

基于随机采样的超高分辨率成像中快速压缩感知分析

王中阳¹, 周燕飞^{1,3}, 张小伟^{1,2}, 沈灏¹, 李恩荣⁴, 韩申生⁴, 宓现强¹, 田立君³, 彭玉峰²

(1. 中国科学院上海高等研究院, 上海 201210; 2. 河南师范大学 电子与电气工程学院, 河南 新乡 453007; 3. 上海大学 物理系, 上海 200444; 4. 中国科学院上海光学精密机械研究所, 上海 201800)

摘要: 随着近年来超分辨成像技术的发展, 基于单分子拟合的超分辨成像方法能够实现纳米尺度的空间分辨率, 但这种方法的耗时较长, 时间分辨率较差。成像重构时间较长主要受制于成像过程中每帧图像较低的荧光分子密度, 所以需要足够多的采样帧数来重构一张图像。文中提出一种利用随机采样的快速压缩感知算法, 结合分块压缩感知重构算法, 最终能够在高分子密度的条件下获得较快的重构速度及较高的定位精度。

关键词: 压缩感知; 超分辨率成像; 随机采样

中图分类号: Q334 **文献标志码:** A **DOI:** 10.3788/IRLA201746.0201002

Fast compressed sensing analysis for super-resolution imaging using random sampling operator

Wang Zhongyang¹, Zhou Yanfei^{1,3}, Zhang Xiaowei^{1,2}, Shen Hao¹, Li Enrong⁴, Han Shensheng⁴,
Mi Xianqiang¹, Tian Lijun³, Peng Yufeng²

(1. Shanghai Advanced Research Institute, Chinese Academy of Sciences, Shanghai 201210, China;

2. College of Electronics and Electronic Engineering, Henan Normal University, Xinxiang 453007, China;

3. Department of Physics, Shanghai University, Shanghai 200444, China;

4. Shanghai Institute of Optics and Fine Mechanics, Chinese Academy of Sciences, Shanghai 201800, China)

Abstract: Single molecule fitting-based super-resolution imaging methods achieve nanoscale image resolution but suffer from a long time resolution. The long acquisition time is limited by the low molecule density of fluorescent molecules that can be localized per imaging frame. In this paper, a fast compressed sensing method was proposed to use random sampling operator, together with the block compressed sensing reconstruction method, have a good performance of localization accuracy under high molecular density and reconstruction speed.

Key words: compressed sensing; super-resolution imaging; random sampling operator

收稿日期: 2016-06-05; 修订日期: 2016-07-15

基金项目: 国家重点研发计划(Y615852B01); 上海市科委项目(Y431561D01, Y4340P1D02)

作者简介: 王中阳(1969-), 男, 研究员, 主要从事超分辨荧光成像和光存储技术、纳米结构量子器件和能量转移转换机制方面的研究。Email: wangzy@sari.ac.cn

通讯作者: 沈灏(1985-), 男, 助理研究员, 工程师, 主要从事光学超分辨荧光成像、太赫兹成像、压缩感知技术等领域的研究。

Email: shenh@sari.ac.cn; shenhao@bocom.cn

韩申生(1978-), 男, 研究员, 博士, 主要从事强耦合等离子体物理、X 光强度关联衍射成像及量子成像等前沿科学领域内的研究。Email: sshan@mail.shcnc.ac.cn

0 引言

在过去的几年里,光学超高分辨率成像技术由于打破了衍射极限的限制,迅速成为研究纳米尺度物质的重要研究手段。根据其原理可以主要分为两种:第一种是基于空间光调制技术使得激发光斑受限,包括受激发射倒空技术(Stimulated Emission Depletion, STED)^[1-2]和相关的可逆饱和光学荧光转换技术(Reversible Saturable Optical Fluorescence Transitions, RESOLFT)^[3],饱和结构照明显微技术(Saturable Structured Illumination Microscopy, SSIM)^[4-5];第二种是基于光控开关及单分子荧光的高精度定位,如随机光学重构显微镜(Stochastic Optical Reconstruction Microscopy, STORM)^[6]及光敏化定位显微成像(Fluorescent Photoactivated Localization Microscopy, fPALM)^[7-8]。其中,STORM 技术因为其光激发强度较小,光毒性弱等优势,在生物细胞^[9]、神经生物学^[10-11]、微生物^[12]等方向的研究上被广泛运用。鉴于 STORM 技术的巨大价值和应用前景,围绕着 STORM 技术的生物学应用和技术不断完善,国内许多机构也纷纷开展了相关研究^[13-14]。

