

Neiova genetická diverzita byla u tetraploidních populací na okraji areálu (6245, 6249) nižší, ale jinak nebyla v míře diverzity v geografickém rozmístění populací žádná zákonitost. U triploidní populace nebyla zaznamenána žádná genetická diverzita, což opět poukazuje, že se jedná o klon.

Výsledný graf PCoA analýzy od sebe oddělil skupiny diploidních a tetraploidních jedinců. Diploidní populace z kontaktních a izolovaných oblastí jsou rovnoměrně promíšené. Tetraploidi z kontaktní oblasti se objevují v prostoru blíž k diploidům, což by mohlo indikovat omezený ale existující genový tok od diploidů k tetraploidům. Triploidní populace se nachází v prostoru kontaktních a izolovaných tetraploidních populací. Pravděpodobně díky jejich existenci dochází k sekundárnímu kontaktu a genovému toku mezi ploidními úrovněmi.

Bayesova analýza odlišila jedince do čtyř shluků. Diploidní jedinci měli ve svém shluku zařazeného jednoho tetraploida. Další shluk byl tvořen oddělenou triploidní populací. Tetraploidi tvořily shluk v němž byla odděleně vyčleněná populace 6245 Kozolupy.

Dendrogram (neighbour-joining tree, NJ) od sebe oddělil větev diploidů a větev, která kombinovala tetraploidy a triploidy. V diploidní větvi byli jedinci z izolovaných a kontaktních populací rovnoměrně promíšení, podobně jako u analýzy PCoA. V přechodných pozicích se nacházely další tři větve (shluky), ve kterých byla zařazena skupina diploidů (27–29, 36–36), a dále tetraploidi z kontaktních populací. V tetraploidní větvi byli tetraploidi z kontaktních oblastí zařazení blíže k diploidní větvi než tetraploidi z izolovaných oblastí. Toto seskupení dendrogramu opět indikuje, že dochází k sekundárnímu kontaktu mezi ploidiemi a k byť omezenému toku genů od diploidů k tetraploidům. Zařazení triploidní populace do tetraploidní větve podporuje vznik triploidního cytotypu hybridizací mezi diploidy a tetraploidy. NJ strom je sice jenom slabě statisticky podpořený, ale skutečnost, že se rozdělení na dva základní shluky (diploidní, triploidní+tetraploidní) ukázalo i ve výsledcích shlukové analýzy (UPGMA) potvrzuje, že jde o odraz skutečné struktury v datech a ne jenom o artefakt metody.

Na základě výsledků analýzy molekulární variance byl podíl genetické variability mezi ploidními úrovněmi 20,39 %, přičemž téměř polovina celkové variability byla uvnitř populací (49,16 %). Ve srovnání s vnitropopulační variabilitou diploidní *Cardamine alpina* (4,37 %, AFLP data, Lihová *et al.* 2008) a druhů diploidní skupiny *C. maritima* (2,35–3,59 %, AFLP data, Kučera *et al.* 2008) je to vysoká hodnota. Rozdíl je zřejmě způsobený vysokým podílem autogamie u *C. alpina* a směsí autogamie a alogamie u druhů skupiny *C.*