

DOI: 10.15514/ISPRAS-2026-38(3)-32



Сравнительное исследование устойчивости к доменному сдвигу сверточных сетей Колмогорова-Арнольда и классических CNN

А.И. Ларионов, ORCID: 0009-0003-6210-4972 <deervv61@gmail.com>
 В.Е. Турлапов, ORCID: 0000-0001-8484-0565 <vadim.turlapov@itmm.unn.ru>

Исследовательский центр искусственного интеллекта,
 Институт информационных технологий, математики и механики,
 Нижегородский государственный университет им. Н.И. Лобачевского,
 Россия, 603950, Нижний Новгород, проспект Гагарина, 23.

Аннотация. Выполнено экспериментальное сравнение устойчивости к доменному сдвигу классических сверточных нейронных сетей (CNN), со сверточными сетями Колмогорова-Арнольда (convKAN), имеющими в ядрах свертки обучаемые нелинейности. Исследование выполнено на примере архитектуры ResNet-18 в конфигурации без декодера. Опорным выбран набор данных PlantVillage, как содержащий норму и 26 заболеваний, в том числе 17 грибковых для 14 видов растений (всего 38 классов). Заболевания представлены 4 классами, из которых наиболее представленными являются 2 грибковые и бактериальные. Домены со сдвигом представлены 6 наборами изображений растений, в которых лишь малая часть типов растений и заболеваний пересекается с классами PlantVillage. Исследованы 3 метрики сдвига домена: Maximum Mean Discrepancy (MMD); дивергенция Йенсена-Шеннона; расстояние Вассерштейна. Сравнение моделей проводилось по метрикам: Accuracy, F1 macro, F1 weighted, Recall, FAR. Исследованы эмбединги, извлеченные сверточной частью моделей KAN и CNN. Установлено, что сверточные сети KAN, показывают лучшие результаты по устойчивости к доменному сдвигу в среднем на: 10% по Accuracy, 2% по F1-macro, 6% по F1-weighted. Показано, что влияние величин метрик доменного сдвига на результат KAN и CNN носит неоднородный характер, но в итоге эти метрики способны показать какие из доменных сдвигов являются сильными. Выявлена роль анализа ошибок на примере FAR, показавшего экстремальный рост для KAN и CNN в грибковых заболеваниях, с преимуществом сети CNN. Результаты показывают, что сильный доменный сдвиг является причиной существенной деградации качества классификации для обеих моделей, но сети KAN более устойчивы к доменному сдвигу, проигрывая CNN по величине FAR. Установлено, что после обучения в сети KAN доминируют унимодальные, мультимодальные и осциллирующие функции активации, а в ходе обучения доля унимодальных растет за счет осциллирующих.

Ключевые слова: устойчивость к доменному сдвигу; сверточные нейронные сети; сети Колмогорова-Арнольда; обучаемые функции активации; набор данных PlantVillage; классификация болезней растений; анализ пространства признаков; компьютерное зрение.

Для цитирования: Ларионов А.И., Турлапов В.Е. Сравнительное исследование устойчивости к доменному сдвигу сверточных сетей Колмогорова-Арнольда и классических CNN. Труды ИСП РАН, 2026, том 38, вып. 3, часть 3, стр. 7–26. DOI: 10.15514/ISPRAS-2026-38(3)-32.

Благодарности: Работа выполнена при поддержке Министерства экономического развития Российской Федерации (соглашение № 139-15-2025-004 от 17 апреля 2025 г., ИГК 000000Ц313925P3X0002).

Comparative study of the domain-shift robustness of Kolmogorov–Arnold convolutional networks and classical CNNs

A.I. Larionov, ORCID: 0009-0003-6210-4972 <deervv61@gmail.com>
 V.E. Turlapov, ORCID: 0000-0001-8484-0565 <vadim.turlapov@itmm.unn.ru>

Research Center for Artificial Intelligence,
 Institute of Information Technology, Mathematics and Mechanics,
 Lobachevsky State University of Nizhny Novgorod,
 23, Prospekt Gagarina (Gagarin Avenue), Nizhny Novgorod, 603950, Russia.

Abstract. An experimental comparison of the robustness to domain shift of classical convolutional neural networks (CNN) and Kolmogorov–Arnold convolutional networks (convKAN) with trainable nonlinearities in the convolution kernels is performed. Activation functions are represented by Gaussian radial basis functions (RBF). The study is performed using the ResNet-18 architecture in a configuration without a decoder. PlantVillage was chosen as a reference dataset as it contains the norm and 26 diseases, including 17 fungal ones, for 14 plant species (38 classes in total). Diseases are represented by 4 classes, of which 2 are the most represented (fungal – 17; bacterial – 4). Domains with a shift are represented by 6 datasets of plant images, in which only a small part of plant types and diseases intersects with the PlantVillage classes. Surveying conditions are represented by laboratory and field ones. To quantitatively assess domain shifts, 3 metrics were investigated: Maximum Mean Discrepancy (MMD); Jensen–Shannon divergence; Wasserstein distance. KAN and CNN models were compared using classical metrics: Accuracy, F1 macro, F1 weighted, Recall, and FAR. To compare the influence of convolution architecture, embeddings extracted by the convolutional part of the KAN and CNN models, which are fed directly to the input of the fully connected classifying "head" of the model, were analyzed. It was experimentally established that convolutional KAN networks (convKANs) demonstrate better results in terms of domain shift resistance by an average of: 10% for Accuracy, 2% for F1-macro, and 6% for F1-weighted for the normal and 4 disease classes. It was shown that the influence of the three domain shift metrics on the results of KAN and CNN is heterogeneous, but ultimately these metrics are able to reveal which domain shifts are strong. The usefulness of using the FAR metric, which showed extreme growth for both KANs and CNNs in fungal diseases, was demonstrated, with the CNN network favoring the latter. The results indicate that strong domain shift causes a significant degradation in classification performance for both CNNs and convKAN models, but KANs are generally significantly more robust to domain shift, with slightly inferior FAR values to CNNs. It was found that after training, unimodal, multimodal, and oscillating activation functions dominate in KANs, and during training, the proportion of unimodal functions increases at the expense of oscillating ones.

Keywords: domain-shift robustness; convolutional neural networks; Kolmogorov–Arnold networks; trainable activation functions; PlantVillage dataset; plant disease classification; feature space analysis; computer vision.

For citation: Larionov A.I., Turlapov V.E. Comparative study of the domain-shift robustness of Kolmogorov–Arnold convolutional networks and classical CNNs. Trudy ISP RAN/Proc. ISP RAS, vol. 38, issue 3, part 3, 2026, pp. 7–26 (in Russian). DOI: 10.15514/ISPRAS-2026-38(3)-32.

Acknowledgments: The work was supported by the Ministry of Economic Development of the Russian Federation (Agreement no. 139-15-2025-004 dated April 17, 2025, ИГК 000000Ц313925P3X0002).

1. Введение

При решении прикладных задач компьютерного зрения зачастую появляется проблема доменного сдвига. В то время как традиционные сверточные нейронные сети показывают хорошие результаты в условиях статистической близости объекта классификации к обучающей выборке, при существенном изменении данных объекта может проявиться значительное падение точности даже при решении той же задачи. Проблема доменного сдвига особенно часто проявляется, когда приходится переходить с набора данных, сформированного в лабораторных исследованиях, на его применение в полевых условиях, или при его формировании и применении на разных сортах, разных возбудителях заболеваний, на сортах с разной устойчивостью к одному типу заболевания. Тем более в

задаче ранней диагностики стресса (заболевания). Деграция качества обученной модели может быть обусловлена также изменением освещения, фона, текстуры, аппарата, используемого для съемки и множеством других менее явных факторов. Все вышеуказанное делает проблему доменного сдвига фундаментальной.