STORM 技术超高空间分辨率的能力主要依赖于极高的单分子定位精度,即在采集图像时,对应每一帧图像只能激活少量荧光分子。因此,为了收集足够多的光子数来重构一幅完整的超高分辨率图像,通常需要几千帧的采样数,导致采样效率被约束,采样耗时长。另一方面,在图像重构时所使用的单分子拟合(Single Molecule Fitting, SMF)^[15-16]方法通常也需要几分钟至几十分钟(针对不同的样品甚至需要几小时)方能得到一幅高分辨图像。这对生物活细胞的实时动态成像观察及研究来说是远远不够的。

提高 STORM 技术的成像速度主要有两种解决途径:一种途径是在同等采样帧数下,通过增大激发光的强度、缩短荧光染料的光开关时间、使用更加快速的探测器等优化传统 STORM 系统的方式加快采样率,从而达到加快成像速度的目的。需要注意的是,较高的激发光强度会增加对活细胞的光损伤^[17],不利于对生物样品活性功能的观察。这种对 STORM 系统的优化方式并没有减少采样数,不能提高基于传统单分子拟合的图像重构速度,对整个成像过程

的速度提升是有限的。另一种可以提高时间分辨率的方式是减少图像重构所需的采样帧数。这就需要增大荧光分子的激发密度,使每一帧图像定位更多个分子位置从而减少采样帧数,但这种方法会产生更多的分子重叠,传统单分子拟合定位算法便不再适用。在此背景下发展起来的多分子拟合算法虽然可以提高荧光分子的定位精度,但是在图像重构速度方面还是较慢。这就亟需发展一种适用在高荧光分子激发密度条件下的高定位精度拟合算法来进一步减少采样帧数,实现更快速的 STORM 成像。

近年来研究者们已经提出许多能够解决高荧光分子密度成像下分子重叠问题的方法,包括多分子拟合(Multiple Molecules Fitting, MMF)的方法如 DAOSTORM^[18], Thunder STORM^[19], 贝叶斯统计(Bayesian Statistics)^[20], 和压缩感知(Compressed Sensing, CS)^[21]。2013 年提出的基于压缩感知重建技术的 CS-STORM^[21]在定位精度方面相较于传统算法有了较大的提高,大大减少了图像采集帧数。CS 使用 MATLAB 的 CVX 算法包^[21-22]基于内点法,这种算法的计算量大,耗时长,致使得得到一副正常尺寸大小的超分辨图像需要几天的时间。在此基础上提出来的 LIH 算法^[23]能够在不牺牲空间分辨率的同时使得图片处理时间降低 300 倍左右,但仍不足以满足对活细胞动态成像的要求。用级联算法(Cascading Algorithm, CSR)^[24]替代现有的 CS-STORM 算法,能够得到比 LIH 更好的重构质量和分辨率,但对于时间分辨率的提升,仍需优化。

1 文中算法的思想及步骤

文中将展示用基于随机采样的快速 CS 方法来分析处理高分子密度的图像。在前面提到的一系列 CS 工作^[21, 23-24]中,光学点扩散函数(Point-Spread-Function, PSF)作为采样算子,与相机拍摄的图片卷积后得到超分辨率的图像。与基于 PSF 的采样算子相比,随机采样矩阵更好地满足 CS 限制等距性质(Restricted Isometry Property, RIP)的限制,可以进一步减少采样次数并实现更好的重构效果。关于随机采样算子的概念及设计在之前的成像应用工作^[25-26]中已经提出。此外,分块 CS 重构方法相较于内点法,在重构图像耗时上将会有几个数量级上的提高。

