Tristan van Leeuwen Mathematisch Instituut Universiteit Utrecht

Mathematisch Instituut Universiteit Utrecht t.vanleeuwen@uu.nl

Alessandro Sbrizzi

Center for Image Sciences Universitair Medisch Centrum, Utrecht a.sbrizzi@umcutrecht.nl

met compressed sensing

Ian Zwaan Faculteit Wiskunde & Informatica Technische Univeriteit Eindhoven i.n.zwaan@tue.nl

Maatschappij Studiegroep Wiskunde met de Industrie 2015 Beeldreconstructie in MRI

Philips Healthcare is een van de grootste fabrikanten van MRI-scanners ter wereld en is geïnteresseerd in het gebruik van *compressed sensing*-technieken om MRI-scans te versnellen. Tijdens de Studieweek Wiskunde met de Industrie 2015 in Utrecht vroeg Philips of en hoe patiënt-specifieke informatie kan worden gebruikt om de compressed sensing-techniek optimaal toe te passen om MRI-scans te versnellen. In dit artikel geven Tristan van Leeuwen, Alessandro Sbrizzi en Ian Zwaan een kort overzicht van de wiskunde achter MRI-beeldvorming en compressed sensing en zetten uiteen hoe compressed sensing en MRI gecombineerd kunnen worden om reconstructie-algoritmen te ontwikkelen die eerder verworven patiënt-specifieke informatie gebruiken.

Magnetic resonance imaging (MRI) wordt gebruikt om een breed scala ziekten te diagnosticeren, waaronder multiple sclerose en kanker. Vergeleken met technieken die op röntgenstralen zijn gebaseerd, zoals een CT-scan, heeft MRI een aantal voordelen. Zo kan met MRI ook zacht weefsel goed in beeld worden gebracht en wordt de patiënt niet blootgesteld aan ioniserende straling. Helaas duurt een typische MRIscan vaak meer dan dertig minuten, in vergelijking met een paar minuten voor een CT-scan. Er wordt dan ook veel onderzoek gedaan om de scantijd van een MRI te verkorten. Huidige beeldreconstructietechnieken zijn gebaseerd op het samplingtheorema van Nyquist-Shannon [5], hetgeen voor MRI grofweg inhoudt dat het aantal metingen omgekeerd evenredig is met de resolutie in het kwadraat voor een tweedimensionaal beeld. Willen we een beeld met een twee keer zo hoge resolutie, moeten we dus vier keer zoveel metingen doen ofwel vier keer zo lang scannen. Dit hangt samen met wat we weten van lineaire algebra, als we $n_x \times n_y$ onbekenden (pixels in een tweedimensionaal beeld) willen bepalen, hebben we daarvoor minstens $n_x \times n_y$ metingen nodig.

Een vrij recente ontwikkeling op het gebied van signaalverwerking is *compressed sensing* (CS). Het idee is dat we n onbekenden kunnen bepalen uit slechts $C \log n$ metingen waarbij $C \ll n$ een constante die afhankelijk is van de structuur van het beeld. Zowel de oplossing als het meetproces moeten hiervoor aan bepaalde voorwaarden voldoen. In termen van lineaire algebra, vertelt CS dat we een onbepaald stelsel vergelijkingen *uniek* kunnen oplossen wanneer de bijbehorende matrix aan bepaalde voorwaarden voldoet en de oplossing een beperkt aantal niet-nullen bevat.

MRI-data-acquisitie en Fourier-reconstructie

Een MRI-scanner is feitelijk een grote magnetische spoel omringd met antennes, waarbinnen het magnetische en elektrische veld kunnen worden aangepast. Het beeldvormingsproces is gebaseerd op de elektromagnetische spin van waterstofatomen. Door een sterk magnetisch veld (typisch 1,5–3 Tesla) aan te zetten richten alle waterstofatomen zich parallel aan de magnetische veldlijnen. Vervolgens worden de spins met behulp van een radiogolf uit hun evenwichtspositie gebracht. Als de spins weer terugvallen in hun oorspronkelijke positie wordt de overtollige energie uitgezonden. Door de sterkte van dit signaal op verschillende punten te meten krijgen we een beeld van de verdeling van waterstofatomen in het weefsel. Door extra magneetvelden aan te leggen - de zogenaamde gradiëntvelden -- kan het proces worden gelokaliseerd zodat de spins in een bepaald gedeelte van het lichaam worden verstoord. Op die manier kunnen beelden van het gehele lichaam worden opgebouwd uit doorsneden. Een voorbeeld is te zien in Figuur 1. In dit artikel beperken we ons tot het reconstrueren van een enkele doorsnede in twee dimensies, u(x, y) met $x, y \in [0, 1]$. In de praktijk is ueen complexe functie, maar om de essentie van de methode te beschrijven kunnen we aannemen dat u een reële functie is. De transversale component u kan alleen indirect worden gemeten. Door de gradientvelden tijdens het scannen aan en uit te zetten, wordt feitelijk de Fourier-transformatie van u gemeten [6]. Omdat ugedefinieerd is op een eindig interval, kunnen we de metingen schrijven als de