В 2020 году предпринято глубокое исследование устойчивости к доменному сдвигу [1]. Изучена устойчивость моделей ImageNet к сдвигам распределения, возникающим из-за естественных вариаций в наборах данных. Оценены 204 модели ImageNet в 213 различных тестовых условиях. Установлено, что абсолютное большинство современных методов не обеспечивают устойчивости к естественным сдвигам распределения в принятой тестовой среде, а главным путем решения проблемы является обучение на более крупных и разнообразных наборах данных. Это во многих случаях повышает устойчивость, но все еще далеко от устранения разрывов в эффективности референса. А доменный сдвиг остается открытой исследовательской проблемой. В связи с бурным ростом применения искусственного интеллекта в индустрии, медицине и сельском хозяйстве актуальность этой проблемы сегодня только повысилась.

В плане решения проблемы интересно исследовать и возможности использования сравнительно недавно появившихся сетей Колмогорова–Арнольда (KAN), что и предлагает настоящая статья.

2. Связанные работы

2.1 Сети Колмогорова–Арнольда и сверточные расширения

Сети Колмогорова–Арнольда являются развитием нейронных сетей, основанным на теореме о представимости непрерывных функций многих переменных в виде суперпозиции функций одной переменной и операции сложения [2]. Ключевой особенностью данного подхода являются обучаемые функции активации расположенные на ребрах сети, изначально реализованные с помощью B-сплайнов. Это делает архитектуру KAN интерпретируемой на уровне функциональных зависимостей.

С момента первой публикации [3] данный тип моделей уже прошел много итераций улучшений и расширений от небольших оптимизаций производительности и замены типа обучаемых функций, до реализации таких state-of-the-art подходов как использование архитектуры Трансформер или даже структуры, обеспечивающей бесшовную синергию сетей Колмогорова–Арнольда (KAN) и науки [3].

Одним из расширений стал сверточный слой, где обучаемые функции активации используются непосредственно внутри ядер свертки [4]. Комбинация этих технологий позволяет продвинуться по пути к объяснимости CNN.

Фактически сверточные KAN (convKAN) являются архитектурной модификацией классических CNN, в которой линейные операции свертки заменяются обучаемыми нелинейными отображениями. Возможность исследовать формы функций активации внутри ядер становится инструментом для исследования обобщения и устойчивости механизма извлечения признаков KAN. Несмотря на это, существующие работы по convKAN к текущему моменту чаще исследуют результаты применения, не уделяя достаточного внимания анализу поведения обученных функций и их связи с доменной устойчивостью.

2.2 Ограничения стандартных CNN

Исследования в сфере геометрического анализа глубоких нейронных сетей дают важный контекст для анализа существующих архитектур. В работе [6] исследована геометрия, порождаемая глубокой нейронной сетью (DN), как состоящей из цепи пар линейных и нелинейных преобразований, на примере кусочно-аффинных и выпуклых нелинейностей. Показано, что слои таких DN представляют собой операторы, которые разбивают свое

входное пространство и для получения выходных данных применяют аффинное отображение, зависящее от области. Разбиение входного пространства каждого слоя соответствует степенной диаграмме Вороного с числом областей, которое экспоненциально возрастает с числом нейронов.

В работе [7] установлено, что использование функций активации (Rectified Linear Unit, ReLU) приводит к формированию разреженных представлений признаков. Такое свойство пространства признаков способствует эффективной оптимизации, но в то же время может усиливать зависимость модели от локальных текстурных признаков.

2.3 Форма активационных функций и обобщающая способность

Роль формы активационных функций в устойчивости и обобщении моделей рассматривается в ряде работ, выходящих за рамки стандартного выбора ReLU-подобных нелинейностей. В [8] показано, что гладкость и форма активаций оказывают существенное влияние на устойчивость моделей к шумам и искажениям. Параллельно с этим исследования, посвящённые автоматическому поиску активационных функций, демонстрируют, что оптимизация формы нелинейности может давать устойчивые улучшения качества по сравнению с фиксированными функциями активации [9].

Эти результаты указывают на то, что активационная функция является не просто технической деталью архитектуры, а важным фактором, определяющим свойства обучаемых представлений и поведение модели вне обучающего распределения.

2.4 Неявная регуляризация и выбор реализуемых функций

С теоретической точки зрения, обобщающая способность глубоких нейронных сетей во многом определяется неявной регуляризацией, возникающей в процессе оптимизации. Было показано, что даже при отсутствии явных регуляризаторов динамика обучения и параметризация модели приводят к предпочтению определённых решений в пространстве функций [10]. Эти идеи были расширены на нелинейные и глубокие модели [11], а также проанализированы с точки зрения глобальной сходимости и неявного смещения оптимизации [12].

Данные работы подчёркивают, что архитектурные решения напрямую влияют на класс функций, к которому сходится модель, и, как следствие, на её способность к обобщению при смене домена.

2.5 Признаковые представления и доменный сдвиг

Отдельное направление исследований посвящено анализу того, какие признаки извлекают сверточные нейронные сети. В частности, показано [12], что стандартные CNN склонны опираться преимущественно на текстурные признаки, а не на форму объектов, что негативно сказывается на переносимости между доменами с различными статистическими свойствами изображений. Эти наблюдения хорошо согласуются с результатами, демонстрирующими ограниченную эффективность существующих методов повышения робастности при естественном доменном сдвиге [1].

Дополнительно, в рамках доменного обобщения предлагается рассматривать обобщение в пространстве функций, а не параметров модели, что подчёркивает роль внутренней структуры отображений при смене домена [13].

3. Методология

При использовании теоремы Колмогорова–Арнольда, для непрерывной функции $f: [0,1]^n \rightarrow R$ существует представление вида:

$$f(x_1, \dots, x_n) = \sum_{q=1}^{2n+1} \Phi_q \left(\sum_{p=1}^n \varphi_{q,p}(x_p) \right)$$

где: Φ_q , $\varphi_{q,p}$ - непрерывные функции одной переменной, n – размерность входного пространства. Один слой сети Колмогорова-Арнольда в матричной форме представляется как:

$$X_{l+1} = \Phi_l X_l,$$

где Φ_l - матрица функций l -того слоя KAN, X_l - тензор входных параметров, X_{l+1} - тензор выходных параметров;

$$\Phi_l = \begin{pmatrix} \phi_{l,1,1}(\cdot) & \phi_{l,1,2}(\cdot) & \dots & \phi_{1,n_l}(\cdot) \\ \phi_{l,2,1}(\cdot) & \phi_{l,2,2}(\cdot) & \dots & \phi_{2,n_l}(\cdot) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \phi_{l,n_{l+1},1}(\cdot) & \phi_{l,n_{l+1},2}(\cdot) & \dots & \phi_{l,n_{l+1},n_l}(\cdot) \end{pmatrix}.$$

В общем виде сеть Колмогорова-Арнольда:

$$KAN(x) = (\Phi_{L-1} \circ \Phi_{L-2} \circ \dots \circ \Phi_1 \circ \Phi_0)x.$$

С момента публикации [3] было реализовано множество вариантов аппроксимации функций активации для KAN, в оригинальной работе используют В-сплайны:

$$\phi(x) = w_b b(x) + w_s spline(x),$$

где $b(x)$:

$$b(x) = situ(x),$$

а $spline(x)$ линейная комбинация В-сплайнов:

$$spline(x) = \sum_i c_i B_i(x).$$

Другая реализация (исследуется в данной работе), аппроксимирует функции активации радиально базисными функциями (RBF) Гаусса:

$$\phi(r) = \exp\left(-\frac{r^2}{2h^2}\right), \quad (1)$$

где параметр h контролирует ширину базиса. В общем виде аппроксимация функции RBF Гаусса:

$$f(x) = \sum_{i=1}^N w_i \phi(\|x - c_i\|), \quad (2)$$

где c_i – центры базисных функций, w_i – обучаемые коэффициенты, а $\phi(\cdot)$ – радиально-базисная функция, зависящая от расстояния между входом x и центром. Такая параметризация обеспечивает гладкость и локальность аппроксимации, допускает эффективную реализацию в виде линейной комбинации фиксированного числа базисных функций. Главное преимущество такой реализации – возможность параллелизма вычислений на графических процессорах в отличие от В-сплайнов.