CS 在信号分析和图像处理^[27-28]等诸多领域中已经展现了其优势。若原始信号是稀疏的,CS 能够在高背景噪声的数据中准确地重构信号。在一些基于随机光开关技术的超分辨成像方法如 STORM 中,相机采集到的低分辨率图像就满足这种特性。对一幅 N 个像素的图像,用 x 表示其矢量形式,则压缩图像的过程可表示为^[29]:

$$y_{M \times 1} = A_{M \times N} x_{M \times 1} + n_{M \times 1} \quad (1)$$

式中: y 表示测量到的信号,其长度是 $M(M \ll N)$; A 相当于 $M \times N$ 的采样算子(或称测量矩阵); n 表示测量中的噪声。

采样算子 A 的设计和实施是 CS 的关键,它并非是在以前的 CS-STORM 中使用的基于 PSF 的采样算子,而是一个随机投影^[30]算子。测量矩阵为了实现这种随机的测量矩阵,可以在物平面和物镜之间或物镜与 STORM 系统的相机之间插入一个相位板,由此得到的物平面的图像是该面上各个点光源形成的散斑场图像而非原 CS-STORM 中得到的艾里斑。对散斑场进行定标之后,随机矩阵可以通过与现有的 CS-STORM 相同的程序构建得到。文中提出的方案的优势在于,散斑场(即测量矩阵)是由相位板的相位分布所决定的^[31],故而有可能设计并实现更优的测量矩阵以使系统的性能达到最佳状态。该研究的主要目的在于阐述一种新的 STORM 方法,所以下面将采用已经被广泛研究并在 CS 相关的研究工作中使用的简单的高斯随机矩阵作为测量矩阵。

CS 的另外一个关键是重构算法。目前,测量得到的超分辨率图像太大,难以用 CS 快速重构出来。这里介绍一个可以快速成像的分块 CS^[32]的概念,并提供对应于较大图像尺寸的重构的算法。在分块 CS 中,图像被分成多个小块处理,每一块的大小均为 $B \times B$,用相同的算子进行采样。则公式(1)可以写为

$$y_i = A_B x_i \quad (2)$$

式中: x_i 为通过光栅扫描处理后的第 i 个小块的矢量信号; A_B 为一个 $M_B \times B^2$ 分块对角化的 i.i.d 高斯矩阵,其中的 $M_B = \frac{M \times B^2}{N}$ ^[33]。对整幅图像,采样算子 A 是一个分块的对角矩阵:

$$\begin{matrix} M \times B^2 \\ N \end{matrix} \quad (3)$$

这种情况下只需要存储 $M_B \times B^2$ 大小的数据用于

重构,而非原来完整的 $M \times N$ 矩阵。

分块 CS 不仅提供了一种简单的采样算子,它还能够快速的得到 x 的初始解。最小均方误差(Minimum Mean Square Error, MMSE)线性估计算法在分块 CS 算法中已经有了相关的研究。需要注意的是,CS 是非线性重构^[30]。然而,这样的非线性算法如最小全变分算法 (Total Variation Minimization, TV-min)优化是非常费时的。为了与测量速度相匹配,采用 MMSE 线性估计^[34]作为初始解,其中 x 的自相关矩阵遵循 1 阶自回归模型,自相关系数 $\rho=0.95$ ^[32]。每一个小块均使用相同的算法被独立地重构解出。