discrete Fourier-coëfficiënten van u,

$$\hat{u}_{kl} = \int_0^1 \int_0^1 dx \, dy \, u(x, y) \, e^{i 2\pi (kx + ly)},$$

voor $k, l \in \mathbb{Z}$. Hierbij levert iedere meting één coëfficiënt \hat{u}_{kl} op. Om u exact te reconstrueren hebben we dus oneindig veel metingen nodig. In de praktijk worden slechts de coëfficiënten binnen een bepaalde bandbreedte -B < k, l < B gemeten (we kunnen immers niet oneindig lang blijven meten!), waardoor we slechts een $n_x \times n_y$ discrete representatie van de transversale magnetisatie $u_{ij} \equiv u \left(i / (n_x - 1), j / (n_y - 1) \right)$ met $0 \leq i < n_x$ en $0 \leq j < n_y$ kunnen reconstrueren. De onderlinge afstand tussen de punten in het 2D-rooster wordt ook resolutie genoemd. In dit geval spreken we dus van een $\frac{1}{n_x-1} \times \frac{1}{n_y-1}$ -resolutie. Voor een gegeven n_x, n_y , bepaalt het Nyquist-criterium [12] de waarde van B waarvoor een nauwkeurige reconstructie van u uit de metingen \hat{u}_{kl} mogelijk is.

We kunnen het beeldvormingsproces nu samenvatten als

$$\hat{\mathbf{u}} = F\mathbf{u},$$

(1)

waarbij $\mathbf{u} \in \mathbb{R}^n$, met $n = n_x \times n_y$, $\hat{\mathbf{u}} \in \mathbb{C}^n$, respectievelijk het beeld en de metingen zijn en $F \in \mathbb{C}^{n \times n}$ de tweedimensionale discrete Fourier-transformatie is. Door middel van het *Fast Fourier Transform*algoritme (FFT) [10] kan \mathbf{u} heel efficiënt worden berekend. Aangezien een MRI-scanner de Fouriercoëfficiënten slechts één voor één kan meten, schaalt de benodigde tijd kwadratisch met de vereiste resolutie. In de volgende paragraaf zullen we een alternatieve samplingstrategie bespreken die een gunstigere schaling belooft als **u** aan zekere voorwaarde voldoet.

Compressed sensing

In *compressed sensing* (CS) proberen we de oplossing van een onderbepaald stelsel vergelijkingen

$$A\mathbf{x} = \mathbf{b},\tag{2}$$

met *n* onbekenden en m < n vergelijkingen te vinden [9]. Het belangrijkste resultaat van CS is dat er een unieke oplossing gevonden kan worden als *A* aan bepaalde voorwaarden voldoet en x *ijl* is. Een vector x wordt *k*-ijl genoemd als er hooguit *k* elementen ongelijk aan 0 zijn.

Als we eisen dat iedere combinatie van 2k kolommen van A lineair onafhankelijk zijn, dan heeft het stelsel vergelijkingen een unieke k-ijle oplossing. Dit opmerkelijke resultaat is eenvoudig te bewijzen. Stel, we hebben een k-ijle oplossing \mathbf{x} . Voor elke andere k-ijle oplossingen \mathbf{x}' geldt nu dat $\mathbf{z} = \mathbf{x} - \mathbf{x}'$ ten hoogste 2k niet-nullen heeft en dat $A\mathbf{z} = 0$. Omdat elke 2k kolommen van A lineair onafhankelijk zijn, moet nu gelden dat $\mathbf{z} = 0$. Als voorbeeld nemen



Figuur 1 MRI-scan van het hoofd.

we de volgende matrix,

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 \end{pmatrix},$$

waarvan alle kolommen paarsgewijs lineair onafhankelijk zijn. Het bijbehorende stelsel vergelijkingen laat dus een unieke oplossing met één niet-nul toe.