Для реализации сверточных слоев при помощи KAN определим входное изображение как:

$$Image = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & \dots & a_{1p} \\ a_{21} & a_{22} & \dots & a_{2p} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{m1} & a_{m2} & \dots & a_{mp} \end{bmatrix},$$

тогда свертка будет определена как:

$$(Image * K)_{i,j} = \sum_{k=1}^N \sum_{l=1}^M \phi_{kl}(a_{i+k,j+l}),$$

В матричном виде получается:

$$KAN \text{ Kernel} = \begin{bmatrix} \phi_{11} & \phi_{12} \\ \phi_{21} & \phi_{22} \end{bmatrix},$$

$$Image * KAN \text{ Kernel} =$$

$$\begin{bmatrix} \phi_{11}(a_{11}) + \dots + \phi_{22}(a_{22}) & \dots & r_{1(p-1)} \\ \phi_{11}(a_{21}) + \dots + \phi_{22}(a_{32}) & \dots & r_{2(p-1)} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \phi_{11}(a_{m1}) + \dots + \phi_{22}(a_{(m+1)2}) & \dots & r_{m(p-1)} \end{bmatrix}$$

В качестве базовой архитектуры для исследования была выбрана ResNet-18 в конфигурации без декодера (рис. 1).

Схема сети идентична для CNN и KAN вариантов: KAN версия получена путем замены Conv2D слоев на FastKANConv2Layer, то есть на реализацию KAN сверток на основе RBF, с аналогичными размерами ядер, шагом и другими переносимыми параметрами (рис. 2).

В KAN-версии отсутствует ReLU, так как функция нелинейности является обучаемой и определяется в самих ядрах свертки. Таким образом различие между моделями локализовано в форме нелинейностей внутри сверточных ядер. Это позволяет рассматривать изменения в поведении моделей как прямое следствие обучаемых функций активации в KAN версии.

4. Наборы данных и метрики

Для проверки гипотезы о повышенной устойчивости KAN-сверток к доменному сдвигу в работе используются различные наборы данных с изображениями листьев растений, пораженными заболеваниями разного типа. Опорным набором данных выбран PlantVillage, так как он является кратно большим по числу классов и общему числу изображений (табл. 1). В опорном наборе данных PlantVillage представлены: 14 видов культур (яблоня, виноград, клубника, апельсин, томат, персик, черешня, сладкий перец, кукуруза, картофель, малина, голубика, соя и тыква), здоровые и для 26 типов заболеваний.

Представленность заболеваний следующая: 17 грибковых, 4 бактериальных, 2 вирусных, 2 плесневых, 1 клещевое. Для каждой из культур представлены не все заболевания, а только наиболее актуальные для нее. Всего классов изображений для здоровых и больных культур - 38.

Для наборов данных, представляющих доменные сдвиги, в Plant Pathology 2020 и Citrus есть совпадения по сельхоз-культурам (яблоня и апельсин), однако остальные наборы данных содержат в себе культуры, которые не присутствуют в опорном наборе данных. Это – кофе для наборов данных BRACOL и RoCoLe, рис – для Rice Leaf Diseases, груша – для DiaMOS. Плесневые и клещевое заболевания отсутствуют во всех наборах данных кроме PlantVillage.

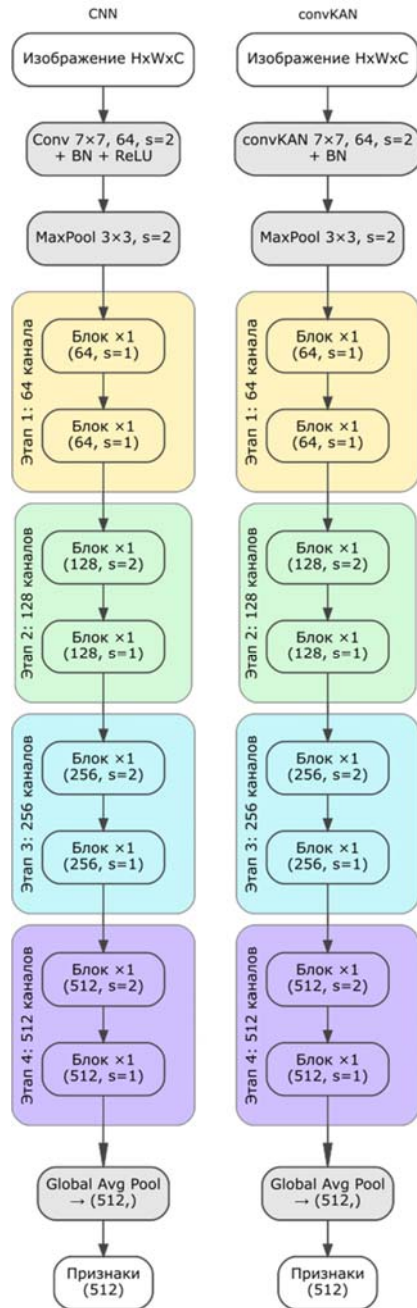


Рис. 1. Блок-схема ResNet-18: CNN слева, KAN справа.
Fig. 1. Block diagram of ResNet-18: CNN on the left, KAN on the right.

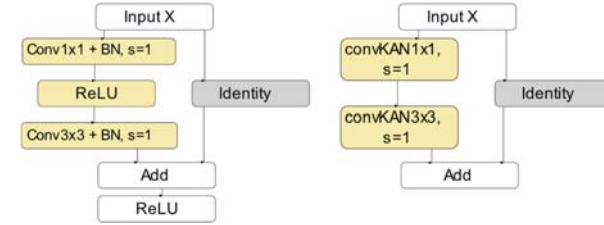


Рис. 2. Схема блока сверток ResNet: CNN слева, KAN справа.
Fig. 2. Block diagram of the ResNet convolution block: CNN on the left, KAN on the right.

Табл. 1. Детальное описание использованных в работе наборов данных.
Table 1. Detailed description of the datasets used in the study.

Набор данных	DiaMOS [14]	BRACOL [15]	RoCoLe [16]	Plant Pathology [17]	Rice Leaf Diseases [18]	Citrus [19]	PlantVillage [20]
Растение	Груша	Кофе	Кофе	Яблоко	Рис	Цитрус	38 классов: 14 видов, 26 заболеваний.
Количество изображений	3505 (3006 листьев + 499 плодов)	4407	1560	3651	120	759 (609 листьев + 150 плодов)	54309
Количество симптомов	4	4	2	3	3	5	26
Инструмент съемки	Смартфон, зеркальный фотоаппарат	Смартфон	Смартфон	Зеркальный фотоаппарат, смартфон	Зеркальный фотоаппарат	Зеркальный фотоаппарат	Смартфон
Цветовое пространство	RGB	RGB	RGB	RGB	RGB	RGB	RGB
Разрешение изображений	Различные	2048 × 1024	Различные	2048 × 1365	2848 × 4288	256 × 256	Различные
Условия съемки	Полевые	Лабораторные	Полевые	Полевые	Лабораторные	Лабораторные	Лабораторные

В доменных сдвигах отсутствуют пересечения с PlantVillage по вирусным заболеваниям. В итоге устойчивость к доменным сдвигам по видам растений будем исследовать только на трех типах по заболеваниям: норма (здоровые); грибковые заболевания; бактериальные заболевания. Исследуемые доменные сдвиги по сложности можно охарактеризовать как близкие к экстремальным.

Для количественной оценки доменного сдвига между наборами данных были проанализированы цветовые и структурные характеристики изображений. Для анализа структурной компоненты, изображения из цветных переведены в оттенки серого, затем для каждого вычислены следующие 5 характеристик: среднее значение яркости; стандартное отклонение яркости; энтропия Шеннона (как мера хаотичности и разнообразия); средняя величина модуля градиента, полученного оператором Собеля (характеризует резкость и выраженность границ); среднее модуля спектра Фурье (оценка высокочастотной энергии). Для оценки цветовых характеристик изображения из модели RGB переводились в цветовую модель CIE Lab, и для каждого из каналов Lab вычислялось среднее значение, стандартное отклонение и энтропия. Таким образом для каждого изображения был получен 14-мерный вектор признаков, состоящий из 9 цветовых характеристик и 5 структурных (несмотря на рекомендацию [21] ограничиваемся текстурными признаками по причине их доминирования).