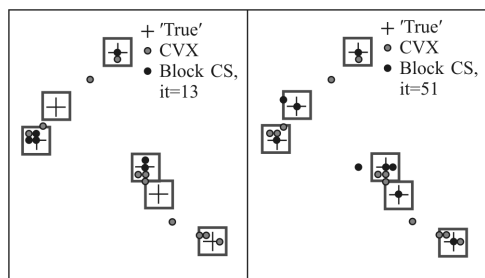
2 算法的评估

为了评估文中所提出的 CS-STORM 方法,生成一个 32 pixel×32 pixel 的图像,其中的分子“真实”位置与参考文献[16]中相同,均是已知的。单个像素的尺寸大小是 166 nm,与常规 STORM 相机测量的像素值大小基本相同。选用 8×8 的像素矩阵块重构相机中的一个像素,即每一个像素的尺寸约为 21 nm。在下面的模拟中将直接使用此测量矩阵。

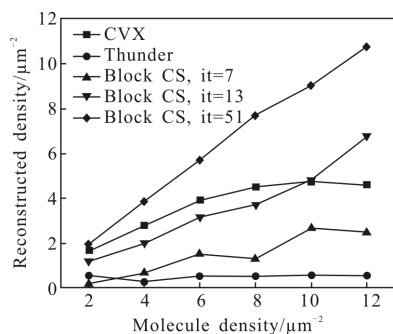
图 1(a)为对相机采集的单帧图像用两种不同 CS 算法重构后的图像,这两种重构算法分别是内点法(CVX)及分块 CS,图像中的分子密度为 $6 \mu\text{m}^{-2}$ 。在“真实”位置附近设置了一个 5×5 个像素大小的区域(如图 1(a)中的绿色矩形所示)来鉴别图像中的荧光点是否被成功重构。绿色矩形框内点的个数代表图像的重构分子密度,包括本应被重构却被“遗漏”的点以及本不存在却重构出来的“错误”点均在重构分子密度的计数内。多数荧光分子都能够在它们“真实”的位置上被精确地重构出来,只有少数的几个点不能被 CVX 方法重构出来。分块 CS 重构图像的质量与迭代次数(iteration times, it)如采样率相关。增大迭代次数后重构的图像质量更佳(基本上能够重构所有“真实”位置的点,“遗漏”的点和“错误”的点显著减少)。根据不同的实际需求可以在迭代次数(采样率)和重构质量(可接受的图像质量)之间找到一个平衡点。如图 1(b)所示,为了定量分析分块 CS 的重构效果,文中对比了在在不同分子密度下 Thunder STORM, CVX 和分块 CS 的重构密度和定位误差。在这些方法中,分块 CS 能够重构的分子密度上限最

高, 达到 $12 \mu\text{m}^{-2}$, 而 CVX 能够达到 $8 \mu\text{m}^{-2}$, Thunder STORM 只能在分子密度小于 $2 \mu\text{m}^{-2}$ 时才能够重构图

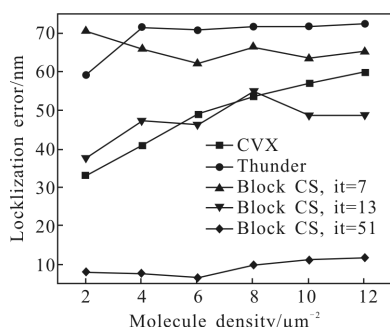
像。这种方法具有较高的荧光获取效率, 在图 1(c)中可以看出, 其定位误差非常小。从图中也可以看出分块 CS 能够在非常高的分子密度情况下工作且定位精度高。为了进一步确定对一整幅超分辨图像的重构质量和重构时间, 下面用不同的 STORM 重构算法对一系列不同分子密度的 256×256 像素图片进行重构。图 2 为 SMF 算法 (Quick Palm), MMF 算法 (Thunder STORM), CVX 以及分块 CS 重构图像的对比如。与相机直接拍摄到的图片图 2(b)相比, 所有不同算法重构得到的图片都表现出了一定的超分辨能力。此外, 由于 CS 能够从高噪声的背景中准确地重构出信号, 故基于 CS 的算法重构出的图像相比其他重构算法具有更高的分辨率。需要特别指出的一点是, 由于分块 CS 方法使用相位板改变了原始的光源投影, 所以相机拍摄得到的图片为散斑图像而不再与图 2(b)相似。由分块 CS 重建过后的图 2(f)和(g)看出, 分块 CS 能够在最高的分子密度下用最少的图像重构出较好的图像或者说分块 CS 具有最佳的重构质量。图 2(h)中计算了所选区域(图中的黄色线条)处的半峰全宽 (Full Width Half Maximum, FWHM)从而比较不同算法重构图像的空间分辨率。