Met bovenstaande kennis op zak lijkt het logisch om (2) in het algemeen op te lossen door de ijlste x te zoeken die aan de vergelijkingen voldoet. We kunnen dit formeel schrijven als een minimalisatieprobleem

$$\min \|\mathbf{x}\|_0 \quad \text{zo dat} \quad A\mathbf{x} = \mathbf{b}, \tag{3}$$

waar $\|\mathbf{x}\|_0$ het aantal niet nullen telt van x. In zekere zin is dit vergelijkbaar met de *pseudo-inverse* van *A*, die de oplossing geeft met de kleinste 2-norm.

Helaas is bovenstaand optimalisatieprobleem alleen op te lossen door alle mogelijkheden af te gaan en daardoor onbruikbaar voor de meeste praktische problemen. Bovendien zijn de oplossingen in de praktijk niet strikt ijl, maar laten zich vaak wel goed benaderen met een ijle oplossing. Daar komt nog bovenop dat de metingen doorgaans belast zijn met ruis en we de strikte eis dat A**x** = **b** dus liever willen loslaten.

Het is duidelijk dat compressed sensing in de praktijk iets anders aangepakt moet worden dan wat hierboven geschetst is. Allereerst hebben we een sterkere eis nodig voor A. Een matrix A voldoet aan de *k*-restricted isometry property (RIP) met constante δ_k als

$$(1 - \delta_k) \| \mathbf{x} \|_2^2 \le \| A \mathbf{x} \|_2^2 \le (1 + \delta_k) \| \mathbf{x} \|_2^2,$$

voor elke *k*-ijle vector **x**. In zekere zin meet δ_k het behoud van energie ofwel de afstand tot orthogonaliteit van elke verzameling van *k* of minder kolommen. Het is eenvoudig na te gaan dat elke 2k kolommen van *A* lineair onafhankelijk zijn als $\delta_{2k} < 1$.

Ten tweede vervangen we het combinatorische optimalisatieprobleem door het convexe probleem

$$\min \|\mathbf{x}\|_1 \quad \text{zo dat} \quad \|A\mathbf{x} - \mathbf{b}\|_2 \le \epsilon, \qquad (\mathsf{BP}_{\epsilon})$$

ook wel *basis pursuit denoising* genoemd. Omdat bovenstaand probleem convex is, zijn we niet langer beperkt tot het gebruik van combinatorische algoritmen en kunnen theorie en algoritmiek uit convexe optima-





lisatie gebruikt worden. Het is echter niet evident dat het oplossen van (BP_{ϵ}) tot een ijle oplossing leidt. Hiervoor is de volgende stelling van belang [7].

Stelling 1. Neem aan dat $\delta_{2k} < \sqrt{2} - 1$ en $\|A\mathbf{x} - \mathbf{b}\|_2 \le \epsilon$. De oplossing \mathbf{x}_* van (BP_ϵ) voldoet aan

$$\|\mathbf{x}_* - \mathbf{x}\|_2 \leq C_0 k^{-1/2} \|\mathbf{x} - \mathbf{x}_k\|_1 + C_1 \boldsymbol{\epsilon},$$

waar \mathbf{x}_k een k-ijle vector is die de k grootste elementen van \mathbf{x} bevat en C_0 en C_1 constanten afhankelijk van δ_{2k} zijn.

Hoewel C_0 en C_1 asymptotisch naar oneindig groeien wanneer δ_{2k} naar $\sqrt{2}-1$ gaat, zijn ze normaal gesproken vrij klein. Als bijvoorbeeld $\delta_{2k} = 0,2$ dan $C_0 \approx 4,2$ en $C_1 \approx 8,5$ [7]. Dit betekent dat wanneer de echte oplossing daadwerkelijk *k*-ijl is, we een benadering krijgen met $\|\mathbf{x}_* - \mathbf{x}\|_2 \le C_1 \epsilon$.