В исследовании устойчивости к доменному сдвигу полезно иметь его количественную оценку. Отдельно для структуры и цвета доменов, исследованы следующие три известных метрики.

1) Maximum Mean Discrepancy (MMD) с RBF ядром:

$$MMD^2(X, Y) = \frac{1}{n(n-1)} \sum_{i \neq j} k(x_i, x_j) + \frac{1}{m(m-1)} \sum_{i \neq j} k(y_i, y_j) - \frac{2}{nm} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m k(x_i, y_j) \quad (3)$$

где $k(x, y)$ – Гауссово ядро

$$k(x, y) = \exp(-\gamma \|x - y\|^2),$$

$\|x - y\|$ – евклидово расстояние между признаковыми векторами; γ – параметр ширины ядра. Эта метрика чувствительна к нелинейным расхождениям в распределениях признаков.

2) Дивергенция Йенсена-Шеннона:

$$D_{\text{JSB}}(P \| Q) = \frac{1}{2} D_{\text{KL}}(P \| M) + \frac{1}{2} D_{\text{KL}}(Q \| M), \quad (4)$$

где $M = \frac{1}{2}(P + Q)$ – смесь вероятностных распределений;

$D_{\text{KL}}(P \| Q) \sim \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \log\left(\frac{p(x_i)}{q(x_i)}\right)$ – дивергенция Кульбака-Лейблера. Эта метрика, оценивает формы распределений и устойчива к шуму.

3) Расстояние Вассерштейна:

$$W_1(P, Q) = \inf_{\gamma \in \Pi(P, Q)} \int |x - y| d\gamma(x, y), \quad (5)$$

где P, Q – сравниваемые распределения; $\Pi(P, Q)$ – множество всех совместных распределений с маргиналами P и Q ; $\gamma(x, y)$ – транспортный план.

Расстояние вычисляется независимо для каждой координаты признакового вектора и затем усредняется:

$$W(X, Y) = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^d W_1(X_i, Y_i), \quad (6)$$

где $X_i Y_i$ – распределения i -го признака двух наборов данных; d – размерность пространства признаков. Эта метрика характеризует величину глобального сдвига распределений, отражая различия в среднем уровне и масштабе признаков.

Диаграммы размаха трех указанных выше метрик доменного сдвига относительно PlantVillage по структурной и по цветовой составляющим для каждого из 7 наборов данных показаны на рис. 3 и рис. 4 соответственно.

Обе модели обучались в течении 40 эпох, на классификации 38 классов из исходного набора данных PlantVillage. Для оценки результатов классификации использовались следующие метрики:

$$Accuracy = \frac{\sum_{i=1}^K TP_i}{N},$$

где: K – число классов, TP – истинно положительные предсказания, N – общее число предсказаний.

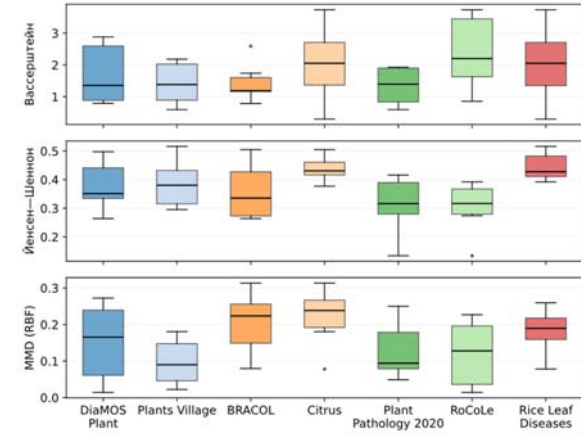


Рис. 3. Диаграммы размаха попарного доменного сдвига исходных данных для структурной составляющей.

Fig. 3. Box plots of pairwise domain shift of the original data for the structural component.

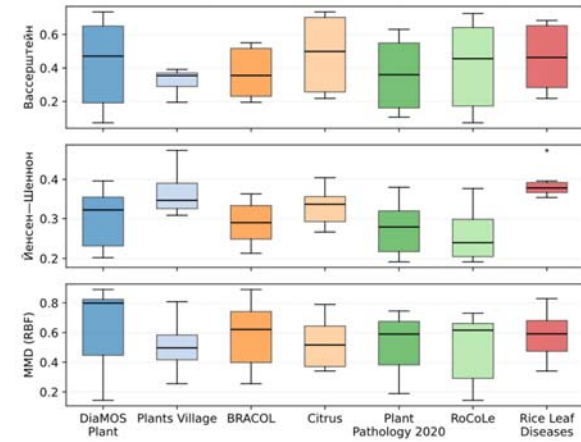


Рис. 4. Диаграммы размаха попарного доменного сдвига исходных данных для цветовой составляющей.

Fig. 4. Box plots of pairwise domain shift of the original data for the color component.

$$F1_{\text{macro}} = \frac{1}{C} \sum_{c=1}^C F1_c,$$

где:

$$F1_c = \frac{2 * Precision_c * Recall_c}{Precision_c + Recall_c},$$

$$Precision_c = \frac{TP_c}{TP_c + FP_c},$$

$$Recall_c = \frac{TP_c}{TP_c + FN_c}, FAR_c = \frac{FP_c}{FP_c + TN_c}$$

TP_c – истинно положительные предсказания, для класса C , FP_c – ложно положительные предсказания, для класса C , FN_c , TN_c – ложно и истинно отрицательные предсказания, для класса C .

$$F1_{weighted} = \sum_{c=1}^C w_c * F1_c,$$

где:

$$w_c = \frac{N_c}{\sum_{k=1}^C N_k},$$

N_c – количество объектов класса C .

С помощью тех же метрик (3), (4), (5), (6) исследована оценка результата обработки входных признаков сверточной частью сетей KAN и классической CNN. Это вектор из 512 величин (см. схему на рис. 1 – блок «Признаки (512)»), которые должны далее поступить на вход полносвязной части сети для их классификации. Раздельно их классификация. Раздельно их классификация удаленность результата обучения X на опорном наборе данных PlantVillage от результата обучения Y_i на других наборах данных (см. разд. 5).

5. Результаты эксперимента

Ниже приведены результаты проведенного эксперимента. Обе модели показали быструю сходимость обучения (рис. 5). В то же время, обучение KAN-модели заняло в ~4 раза больше времени. Это известное свойство данного рода моделей обусловлено вычислительной сложностью обучаемых функций активации.

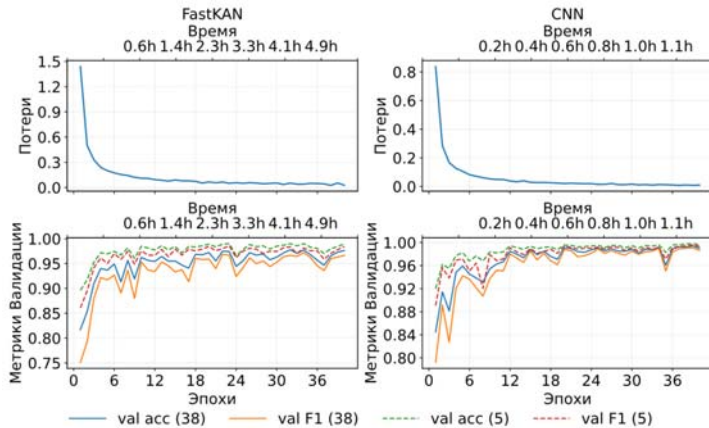


Рис. 5. Обучение моделей KAN – слева, CNN – справа.
Fig. 5. Training of models: KAN on the left, CNN on the right.