(a) 分子密度约为 $6 \mu\text{m}^{-2}$ 时 CVX 与分块 CS 重构图像的比较
(a) Comparison of reconstructed images by using CVX and the block CS at the molecule density of $6 \mu\text{m}^{-2}$



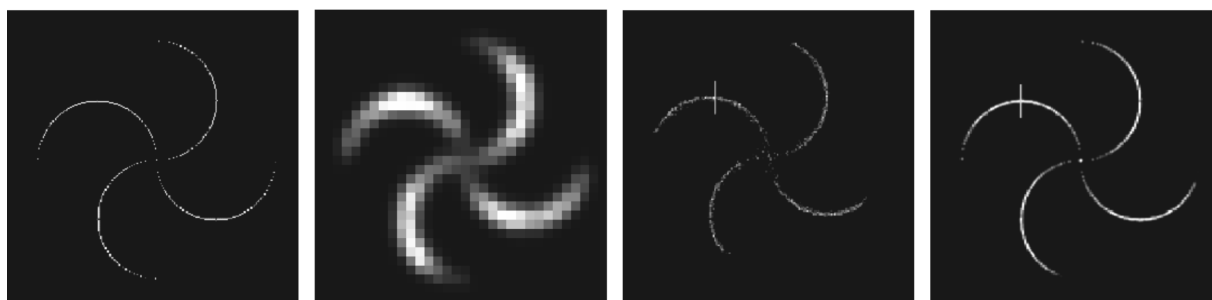
(b) 不同分子密度下多分子拟合, CVX 及分块 CS 的重构密度对比图
(b) Reconstructed density as a function of molecule density for a multiple molecules fitting algorithm, CVX and the block CS



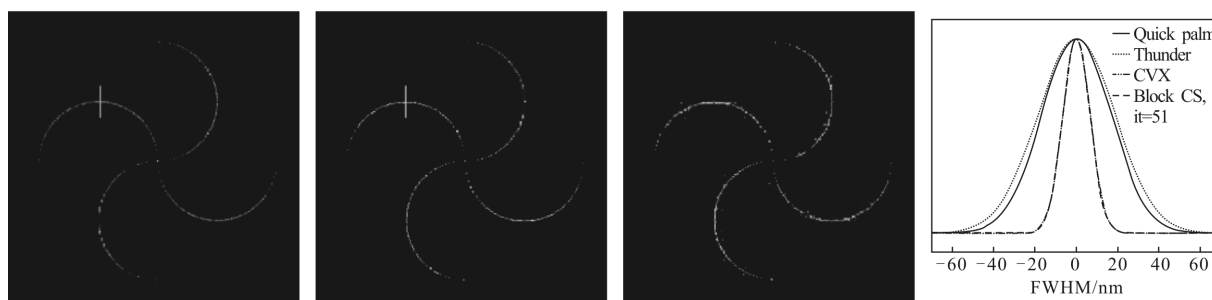
(c) 图为(b)中各算法在不同分子密度下的定位误差
(c) Localization error for each algorithm labeled as in panel (b)
图 1 CVX, ThunderSTORM, 不同迭代次数的分块 CS 在不同分子密度下的重构密度和定位误差的比较

Fig.1 Comparison of the reconstructed density and localization error derived from CVX, ThunderSTORM, and the block CS with different iteration times