Het blijkt dat bepaalde stochastische matrices met een grote kans voldoen aan de RIP als

$$m \ge Ck \log\left(n/k\right) \tag{4}$$

voor verschillende constanten *C*. Een voorbeeld is een matrix waarvan de elementen onafhankelijk verdeeld zijn volgens een standaard normale verdeling. In de praktijk is het echter lastig om een meetproces te ontwerpen dat hieraan voldoet. Daarnaast is het doorgaans niet haalbaar om te controleren of een gegeven matrix *A* voldoet aan de RIP. Hierdoor kijkt men in de praktijk vaak naar een andere maat, namelijk de *coherence* [8]. De coherence van een matrix is gedefinieerd als het maximale (genormaliseerde) inproduct van de kolommen van *A*, oftewel

$$\mu(A) = \max_{i \neq j} \frac{\mathbf{a}_i^T \mathbf{a}_j}{\|a_i\|_2 \|a_j\|_2}$$

waarbij \mathbf{a}_i de *i*-de kolom van A is. In zeker zin geeft de coherence aan hoe goed $A^T A$ de identiteitsmatrix benadert; als $\mu = 0$ dan hebben we $A^T A = I$, als $\mu \ll 1$ dan is $A^T A$ diagonaal dominant.

De volgende stelling [11, Lemma 1.5] geeft inzicht in de relatie tussen de coherence en de RIP.

Stelling 2. Als de kolommen van A eenheidsvectoren zijn en de coherence $\mu = \mu(A)$, dan voldoet A aan de RIP van orde k met $\delta_k = (k-1) \mu$ voor alle $k < 1/\mu$.

Voor ons MRI-probleem betekent dit in combinatie met (4) dat het aantal benodigde meetpunten niet langer bepaald wordt door de resolutie, maar door de ijlheid van het signaal en de coherence van matrix *A*.

Reconstructie

We hebben nu gezien dat het MRI-beeldvormingsproces kan worden gemodelleerd met een Fourier-transformatie (1). Om de scantijd te reduceren, doen we m < n metingen. We kunnen dit modelleren als

$$\widehat{\mathbf{u}} = RF\mathbf{u},$$
 (5)

waar $R \in \{0,1\}^{m \times n}$ aangeeft welke samples in het Fourier-domein we meten. In Figuur 2 zien we een aantal mogelijke samplingstrategieën en de bijbehorende Fourier-reconstructie $\tilde{\mathbf{u}} = F^{-1}R^T\hat{\mathbf{u}}$. Het is duidelijk dat elk soort subsampling ofwel de resolutie verlaagt of leidt tot artefacten in de reconstructie. Om gebruik te kunnen maken van de resultaten van CS hebben we twee dingen nodig; een basis waarin het beeld \mathbf{u} kan worden weergeven met relatief weinig niet-nullen en een meetproces (een matrix) die een kleine mutual coherence heeft.

Wavelets

We kunnen niet verwachten dat een typisch MRI-beeld ijl is; de vraag is nu of we een basistransformatie kunnen vinden zodat het beeld in deze nieuwe basis wél ijl is. Als het beeld bijvoorbeeld continu is en langzaam varieert zouden we deze efficiënt kunnen weergeven met behulp van een discrete cosinustransformatie. Deze transformatie wordt gebruikt in de JPEG-standaard.



Figuur 3 Basisfuncties van de discrete cosinustransformatie (links) en de discrete Haar-wavelettransformatie (rechts) in één dimensie voor n = 16.

Een meer geavanceerde optie is de *wavelettransformatie*, onder andere gebruikt in de JPEG 2000-standaard [14]. De basisfuncties zijn in dit geval geschaalde en verschoven versies van een *moeder-wavelet*. Het idee is dat de *wavelets* het beeld herhaaldelijk opdelen in details en een achtergrond op steeds fijnere schaal. Als voorbeeld zien we basisfuncties van de cosinustransformatie en een wavelets in Figuur 3.



Figuur 4 (a) Wavelet-coefficienten van het MRI-beeld; (b) benadering van het MRI-beeld met 5 procent van de coefficienten in de cosinus- (links) en waveletbasis (rechts).

De benadering van het MRI-beeld met de k grootste coëfficiënten in zowel de cosinus- as waveletbasis is te zien in Figuur 4. Het is duidelijk dat wavelets een betere benadering geven voor een gelijk aantal coëfficiënten.

Coherentie en sampling

In plaats van \mathbf{u} direct te reconstrueren, gaan we opzoek naar coëfficiënten, \mathbf{x} , in het waveletdomein. Het ℓ_1 -reconstructieprobleem (BP_{ϵ}) schrijven we nu als

 $\min \|\mathbf{x}\|_1 \quad \text{zo dat} \quad \|RFW\mathbf{x} - \mathbf{b}\|_2 \le \epsilon, \quad (6)$

waarbij W de waveletbasis is. We verkrijgen het gereconstrueerde beeld door de oplossing terug te transformeren; $\mathbf{u} = W\mathbf{x}$. Voor het oplossen van zulke optimalisatieproblemen is een groot aantal standaard algoritmen beschikbaar [3, 4, 15].