На наборе данных PlantVillage, на котором и проходило обучение, модели показали результаты порядка 100% по метрике Accuracy и двум F1. Такие результаты были получены, как для исходной разметки набора данных, включающей 38 классов для 14 видов растений (рис. 6), так и в пространстве из 3 и 5 мета-классов, сформированных по типам патологий. В (табл. 2) представлены только 3 типа патологий в метриках Accuracy, Recall, FAR. Это связано с тем, что классы «вредители» и «вирусное», имеют слабое соответствие между наборами данных. В (табл. 3), по сдвигам доменов относительно опорного PlantVillage, показаны 5 типов патологий. Хотя обе модели, KAN и CNN, показали значительное падение качества классификации, на Rice Leaf Diseases и BRACOL, на рис. 6 модель KAN показала превосходство в устойчивости к доменному сдвигу над моделью CNN.

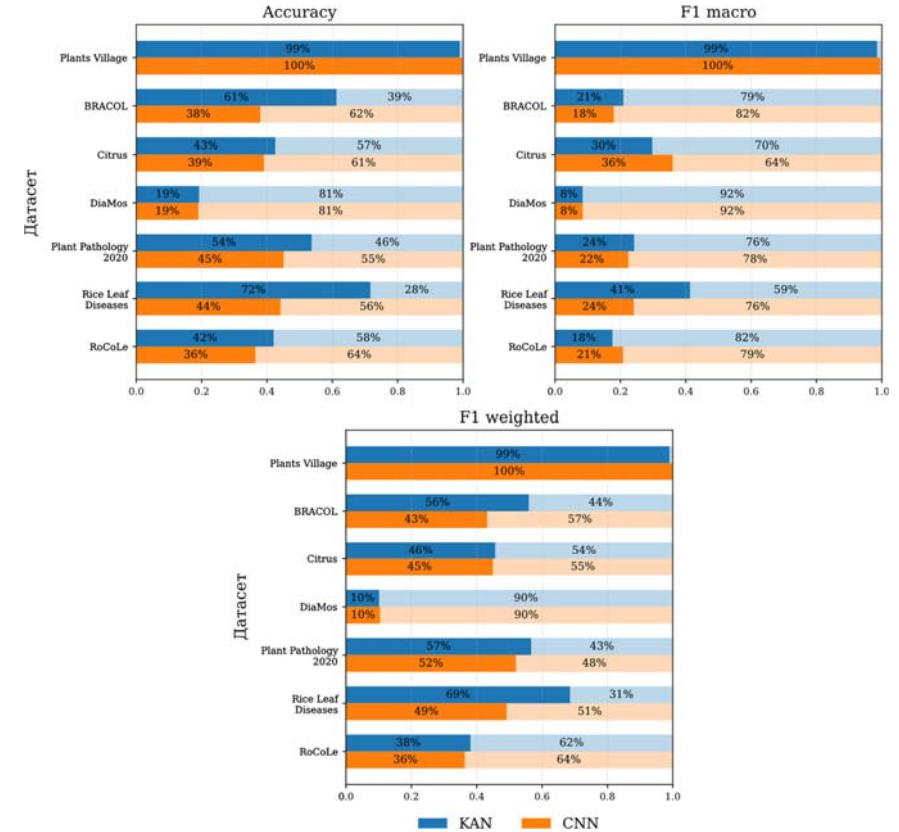


Рис. 6. Диаграммы в метриках Accuracy, F1 macro, F1 weighted для моделей KAN и CNN на валидационных наборах данных классификации растений после обучения на PlantVillage по всем типам заболеваний.
Fig. 6. Plots in terms of Accuracy, F1 macro, and F1 weighted for KAN and CNN models on validation datasets for plant classification after training on PlantVillage across all disease types.

В табл. 2 преимущество KAN проявляется в метриках Accuracy и Recall на классе грибковых заболеваний, оставаясь сравнимым с CNN для здоровых растений. Accuracy и FAR для бактериальных заболеваний у KAN лучше, чем у модели CNN, а Recall наоборот.

Бледнокоричневым фоном выделены наборы данных, для которых можно ожидать меньший доменный сдвиг (см. табл. 1). В (табл. 3) собраны расстояния между опорным и остальными доменами по метрикам сдвига для векторов 9 цветовых и 6 структурных признаков, а также расстояния между эмбедингами размерности 512, извлеченными сверточной частью и KAN, и CNN до MLP классификации (столбцы KAN и CNN). Такой эмбединг извлекается из изображений каждого набора данных в процессе обучения. Расстояние между доменами определяется как сдвиг между распределениями доменов. По метрикам сдвига результаты сгруппированы в 3 колонки, чтобы оценить возможности валидации доменного сдвига для всех 3 метрик. Метрики валидационных наборов данных собраны в горизонтальные блоки для каждого класса заболеваний. Количество строк в блоке соответствует представленности заболевания в конкретном наборе данных.

Табл. 2. Результаты валидации на 6 наборах данных (левый столбец), для наиболее актуальных типов заболеваний.

Table 2. Validation results on 6 datasets (left column) for the most relevant disease types.

Accuracy [%]	Здоровые		Грибковое		Бактериальное	
	KAN	CNN	KAN	CNN	KAN	CNN
PlantVillage	100	100	99	100	100	100
DiaMos	82	95	29	31		
BRACOL	78	75	61	41		
Citrus	74	50	53	66	58	62
Plant Pathology 2020	57	61	55	51		
RoCoLe	56	57	47	46		
Rice Leaf Diseases			73	46	73	62
В среднем:	69	68	53	47	65	62
Recall [%]	Здоровые		Грибковое		Бактериальное	
	KAN	CNN	KAN	CNN	KAN	CNN
PlantVillage	100	100	99	100	99	100
DiaMos	56	14	63	64		
BRACOL	30	54	82	41		
Citrus	53	79	50	22	37	41
Plant Pathology 2020	36	31	60	50		
RoCoLe	23	23	79	65		
Rice Leaf Diseases			93	43	30	48
В среднем:	40	40	71	48	34	44
False Alarm Rate (FAR) [%]	Здоровые		Грибковое		Бактериальное	
	KAN	CNN	KAN	CNN	KAN	CNN
PlantVillage	0	0	1	0	0	0
DiaMos	17	4	86	83		
BRACOL	15	22	83	59		
Citrus	24	53	46	15	10	6
Plant Pathology 2020	35	28	61	47		
RoCoLe	11	7	73	65		
Rice Leaf Diseases			68	48	6	31
В среднем:	20	23	70	53	8	19

Из данных табл. 3 видно, что показатели сдвига в пространстве эмбедингов, извлекаемых моделями KAN и CNN, стабильно выше среднего для классов «вредители» и «вирусные» для обеих моделей, что согласуется с их наименьшим пересечением с опорным набором данных.

Также в табл. 3 прослеживается общий тренд для классов вирусных заболеваний и поражений вредителями, и для «полевых» DiaMos, RoCoLe, Plant Pathology. Эти классы показывают наибольшие значения сдвига в пространстве входных признаков цвета и/или структуры.

Табл. 3. Оценка доменного сдвига валидационных наборов данных относительно опорного (PlantVillage), сгруппированная по метрикам сдвига и по классам заболеваний на входе и выходе сверточных структур. Колонки «цвет» и «структура» соответствуют статистическим входным признакам изображений. Колонки KAN и CNN соответствуют расстояниям между эмбедингами PlantVillage и валидационных наборов данных.

Table 3. Assessment of domain shift of validation datasets relative to the reference (PlantVillage), grouped by shift metrics and by disease classes at the input and output of the convolutional structures. The “color” and “structure” columns correspond to statistical input image features. The KAN and CNN columns correspond to distances between embeddings of PlantVillage and the validation datasets.