表 1 列出了上述各算法对 256×256 图像重构效果的性能对比结果。SMF 和 MMF 算法需要在较低的激发密度 ($0.5 \mu\text{m}^{-2}$) 下才能够重构图像, 也就意味着这些算法需要更多帧图像才能够得到一幅超分辨图像。与此相反, 基于 CS 的算法在高激发密度的情况下重构质量依然较好, 故需要采集的图像极少(只需要几十帧图像)。虽然 CVX 算法的重构质量较好, 但是这种方法重构一整幅图像耗时长达 5.98 h。L1H 算法能够提升重构速度^[23], 但处理一幅图像仍需要几分钟的时间。在这些算法中, 当迭代次数足够时, 分块 CS 的信噪比 (Signal to Noise Ratio, SNR) 最佳, 均方根误差 (Root Mean Square Error, RMSE) 最小。此外, 这种算法可以在最高的激发密度下用最少的图片重构出理想的超分辨图像。这种方法简化了采样算子, 利用 MMSE 线性估计跟上采样速度, 在几秒钟之内重构出一幅高质量的图像, 比现有 CS-STORM 方法提高上千倍 (软硬件规格: 英特尔酷睿 i5-4200H, CPU: 2.80 GHz; 8GB 内存; MATLAB: R2014a)。



(a) 模拟中使用的荧光分子的“真实”位置 (b) STORM 成像过程中的单帧图像 (c) 用 Quick Palm 方法重构的图像 (d) 用 ThunderSTORM 方法重构的图像
 (a) "True" locations of the molecules used for the simulation (b) A single frame of the STORM imaging (c) Reconstructed image using Quick Palm (d) Reconstructed image using ThunderSTORM



(e) 分子密度为 $10 \mu\text{m}^{-2}$ 时 CVX 方法的重构结果 (f) 分子密度为 $10 \mu\text{m}^{-2}$ 时分块 CS 重构得到的图像 (g) 分子密度为 $13 \mu\text{m}^{-2}$ 时分块 CS 重构得到的图像 (h) 不同重构算法空间分辨率的 FWHM
 (e) Reconstructed image using CVX at the molecule density of $10 \mu\text{m}^{-2}$ (f) Reconstructed image using the block CS algorithm at the molecule density of $10 \mu\text{m}^{-2}$ (g) Reconstructed image using the block CS algorithm at the molecule density of $13 \mu\text{m}^{-2}$ (h) FWHM of the spatial resolution using different reconstruction algorithms

图 2 不同算法对 STORM 数据重构结果的比较

Fig.2 Comparison of reconstructed image using different algorithms on simulated STORM data

表 1 重构性能对比

Tab.1 Comparison of reconstruction performances

	PSNR /dB	RMSE	FWHM /nm	Density / μm^{-2}	Time	Frame
Quick Palm	14.02	0.56	39.9	0.5	6 s	1000
Thunder STORM	16.17	1.22	44.5	0.5	149 s	1 000
CVX	17.25	0.81	15.8	10	5.98 h	45
Block CS (it=51)	20.9	0.35	13.9	10	7.48 s	306
Block CS (it=32)	26.08	0.24	16.6	13	1.24 s	32

3 结论

采用随机采样算子的快速 CS 方法能够在高分

子密度的条件下重构出超分辨图像，进而显著减少重构一幅超分辨图像所需的采样次数。结合分块 CS 算法可进一步提高 STORM 及相关超分辨成像方法的时间分辨率。这一改进使得相关技术在活细胞的动力学研究中有广泛的应用前景。

实验的实现还需要在后续的研究中解决一些实际问题，例如如何将相位板放置到成像系统中，怎样在显微镜中设置硬件以实现独立地分块采样等。实现这样一个随机测量矩阵的实验有两种方式，一种是将相位板放置在 STORM 系统的物平面与物镜之间，这种方式需要在盖玻片上设计并制造出特定的相位板，否则在实验中较难实现。另一种方式是将相位板放置在物镜和 CCD 之间。用点光源定标之后（这一步骤将提供点光源的精确位置信息和相对应的散斑场信息）相位板便开始在实验中发挥作用。