$\mu = 0.62029$



Figuur 5 Mutual coherence van de matrices RFW en RFSW.

Om optimaal gebruik te maken van de mogelijkheden die CS ons biedt, willen we dat de matrix RFW een kleine coherence heeft en dat x zo ijl mogelijk is. In dit geval komt dat erop neer dat we willen dat de basis waarin we meten (Fourier-) ongecorreleerd is met de basis waarin het beeld ijl is (wavelets) [9]. Helaas zijn de Fourier- en waveletbasis sterk gecorreleerd voor lage frequenties. Een voorbeeld hiervan is te zien in Figuur 5. Een manier om deze coherentie te breken is door het meetproces aan te passen door een stochastische diagonaalmatrix S met waarden ± 1 op de diagonaal in te voeren: A = RFSW. Dit idee kan worden teruggeleid naar [2]. Zoals te zien in Figuur 5 is de coherence nu veel lager. In de praktijk komt zo'n modificatie van het meetproces neer op het (willekeurig) verstoren van de spins in de individuele voxels in de MRI-scanner; hetgeen niet haalbaar is.

Wat we wél kunnen proberen is op zoek gaan naar een betere basistransformatie, \overline{W} , en samplingmatrix, \overline{R} , zodat \overline{W}^T u zo ijl mogelijk is én $\overline{A} = \overline{R}F\overline{W}$ een zo klein mogelijke coherence heeft.

Een optimale basis en samplingstrategie

Het *ontwerpen* van de matrices \widetilde{R} en \widetilde{W} kan worden geformaliseerd als een optimalisatieprobleem. Uiteraard kunnen we niet meten hoe ijl het echte beeld is in de nieuwe basis, maar wellicht kunnen we een set representatieve beelden $\{\mathbf{u}_i\}_{i=0}^p$ gebruiken, bijvoorbeeld een eerdere scan van dezelfde patiënt of soortgelijke scans van andere patiënten. Formeel kunnen we het optimalisatieprobleem nu schrijven als







Figuur 6 Reconstructies met verschillende sampling matrices en dictionaries: (a) standaard uniforme sampling in het Fourier-domein en reconstructie in de waveletbasis; (b) niet-uniforme sampling in het Fourier-domein en reconstructie in de waveletbasis; (c) unfirme sampling in het Fourier-domein en een dictionary bestaande uit een lage-resolutie-versie van het beeld en de waveletbasis.

$$\min_{\overline{R},\overline{W}} \mu(\widetilde{R}F\widetilde{W}) + \alpha \sum_{i=0}^{p} \left\| \widetilde{W}^{T} \mathbf{u}_{i} \right\|_{1},$$

waarbij α een parameter is die de twee doelen tegen elkaar afweegt. Het voert te ver om hier te bespreken hoe dit optimalisatieprobleem kan worden opgelost, maar met een paar voorbeelden kunnen we laten zien dat er wel degelijk \widetilde{R} en \widetilde{W} bestaan die het beter doen dan de standaard keus. Een reconstructie met de standaard sampling en waveletbasis is te zien in Figuur 6(a). Het beeld is 256×256 pixels groot (dus $n = 256^2$) en we doen m = n/16 metingen. Het optimalisatieprobleem lossen we op in Matlab met het spgl1-algoritme [4].

Allereerst bekijken we de samplingstrategie. Het is duidelijk dat het weinig zin heeft uniform te samplen in het Fourierdomein; de energie is namelijk geconcentreerd rond de lage frequenties (zie bijvoorbeeld Figuur 2). Om hiervoor te compenseren kunnen we bijvoorbeeld een niet-uniforme sampling doen. Een theoretische onderbouwing voor dit soort sampling met bijbehorende bovengrenzen voor het aantal benodigde metingen is beschreven in [13]. Als we een set testbeelden hebben, kunnen deze gebruiken om te leren welke gebieden in het Fourier-domein het belangrijkst zijn en deze dichter samplen. In dit voorbeeld kiezen we de samplingdichtheid evenredig met de energie van het spectrum van het echte beeld. Het resultaat is te zien in Figuur 6(b). De reconstructie is duidelijk beter dan wanneer we uniform samplen.