	Набор данных	Вассерштейн				MMD				Йенсен-Шеннон			
		Цвет	Структура	KAN	CNN	Цвет	Структура	KAN	CNN	Цвет	Структура	KAN	CNN
Здоровые	DiaMos	0,60	0,68	0,74	0,83	1,04	0,23	0,57	0,61	0,66	0,49	0,56	0,57
	BRACOL	0,19	1,24	0,77	0,71	0,45	0,71	0,58	0,53	0,46	0,57	0,49	0,45
	Citrus	0,52	2,33	0,70	0,88	0,93	0,98	0,51	0,66	0,65	0,72	0,57	0,58
	Plant Pathology2020	0,46	0,79	0,63	0,69	0,90	0,39	0,48	0,50	0,46	0,28	0,35	0,37
	RoCoLe	0,59	1,66	0,67	0,80	0,98	0,48	0,49	0,53	0,53	0,42	0,34	0,37
	В среднем:												
Грибковое	DiaMos	0,47	0,53	0,61	0,71	0,92	0,34	0,45	0,47	0,53	0,30	0,35	0,37
	BRACOL	0,34	1,28	0,76	0,69	0,64	0,68	0,54	0,46	0,43	0,55	0,40	0,38
	Citrus	0,57	2,23	0,65	0,86	0,81	0,90	0,45	0,54	0,56	0,63	0,42	0,45
	Plant Pathology2020	0,34	0,59	0,55	0,56	0,72	0,34	0,40	0,38	0,40	0,25	0,30	0,29
	RoCoLe	0,45	1,40	0,51	0,58	0,86	0,41	0,37	0,38	0,47	0,38	0,30	0,30
	Rice Leaf Diseases	0,52	1,92	0,67	0,68	0,76	0,71	0,45	0,43	0,53	0,63	0,45	0,44
Бактериальное	DiaMos	0,45	1,04	0,60	0,68	0,78	0,51	0,50	0,53	0,54	0,56	0,39	0,39
	Rice Leaf Diseases	0,51	1,04	0,88	0,77	0,89	0,57	0,59	0,58	0,66	0,74	0,59	0,57
	В среднем:												
	В среднем:												
Вирусное	DiaMos	0,41	0,62	0,79	0,78	0,91	0,50	0,74	0,66	0,60	0,49	0,59	0,56
	В среднем:												
	В среднем:												
	В среднем:												
Вредители	DiaMos	0,70	0,27	0,88	1,09	1,15	0,25	0,74	0,78	0,63	0,32	0,48	0,52
	BRACOL	0,14	1,94	0,98	0,98	0,38	1,00	0,83	0,80	0,46	0,67	0,52	0,54
	RoCoLe	0,68	1,23	0,84	1,02	1,13	0,44	0,69	0,73	0,64	0,48	0,48	0,51
	В среднем:												

Расстояние Вассерштейна показывает наибольшие значения по структурным признакам, в то время как MMD указывает на большие сдвиги в пространстве цветовых признаков. MMD выглядит также более сбалансированной.

Отметим, что низкие величины сдвига, например, как 0,14 по цвету, для класса «вредители» набора данных BRACOL, говорят о том насколько цветовые показатели изображений этого класса набора данных близки к показателям того же типа в опорном наборе данных, но не о том, что они более пригодны для классификации. Аналогичное справедливо и для высоких значений.

Тем не менее, в целом наличие проблемных сдвигов доменов, которые наиболее ярко отразились в высоких значениях FAR в классе грибов (табл. 2), зафиксировано красным фоном (табл. 3) и так или иначе отражено всеми метриками сдвигов, и особенно полно и сбалансированно метрикой MMD.

6. Обсуждение и заключение

Отметим наиболее важные моменты сравнительного исследования обобщающей способности классических CNN и сверточных KAN в условиях сильного доменного сдвига. Обе модели демонстрируют высокие значения Accuracy, Recall и FAR на тестовой выборке опорного набора данных PlantVillage (верхняя строка в каждом горизонтальном блоке табл. 2). Но при переносе на внешние наборы данных, имеющие критические величины доменного сдвига, обе модели показывают существенную деградацию качества, менее выраженную для сверточных KAN (convKAN).

По данным диаграммы на рис. 6 модель KAN превосходит CNN по метрике Accuracy максимально на 28 %, в среднем на 9,9 %, при среднеквадратическом отклонении 10,5 %, что указывает на высокую вариативность выигрыша в зависимости от домена. По метрике F1-масго в тех же параметрах: 17%; 1,7 %; 6,8 %. По метрике F1-weighted соответственно: 20%; 5,7 %; 7,3%.

По данным табл. 2 для классификации наиболее актуальных типов заболеваний в метриках Accuracy, Recall, FAR установлено, что:

- В блоке метрики «Accuracy» в колонке «Здоровые», и KAN, и CNN показывают высокую среднюю устойчивость к сильному доменному сдвигу (69% и 68%). В дополнение, CNN существенно проигрывает KAN по среднеквадратическому отклонению σ (15.9 к 10.8). В колонке «Грибковое» среднее для KAN (53%) превосходит среднее для CNN (47%), уступая по σ (13.4 к 10.6). В колонке «Бактериальное» среднее для KAN (65%) превосходит среднее для CNN (62%).
- В блоке метрики «Recall» в колонке «Здоровые», и KAN, и CNN дают одинаковую, но заметно меньшую среднюю устойчивость к сильному доменному сдвигу (40%). И снова KAN выигрывает у CNN величинами σ (11.8 против уже 23.5). В колонке «Грибковое» KAN показывает рекордную среднюю устойчивость (71%) против 48% у CNN с величинами σ (12.0 против 16.0), а в колонке «Бактериальное» средняя устойчивость CNN (44%) превзошла устойчивость KAN (34%).
- В блоке метрики «FAR» соотношение средних величин для KAN и CNN по колонкам: «Здоровые» - 20% и 23% (при σ 7.0 и 17.6); «Грибковое» - 70% и 53% (при σ 14.8 и 22.6); «Бактериальное» - 8% и 19%.

Подробное и полное объяснение поведения FAR для грибковых заболеваний (в табл.2) дано в табл. 4: она содержит анализ источников FP по заболеваниям, а для здоровых растений - по условиям освещения для каждого набора данных. Эти данные полностью объясняют секрет высоких значений FAR в (табл.2) при классификации грибковых заболеваний сетями KAN и CNN. Более глубокую детализацию дает анализ столбцов начиная с «Отношение FAR».

Табл. 4. Основные источники высоких значений FP и, как следствие, FAR для грибковых заболеваний в табл. 2.

Table 4. Main sources of high FP values and, consequently, high FAR for fungal diseases in Table 2.

Набор данных	FAR [%] грибы из табл. 2		Отношение FAR	Общее число FP		Отношение FP	Основные источники FP [%]					
	KAN	CNN		KAN/CNN	KAN		CNN	KAN/CNN	Здоровые		Бактерии	
			KAN			CNN			KAN	CNN	KAN	CNN
DiaMos	86	83	1.036	1819	1767	1.029	1	2	0	0	97	96
BRACOL	83	59	1.407	288	205	1.405	35	20	0	0	65	80
Citrus	46	15	3.067	196	65	3.015	13	17	87	83	0	0
Plant Patol	61	47	1.298	296	229	1.293	100	100	0	0	0	0
RoCoLe	73	65	1.123	704	627	1.123	80	82	0	0	20	18
Rice leaf	68	48	1.417	27	19	1.421	0	0	100	100	0	0

для сети KAN и CNN, а во-вторых, процентное распределение этих событий по классам Здоровые, Бактерии, Вредители.

Сопоставление табл. 4 с данными о заболеваниях и условиях съемки в наборах данных (табл.1) обнаруживает связь величин FAR со сдвигом каждого набора данных. Так для DiaMos это уникальный для всего набора вредитель (слизняк), который оставляет след, а распознается как грибковое заболевание и KAN, и CNN. Для набора данных BRACOL это также уникальный вредитель (моль). В столбце «Основные источники FP [%]» (табл. 4) дана детальная расшифровка причин FP и FAR грибкового поражения качественно, по классам заболеваний {Здоровые (полевые условия съемки), Бактерии, Вредители} и количественно (в %). Для Citrus это уникальное бактериальное заболевание Greening. Для набора данных Rice leaf это уникальное бактериальное заболевание Bacterial leaf blight, визуально схожее с несколькими грибковыми. Мы видим также случаи трактовки части класса здоровых растений как имеющих грибковые заболевания. Рекорд (100%) здесь принадлежит, казалось бы, близкому набору данных Plant Patology, но с большим различием по условиям освещения (полевые вместо лабораторных у PlantVillage). Второе место у RoCoLe (KAN 80% и CNN 82%). Причина, – также в основном освещение, и вчетверо меньше – уникальный вредитель. Для набора данных BRACOL доля в 35% из Здоровых для сети KAN и 20% для CNN вполне приемлема при отсутствии номинальной культуры в составе PlantVillage, остальное также вредитель. Доли в Здоровых от DiaMos и Citrus соответствуют их потенциальной близости к опорному набору данных. В итоге видим, что высокие величины FAR обусловлены сильными смещениями доменов, не перекрывающимися набором данных PlantVillage. В условиях перекрытия доменов (как DiaMos и Citrus) FAR оказался низким, с некоторым преимуществом KAN.

