle_out</i>	Ile #ABCDEF		Ile_out #ABCDEF	
<i>vVal</i>	Pyr #ABC	Pyr #abc	Val #ABbcC	CO2 #a
<i>vVal2</i>	Pyr #ABC	Pyr #abc	Val #abBcC	CO2 #A
<i>vVal_out</i>	Val #ABCDE		Val_out #ABCDE	
<i>vLeu</i>	Val #ABbcC	AcCoA #YZ	Leu #YZBbcC	CO2 #A
<i>vLeu_out</i>	Leu #ABCDEF		Leu_out #ABCDEF	
<i>vSer</i>	PG3 #ABC		Ser #ABC	
<i>vSer_out</i>	Ser #ABC		Ser_out #ABC	
<i>vGly</i>	Ser #ABC		Gly #AB	C1 #C
<i>vGly_out</i>	Gly #AB		Gly_out #AB	

<i>vMet</i>	Thr #ABCD	C1 #a	Met #ABCDA	
<i>vMet_out</i>	Met #ABCDE		Met_out #ABCDE	
<i>vPhe1</i>	PEP #ABC	E4P #abcd	Phe1 #BCabcd	CO2 #A
<i>vPhe2</i>	Phe1 #ABCDEF	PEP #abc	Phe #abcABCDEF	
<i>vPhe_out</i>	Phe #ABCDEFGH		Phe_out #ABCDEFGH	
<i>vG6P_out</i>	G6P #ABCDEF		G6P_out #ABCDEF	
<i>vF6P_out</i>	F6P #ABCDEF		F6P_out #ABCDEF	
<i>vpp_out</i>	R5P #ABCDE		PP_out #ABCDE	
<i>vG3P_out</i>	G3P #ABC		G3P_out #ABC	
<i>vPEP_out</i>	PEP #ABC		PEP_out #ABC	
<i>vE4P_out</i>	E4P #ABCD		E4P_out #ABCD	
<i>vPyr_out</i>	Pyr #ABC		Pyr_out #ABC	
<i>vAc_out</i>	AcCoA #AB		AcCoA_out #AB	
<i>vOAA_out</i>	OAA #ABCD		OAA_out #ABCD	
<i>vaKG_out</i>	aKG #ABCDE		aKG_out #ABCDE	
<i>vS7P_out</i>	S7P #ABCDEFG		S7P_out #ABCDEFG	
<i>v_AL</i>	Gly #AB	Suc #abcd	AL #abcdB	CO2 #A
<i>v_BChl</i>	AL #ABCDE		BC1 #BCDE	CO2 #A
<i>v_Pent</i>	G3P #ABC	Pyr #abc	Pent #cbABC	CO2 #a
<i>vAL_out</i>	AL #ABCDE		AL_out #ABCDE	
<i>vBC_out</i>	BC1 #ABCD		BC1_out #ABCD	
<i>vPent_out</i>	Pent #ABCDE		Pent_out #ABCDE	
<i>vC1_out</i>	C1 #A		C1_out #A	

The metabolic network is provided in 13C-Flux format (2). The letters below each substrate or product (e.g., #AB) represent the carbons of each compound and illustrate how they are rearranged by enzyme activity. The genomic basis for the metabolic network was described previously (1).

Table S1 References

1. **McKinlay, J. B., and C. S. Harwood.** 2010. Carbon dioxide fixation as a central redox cofactor recycling mechanism in bacteria. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 107:11669-75.
2. **Wiechert, W., M. Mollney, S. Petersen, and A. A. de Graaf.** 2001. A universal framework for ¹³C metabolic flux analysis. *Metab. Eng.* 3:265-283.