

S3 Table. RQ values for stability (M) and variation values (V) calculation.

Reference gene											
Sample	<i>Cla-miR81</i>	<i>Cla-miR82</i>	<i>Cla-miR167f</i>	<i>Cla-U6</i>	<i>CLYLS8</i>	<i>Cla-18S</i>	<i>Cla-miR166b</i>	<i>Cla-miR169n-5p</i>	<i>Cla-miR170</i>	<i>Cla-miR167c</i>	
N sufficient											
(Wm/Wm)L	1.00	0.62	0.40	0.49	0.86	0.74	0.49	0.50	0.79	0.62	
(Wm/Sq)L	0.17	0.30	0.36	0.87	0.53	0.87	0.31	0.60	0.14	0.47	
(Wm/Bg)L	0.38	0.35	0.44	1.00	0.56	0.59	0.29	0.49	0.22	0.35	
N deficient											
(Wm/Wm)L	0.81	0.84	0.23	0.53	1.00	0.80	0.41	0.56	1.00	0.35	
(Wm/Sq)L	0.33	0.80	0.40	0.22	0.57	0.90	0.11	0.92	0.25	0.53	
(Wm/Bg)L	0.13	0.33	0.22	0.23	0.57	0.14	0.28	0.06	0.07	0.15	
P sufficient											
(Wm/Wm)L	0.45	1.00	0.29	0.23	0.62	1.00	0.18	1.00	0.23	0.34	
(Wm/Sq)L	0.31	0.46	0.73	0.86	0.66	0.87	0.59	0.60	0.30	1.00	
(Wm/Bg)L	0.53	0.37	0.48	0.35	0.56	0.74	0.52	0.42	0.46	0.62	
P deficient											
(Wm/Wm)L	0.26	0.76	0.48	0.19	0.52	0.71	0.22	0.76	0.16	0.61	
(Wm/Sq)L	0.77	0.38	1.00	0.37	0.33	0.68	0.18	0.25	0.40	0.94	
(Wm/Bg)L	0.13	0.42	0.19	0.25	0.41	0.28	1.00	0.06	0.05	0.17	
Reference gene											
Sample	<i>Cmo-U6</i>	<i>CmYLS8</i>	<i>Cmo-18S</i>	<i>CmPP2A</i>	<i>Cmo-miR167f</i>	<i>Cmo-miR3511-3p</i>	<i>Cmo-miR167b</i>	<i>Cmo-miR166b</i>	<i>Cmo-miR160a</i>	<i>Cmo-miR167c</i>	<i>Cmo-miR319b</i>
N sufficient											
(Sq)R	0.23	0.51	0.44	0.43	0.49	0.28	0.37	0.53	0.41	0.56	0.35
(Wm/Sq)R	1.00	1.00	0.65	0.72	1.00	0.43	0.56	1.00	1.00	1.00	1.00
N deficient											
(Sq)R	0.34	0.77	1.00	0.74	0.68	1.00	1.00	0.46	0.34	0.72	0.65
(Wm/Sq)R	0.37	0.87	0.61	0.78	0.45	0.54	0.38	0.42	0.36	0.54	0.62
P sufficient											
(Sq)R	0.44	0.88	0.65	0.90	0.34	0.58	0.31	0.38	0.33	0.37	0.43
(Wm/Sq)R	0.40	0.44	0.21	0.69	0.11	0.62	0.13	0.15	0.08	0.14	0.31
P deficient											
(Sq)R	0.56	0.96	0.71	1.00	0.79	0.44	0.61	0.57	0.39	1.00	0.39
(Wm/Sq)R	0.25	0.53	0.27	0.26	0.51	0.13	0.39	0.49	0.90	0.57	0.49

Reference gene								
Sample	<i>Lsi-miR167c</i>	<i>Lsi-miR398b</i>	<i>Lsi-miR166u</i>	<i>Lsi-miR166b</i>	<i>Lsi-U6</i>	<i>Lsi-miR167f</i>	<i>LsPP2A</i>	<i>Lsi-18S</i>
N sufficient								
(Bg)R	1.00	1.00	0.32	0.56	0.59	0.56	0.52	0.56
(Wm/Bg)R	0.75	0.50	0.76	0.93	0.60	0.82	0.57	0.79
N deficient								
(Bg)R	0.54	0.37	0.25	0.69	0.77	0.35	0.54	0.33
(Wm/Bg)R	0.52	0.47	0.61	0.77	0.87	0.78	0.68	1.00
P sufficient								
(Bg)R	0.55	0.46	0.87	1.00	0.83	0.74	1.00	0.81
(Wm/Bg)R	0.49	0.74	1.00	0.80	0.64	1.00	0.61	0.52
P deficient								
(Bg)R	0.54	0.68	0.60	0.93	1.00	0.54	0.44	0.33
(Wm/Bg)R	0.26	0.18	0.33	0.47	0.45	0.31	0.56	0.35

Reference gene					
Sample	<i>miR167c</i>	<i>miR166b</i>	<i>miR167f</i>	<i>18S</i>	<i>U6</i>
(Wm/Wm)L	0.48	0.25	0.51	0.84	0.20
(Wm/Sq)L	0.79	1.00	0.94	0.87	1.00
(Wm/Bg)L	1.00	0.50	1.00	0.47	0.67
(Sq)R	0.05	0.05	0.01	0.93	0.15
(Wm/Sq)R	0.04	0.07	0.01	0.78	0.07
(Bg)R	0.02	0.03	0.01	0.59	0.23
(Wm/Bg)R	0.05	0.06	0.02	1.00	0.28

Wm/Wm: self-grafted watermelon; Wm/Sq: squash-grafted watermelon; Wm/Bg: bottle gourd-grafted watermelon, Sq: non-grafted squash; Bg: non-grafted bottle gourd. "L" represents leaf, "R" represents root.

$RQ = 2^{-(Ct \text{ Sample} - Ct \text{ Calibrator})}$.