В табл. 5 исследуется связь знака и величины разности трех популярных количественных оценок сдвигов наборов данных для 512-мерных эмбедингов, извлекаемых сверточной частью моделей KAN и CNN. Для двух из 6 наборов данных (BRACOL и Rice Leaf Diseases) эмбединги, формируемые моделью KAN, показывают большее удаление (положительные значения в табл. 5) по сравнению с CNN.

Это не приводит к ухудшению метрик точности классификации, наблюдается даже рост Accuracy и F1. Есть и обратный пример (Plant Pathology), когда все Δ =KAN – CNN отрицательные, но также дают рост и F1, и Accuracy. Как мы видели выше, во всех случаях имеем и рост FAR для класса грибковых заболеваний. В итоге, из результатов экспериментов не получилось выделить лучшую метрику сдвига наборов данных, однозначно определяющую устойчивость к сдвигу, ни для модели KAN, ни для CNN.

В более ранней работе авторов [22], при классификации болезней растений, по статистическим характеристикам их изображений, была использована полносвязная KAN-сеть, и значимая часть из обученных функций активации стали после обучения монотонными.

Табл. 5. Разность метрик доменного сдвига распределений для 512-мерных эмбедингов KAN и CNN, снятых на выходном слое сверточной части сети. Разность метрик Accuracy и F1-макро дана в процентных пунктах (п.п.).

Table 5. Difference in domain shift metrics of distributions for 512-dimensional embeddings of KAN and CNN extracted from the output of the convolutional backbone. Difference in Accuracy and F1-macro metrics in percentage points (p.p.).

Набор данных	$\Delta = \text{KAN} - \text{CNN}$				
	Вассертштейн	MMD	Йенсен-Шеннон	Δ Accuracy (п. п.)	Δ F1-макро (п. п.)
DiaMos	-0,077	-0,002	-0,011	0,23%	-0,01%
BRACOL	0,058	0,055	0,016	23,27%	2,90%
Citrus	-0,158	-0,082	-0,009	3,45%	-6,23%
Plant Pathology 2020	-0,049	-0,003	-0,001	8,57%	1,76%
RoCoLe	-0,130	-0,030	-0,025	5,58%	-3,23%
Rice Leaf Diseases	0,056	0,026	0,005	27,50%	17,20%

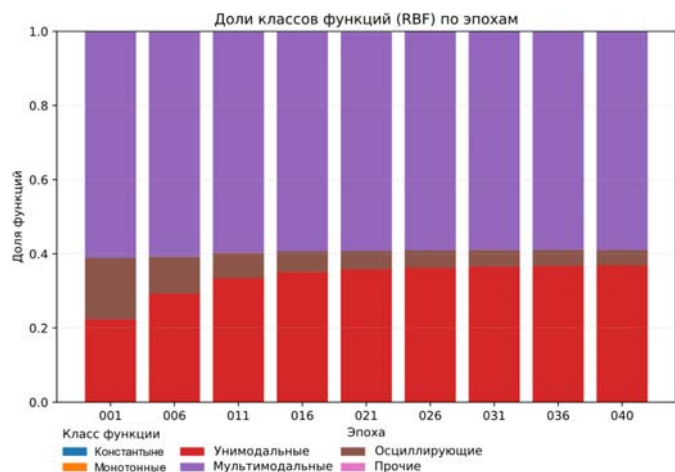


Рис. 7. Столбчатая диаграмма изменений распределения классов функций активации в сети KAN в процессе ее обучения на опорном наборе данных PlantVillage.

Fig. 7. Bar chart of changes in the distribution of activation function classes in the KAN network during training on the reference PlantVillage dataset.

Исследовано также качественное и количественное изменение состава функций активации в процессе обучения (рис. 7).

На диаграмме различимы только 3 класса функций активации: унимодальные; мультимодальные и осциллирующие. Причем число мультимодальных функций остается

доминирующим и слабо убывает с 61% до 59%, а число унимодальных постоянно растет (с 22,4% до 36,9%), за счет убывания осциллирующих (с 16,6% до 4,2%). При детальном рассмотрении обнаруживаются еще 2 малочисленных класса (около 0,01% каждый): монотонно возрастающие и монотонно убывающие функции. Примеры представителей 3-х основных классов приведены по эпохам сверху-вниз на рис.8.

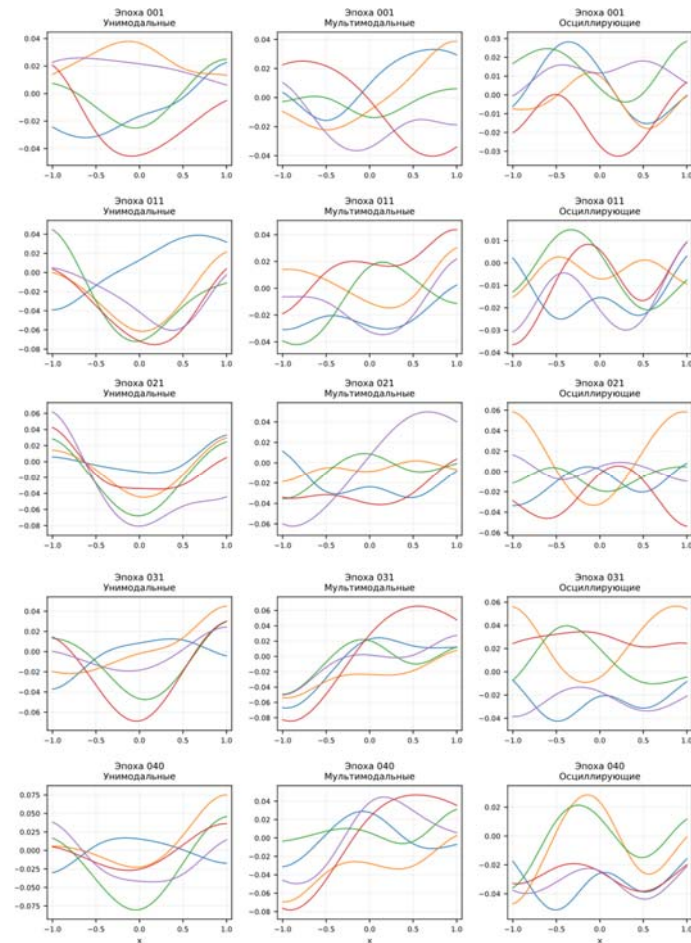


Рис. 8. Примеры функций 3 классов (слева-направо): унимодальные; мультимодальные; осциллирующие, – по эпохам (сверху-вниз) с 1 по 40 с шагом 10.

Fig. 8. Examples of functions from 3 classes (left to right): unimodal; multimodal; oscillatory – across epochs (top to bottom) from 1 to 40 with a step of 10.

Примеры представителей 3-х основных классов приведены по эпохам сверху-вниз на рис. 8. Важным для понимания динамики структур функций в ходе обучения convKAN является то, что функции активации $\phi(x)$ представлены радиально базисными функциями (RBF) Гаусса (см. формулы (1) и (2)), позволяющими управлять положением центра, шириной базиса кривой, весами и числом экстремумов.

Рост доли унимодальных функций в процессе обучения вероятно говорит о том, что KAN находит эффективные центры притяжения, снижая число осциллирующих функций и улучшая разделимость классов.