文中的主要工作在于阐述基本概念，对一些技

术细节包括相位板 M (或测量矩阵 A)的可能结构未做深入讨论。这里所讨论使用的随机测量矩阵为矩阵优化的基础,并非 CS 理论^[29]中唯一或最好的选择。在测量矩阵的设计过程中不必直接对 A 或 M 加随机性的限制,而可用诸如相干最小化^[35-36]和由 PSF 矩阵 H 对矩阵 M 的进行优化,从而直接得到最优的矩阵 M 。在之前的研究中笔者也已把随机生成的测量矩阵成功地在实验中通过相位板实现^[37]。采集图像的过程是由散斑场所控制的,而散斑场原则上在不违反光学成像规律的范围内可以被设计成任意形式,所以同样也有充足的理由相信实验中独立分块是可实现的。

参考文献:

[1] Hell S W, Wichmann J. Breaking the diffraction resolution limit by stimulated emission: stimulated-emission-depletion fluorescence microscopy [J]. *Optics Letters*, 1994, 19(11): 780-782.

[2] Klar T A, Hell S W. Subdiffraction resolution in far-field fluorescence microscopy [J]. *Optics Letters*, 1999, 24(14): 954-956.

[3] Hofmann W, Gawronski B, Gschwendner T, et al. A meta-analysis on the correlation between the Implicit Association Test and explicit self-report measures [J]. *Personality and Social Psychology Bulletin*, 2005, 31(10): 1369-1385.

[4] Gustafsson F, Gunnarsson F, Bergman N, et al. Particle filters for positioning, navigation, and tracking [J]. *IEEE Transactions on Signal Processing*, 2002, 50(2): 425-437.

[5] Heintzmann R, Jovin T M, Cremer C. Saturated patterned excitation microscopy—a concept for optical resolution improvement[J]. *JOSA A*, 2002, 19(8): 1599-1609.

[6] Rust M J, Bates M, Zhuang X. Sub-diffraction-limit imaging by stochastic optical reconstruction microscopy (STORM)[J]. *Nature Methods*, 2006, 3(10): 793-796.

[7] Betzig E, Patterson G H, Sougrat R, et al. Imaging intracellular fluorescent proteins at nanometer resolution [J]. *Science*, 2006, 313(5793): 1642-1645.

[8] Hess S T, Girirajan T P K, Mason M D. Ultra-high resolution imaging by fluorescence photoactivation localization microscopy [J]. *Biophysical Journal*, 2006, 91(11): 4258-4272.

[9] Bates M, Huang B, Dempsey G T, et al. Multicolor super-resolution imaging with photo-switchable fluorescent probes [J]. *Science*, 2007, 317(5845): 1749-1753.

[10] Dani A, Huang B, Bergan J, et al. Superresolution imaging of chemical synapses in the brain [J]. *Neuron*, 2010, 68(5): 843-856.

[11] Xu K, Zhong G, Zhuang X. Actin, spectrin, and associated proteins form a periodic cytoskeletal structure in axons [J]. *Science*, 2013, 339(6118): 452-456.

[12] Wang W, Li G W, Chen C, et al. Chromosome organization by a nucleoid-associated protein in live bacteria [J]. *Science*, 2011, 333(6048): 1445-1449.

[13] Chen D, Yu B, Qu J, et al. Background suppression by axially selective activation in single-molecule localization microscopy[J]. *Optics Letters*, 2010, 35(6): 886-888.

[14] Zhang Shichao, Li Simin, Yang Guang, et al. Optimization of single molecules axial localization precision in 3D stochastic optical reconstruction microscopy [J]. *Acta Photonica Sinica*, 2015, 44(10): 1-6.

张世超, 李思弮, 杨光, 等. 3D-STORM 超分辨成像中单分子轴向定位精度优化研究 [J]. *光子学报*, 2015, 44(10): 1-6.

[15] Huang B, Babcock H, Zhuang X. Breaking the diffraction barrier: super-resolution imaging of cells[J]. *Cell*, 2010, 143(7): 1047-1058.