Het vinden van een optimale basis \overline{W} voor een set beelden wordt ook wel *dictionary learning* genoemd. Een veelgebruikte techniek hier is *principal component analysis*, waar met behulp van bijvoorbeeld een singuliere-waarden-decompositie de gemeenschappelijke componenten van alle \mathbf{u}_i worden bepaald [1]. In dit voor-

beeld maken we een dictionary van een lage-resolutie-versie van het echte beeld en de waveletbasis, $\widetilde{W} = [W, \mathbf{v}]$, waarbij \mathbf{v} het genormaliseerde lage-resolutie-beeld is. We gebruiken hier standaard uniforme sampling. Het resultaat is te zien in Figuur 6(c). We zien dat dit resultaat bijna net zo goed is als het voorgaande resultaat met niet-uniforme sampling.

Het is te verwachten dat we nog betere resultaten kunnen krijgen als we de optimale basis combineren met een optimale sampling.

Conclusie

Het MRI-beeldreconstructieprobleem kan in essentie worden gemodelleerd als het terugvinden van een tweedimensionaal beeld uit een deelverzameling van de Fouriercoëfficiënten. Omdat de tijd die nodig is om een MRI-scan te doen evenredig is met het aantal metingen, willen we graag zo min mogelijk metingen doen en toch een bruikbaar beeld terugkrijgen. Gebruikmakend van recente resultaten op het gebied van compressed sensing kunnen we een onderbepaald stelsel vergelijkingen uniek oplossen als de bijbehorende matrix aan bepaalde eisen voldoet en wanneer de oplossing ijl is. Een manier om aan deze voorwaarden te voldoen is door een waveletbasis te gebruiken voor het beeld en de meetpunten in het Fourier-domein willekeurig te kiezen. Als we een set vergelijkbare beelden uit eerdere scans ter beschikking hebben, kunnen we zelfs een basis- en samplingstrategie ontwerpen die per patiënt in zekere zin optimaal is. *.....*

Referenties

- M. Aharon, M. Elad en A. Bruckstein, K-SVD: An algorithm for designing overcomplete dictionaries for sparse representation, *IEEE Transactions on Signal Processing* 54(11) (2006), 4311–4322.
- 2 Nir Ailon en Bernard Chazelle, The fast Johnson–Lindenstrauss transform and approximate nearest neighbors, *SIAM Journal on Computing* 39(1) (2009), 302–322.
- 3 Amir Beck en Marc Teboulle, A fast iterative shrinkage-thresholding algorithm for linear inverse problems, *SIAM Journal on Imaging Sciences* 2(1) (2009), 183–202.
- 4 Ewout van den Berg en Michael P. Friedlander, Probing the Pareto frontier for basis pursuit solutions, *SIAM Journal on Scientific Computing* 31(2) (2009), 890–912.
- 5 Ron Bracewell, *The Fourier Transform and its Applications*, McGraw-Hill, 1965.

- 6 Robert W. Brown, Y.-C. Norman Cheng, E. Mark Haacke, Michael R. Thompson en Ramesh Venkatesan, *Magnetic Resonance Imaging: Physical Principles and Sequence Design*, Wiley, 2014.
- 7 E.J. Candès, The restricted isometry property and its implications for compressed sensing, *Compte Rendus de l'Academie des Sciences* 346(1) (2008), 589–592.
- 8 E.J. Candès en J. Romberg, Sparsity and incoherence in compressive sampling, *Inverse Problems* 3 (2006), 969–985.
- 9 E.J. Candès en M. Wakin, An introduction to compressive sampling, *IEEE Signal Processing Magazine*, March 2008.
- 10 James W. Cooley en John W. Tukey, An algorithm for the machine calculation of complex fourier series, *Mathematics of Computation* 19(90) (1965), 297–301.

- 11 Mark A. Davenport, Marco F. Duarte, Yonina C. Eldar en Gitta Kutyniok, Introduction to compressed sensing, in *Compressed Sensing: Theory and Applications*, Chapter 1, Cambridge University Press, 2011.
- 12 Timothy G. Feeman, *Mathematics of Medical Imaging*. Springer, 2015.
- 13 Felix Krahmer en Rachel Ward, Stable and robust sampling strategies for compressive imaging, *IEEE Transactions on Image Processing* 23(2) (2014), 612–622.
- 14 Stphane Mallat, A Wavelet Tour of Signal Processing: The Sparse Way, Academic Press, 3rd edition, 2008.
- 15 Joel A. Tropp en Stephen J. Wright, Computational methods for sparse solution of linear inverse problems, *Proceedings of the IEEE* 98(6) (2010), 948–958.