Полученные экспериментальные данные показали следующее:

- 1) Доменный сдвиг многоклассовой модели близкий к экстремальному является фактором существенной деградации качества классификации, как для моделей CNN, так и convKAN.
- 2) Сети convKAN показали в целом более высокую устойчивость по Accuracy, Recall, F1 к доменному сдвигу, вероятно связанную со свойствами радиально базисных функций (RBF) Гаусса.
- 3) В число метрик исследования необходимо включать метрики ошибок FAR (FPR) и/или FNR: метрика FAR позволила увидеть деградацию ошибок классификации, общую для KAN и CNN, в которой CNN выиграла у сети KAN.
- 4) Все три типа исследованных количественных метрик доменного сдвига оказались способны обнаружить наличие проблемных сдвигов доменов, наиболее ярко проявившиеся в ошибке классификации FP на классе грибковых заболеваний (табл. 2). Наиболее сбалансированной метрикой оказалась при этом MMD. Общим недостатком метрик сдвига домена является отсутствие явной связи со всем спектром признаков доменов.

Представляет интерес продолжение исследований в направлениях: углубления понимания классов структур функций активации и их динамики в ходе обучения KAN; развития метрик количественной оценки доменного сдвига и полноты этой оценки, исследования места FAR в оценке сдвига домена; дальнейшего развития архитектуры в сторону ускорения обучения и снижения затрат памяти.

Список литературы / References

- [1]. Taori R., Dave A., Shankar V., Carlini N., Recht B., Schmidt L. Measuring Robustness to Natural Distribution Shifts in Image Classification, 2020. DOI: 10.48550/arXiv.2007.00644.
- [2]. Колмогоров А.Н. О представлении непрерывных функций нескольких переменных в виде суперпозиций непрерывных функций одного переменного и сложения. Докл. АН СССР, 1957, т. 114, № 5, с. 953–956.
- [3]. Liu Z., Wang Y., Vaidya S., Ruehle F., Halverson J., Soljačić M., Hou T.Y., Tegmark M. KAN: Kolmogorov-Arnold Networks. Proceedings of the International Conference on Learning Representations. ICLR, 2024. DOI: 10.48550/arXiv.2404.19756.
- [4]. Liu Z., Ma P., Wang Y., Matusik W., Tegmark M. Kan 2.0: Kolmogorov-Arnold networks meet science, 2025. DOI: 10.1103/4t7t-v19l.
- [5]. Bodner A.D., Tepsich A.S., Spolski J.N., Pourteau S. Convolutional Kolmogorov-Arnold Networks, 2024. DOI: 10.48550/arXiv.2406.13155.
- [6]. Balestrieri R., Cosentino R., Aazhang B., Baraniuk R. The Geometry of Deep Networks: Power Diagram Subdivision. Neural Information Processing Systems, 2019. DOI: 10.48550/arXiv.1905.08443.
- [7]. Glorot X., Bordes A. Deep Sparse Rectifier Neural Networks. Journal of Machine Learning Research, 2010, vol. 15.
- [8]. Gao F., Zhang B. Data-aware customization of activation functions reduces neural network error, 2013. DOI: 10.48550/arXiv.2301.06635.
- [9]. Ramachandran P., Zoph B., Le Q.V. Swish: a Self-Gated Activation Function. arXiv: Neural and Evolutionary Computing, 2017. DOI: 10.48550/arXiv.1710.05941.
- [10]. Neyshabur B. Implicit Regularization in Deep Learning, 2017. DOI: 10.48550/arXiv.1709.01953.
- [11]. Zhou M., Ge R. Implicit Regularization Leads to Benign Overfitting for Sparse Linear Regression, 2023. DOI: 10.48550/arXiv.2302.00257.
- [12]. Chizat L. Mean-Field Langevin Dynamics: Exponential Convergence and Annealing. Trans. Mach. Learn. Res., 2022. DOI: 10.48550/arXiv.2202.01009.

- [13]. Shin S., Bae H., Na B., Kim Y.-Y., Moon I.-Ch. Unknown Domain Inconsistency Minimization for Domain Generalization, 2024. DOI: 10.48550/arXiv.2403.07329.
- [14]. Fenu G., Mallocci F.M. DiaMOS Plant: A Dataset for Diagnosis and Monitoring Plant Disease. Agronomy 2021, vol. 11, 2107. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy11112107>.
- [15]. Krohling R.A., Esgario, Guilherme J.M., Ventura J.A. BRACOL – A Brazilian Arabica Coffee Leaf images dataset to identification and quantification of coffee diseases and pests. Mendeley Data, V1, 2019. DOI: 10.17632/yy2k5y8mxg.1.
- [16]. Parraga-Alava J., Cusme K., Llor A., Santander E. RoCoLe: A robusta coffee leaf images dataset for evaluation of machine learning based methods in plant diseases recognition. Data Brief, 2019 Aug 19, vol. 25, p. 104414. DOI: 10.1016/j.dib.2019.104414.
- [17]. Thapa R., Zhang K., Snavely N., Belongie S., Khan A. The Plant Pathology Challenge 2020 data set to classify foliar disease of apples. Appl Plant Sci., 2020 Sep 28, vol. 8(9), e11390. DOI: 10.1002/aps3.11390.
- [18]. Shah J., Prajapati H., Dabhi V. Rice Leaf Diseases [Dataset]. UCI Machine Learning Repository, 2017. DOI:10.24432/C5R013.
- [19]. Rauf H.T., Saleem B.A., Lali M.I.U., Khan M.A., Sharif M.U., Bukhari S.A.Ch. A citrus fruits and leaves dataset for detection and classification of citrus diseases through machine learning. Data in Brief, vol. 26, 2019. DOI: 10.1016/j.dib.2019.104340.
- [20]. Hughes D.P., Salathé M. An open access repository of images on plant health to enable the development of mobile disease diagnostics through machine learning and crowdsourcing. DOI: 10.48550/arXiv.1511.08060.
- [21]. Geirhos R., Rubisch P., Michaelis C., Bethge M., Wichmann F., Brendel W. ImageNet-trained CNNs are biased towards texture; increasing shape bias improves accuracy and robustness. 2018. DOI: 10.48550/arXiv.1811.12231.
- [22]. Ларионов А.И., Турлапов В.Е. Сети KAN и MLP в био- и медицинской диагностике на примере стресса растений. Труды конференции ГрафиКон-2025, 2025. DOI:10.25686/978-5-8158-2474-4-2025-790-810.

Информация об авторах / Information about authors

Алексей Игоревич ЛАРИОНОВ – магистрант направления «Прикладная математика и информатика», профиль «Компьютерные науки и приложения», Института информационных технологий, математики и механики. Сфера научных интересов: машинное обучение, компьютерное зрение, устойчивость моделей к доменному сдвигу, сверточные нейронные сети и сети Колмогорова–Арнольда, интерпретируемость моделей.

Alexey Igorevich LARIONOV – master’s student in the program “Applied Mathematics and Informatics”, specialization “Computer Science and Applications”, at the Institute of Information Technology, Mathematics and Mechanics. Research interests: machine learning, computer vision, robustness of models to domain shift, convolutional neural networks and Kolmogorov–Arnold networks, model interpretability.

Вадим Евгеньевич ТУРЛАПОВ – доктор технических наук, доцент, профессор кафедры высокопроизводительных вычислений и системного программирования Нижегородского государственного университета им. Н.И. Лобачевского. Сфера научных интересов: обработка изображений, искусственный интеллект, компьютерное зрение, гиперспектральные изображения, научная визуализация, геоинформатика, теория пространственных механизмов.

Vadim Evgenievich TURLAPOV – Dr. Sci. (Tech.), Assoc. Prof., professor of the Department of High-Performance Computing and System Programming, N.I. Lobachevsky Nizhny Novgorod State University. His research interests include image processing, artificial intelligence, computer vision, hyperspectral imaging, scientific visualization, geoinformatics, and the theory of spatial mechanisms.