[16] Hell S W. Far-field optical nanoscopy [J]. *Science*, 2007, 316(5828): 1153-1158.

[17] Jones S A, Shim S H, He J, et al. Fast, three-dimensional super-resolution imaging of live cells [J]. *Nature Methods*, 2011, 8(6): 499-505.

[18] Daostorm S S. DAOSTORM: an algorithm for high-density super-resolution microscopy[J]. *Nat Methods*, 2011, 8: 279.

[19] Ovesny M, Krízek P, Borkovec J, et al. ThunderSTORM: a comprehensive ImageJ plug-in for PALM and STORM data analysis and super-resolution imaging [J]. *Bioinformatics*, 2014, 30(16): 2389-2390.

[20] Quan T, Zhu H, Liu X, et al. High-density localization of active molecules using Structured Sparse Model and Bayesian Information Criterion [J]. *Optics Express*, 2011, 19(18): 16963-16974.

[21] Zhu L, Zhang W, Elnatan D, et al. Faster STORM using compressed sensing[J]. *Nature Methods*, 2012, 9(7): 721-723.

[22] Grant M, Boyd S. CVX: Matlab software for disciplined convex programming", 2011 version 1.21. [DB/OL]. <http://cvxr.com/cvx>.

[23] Babcock H P, Moffitt J R, Cao Y, et al. Fast compressed

- sensing analysis for super-resolution imaging using L1 - homotopy[J]. *Optics Express*, 2013, 21(23): 28583-28596.
- [24] Du Y, Zhang H, Zhao M, et al. Faster super-resolution imaging of high density molecules via a cascading algorithm based on compressed sensing [J]. *Optics Express*, 2015, 23(14): 18563-18576.
- [25] Shen H, Gan L, Newman N, et al. Spinning disk for compressive imaging[J]. *Optics Letters*, 2012, 37(1): 46-48.
- [26] Wu J, Shen X, Hu Y, et al. Snapshot compressive imaging by phase modulation [J]. *Acta Photonica Sinica*, 2014, 34(10): 1011005.
- [27] Candès E J, Romberg J, Tao T. Robust uncertainty principles: Exact signal reconstruction from highly incomplete frequency information[J]. *IEEE Transactions on Information Theory*, 2006, 52(2): 489-509.
- [28] Zhu L, Lee L, Ma Y, et al. Using total-variation regularization for intensity modulated radiation therapy inverse planning with field-specific numbers of segments[J]. *Physics in Medicine and Biology*, 2008, 53(23): 6653.
- [29] Neifeld M A, Ke J. Optical architectures for compressive imaging[J]. *Applied Optics*, 2007, 46(22): 5293-5303.
- [30] Donoho D L. Compressed sensing[J]. *IEEE Transactions on Information Theory*, 2006, 52(4): 1289-1306.
- [31] Fienup J R. Phase retrieval algorithms: a comparison[J]. *Applied Optics*, 1982, 21(15): 2758-2769.
- [32] Gan L. Block compressed sensing of natural images [C]//2007 15th International conference on digital signal processing, IEEE, 2007: 403-406.
- [33] Candes E J, Romberg J K. Signal recovery from random projections [C]//Electronic Imaging 2005, International Society for Optics and Photonics, 2005: 76-86.
- [34] Haykin S. Adaptive Filter Theory [M]. 3rd ed. NJ: Prentice-Hall, 1996.
- [35] Duarte M F, Eldar Y C. Structured compressed sensing: From theory to applications [J]. *IEEE Transactions on Signal Processing*, 2011, 59(9): 4053-4085.
- [36] Xu X, Li E, Shen X, et al. Optimization of speckle patterns in ghost imaging via sparse constraints by mutual coherence minimization[J]. *Chinese Optics Letters*, 2015, 13(7): 071101.
- [37] Liu Z, Tan S, Wu J, et al. Spectral camera based on ghost imaging via sparsity constraints [J]. *Scientific Reports*, 2016, 6: 25718.