Deloppgave 3

Gruppe 1

11/26/2020

#options(kableExtra.auto\_format = FALSE)  
# Last inn datapakker  
library(tidyverse) # Laster inn de ulike pakkene som blir brukt i prosjektet  
library(readr)  
library(rstatix)  
library(flextable)  
library(grid)  
library(gridExtra)  
library(kableExtra)  
  
  
# Last ned datafilen  
download.file(url = "https://ndownloader.figstatic.com/files/14702420",   
 destfile = "./data/hypertrophy.csv") # Laster ned datafilen.  
  
hypertrophy <- read\_csv("./data/hypertrophy.csv") # Laster inn datafilen og kobler den til objektet hypertrophy.  
  
  
# Velger ut interessante variabler  
var\_interest <- c("SUB\_ID", "GROUP", "AGE", "T1\_BODY\_MASS", "PERCENT\_TYPE\_II\_T1",   
 "Squat\_3RM\_kg", "DXA\_LBM\_1", "DXA\_FM\_T1", "SQUAT\_VOLUME") # Plukker ut hvilke variabler vi er interesserte i å ha med og lagrer de i var\_interest.  
  
tabell1 <- hypertrophy %>% # Kobler datasettet hypetrophy til objektet hyptable slik at vi kan lage en tabell uten å påvirke hypertrophy datasettet.  
   
 select(all\_of(var\_interest)) %>% # Selekterer variablene fra var\_interest.  
   
   
 # Denne delen spesifiserer hvilke verdier vi vil ha med og komprimerer datasettet.  
 # Navnene kommer inn i "variable" og verdier inn i "value".  
 pivot\_longer(names\_to = "variable",  
 values\_to = "value",  
 cols = AGE:SQUAT\_VOLUME) %>%  
 group\_by(variable) %>%  
 summarise (m = mean(value),  
 s = sd(value)) %>% #Regner ut gjennomsnittet og standardavviket.  
   
 mutate(ms = paste(round(m, 1),   
 " (",  
 round(s, 1),  
 ")", sep = ""), # Denne delen gjør at standardavviket havner i en parantes  
 # med en desimal.  
 variable = factor(variable,   
 levels = c("AGE", # Bestemmer rekkefølgen i tabellen  
 "T1\_BODY\_MASS",   
 "DXA\_LBM\_1",   
 "DXA\_FM\_T1",   
 "PERCENT\_TYPE\_II\_T1",   
 "Squat\_3RM\_kg",   
 "SQUAT\_VOLUME"),   
 labels = c("Alder (år)", # Bestemmer navnene på variablene  
 "Kroppsvekt (kg)",   
 "DXA LST (kg)",   
 "DXA FM (kg)",   
 "Type II Fiber (%)",   
 "3RM knebøy (kg)",   
 "Totalt treningsvolum (kg) fra uke 1 til 6"))) %>%  
 select(-m, -s) %>% # Selekterer vekk gjennomsnittet og standardavviket  
 arrange(variable) # Sorterer tabellen med utgangspunkt i variablene  
  
tabell1 %>%  
 kable(col.names = c("Variabel", ""),  
 caption = "Tabell 1: Forsøkspersonene ved pre-test. Verdiene er oppgitt i gjennomsnitt og (standardavvik)") %>%  
 kable\_styling(latex\_options = "striped")

Tabell 1: Forsøkspersonene ved pre-test. Verdiene er oppgitt i gjennomsnitt og (standardavvik)

Variabel

Alder (år)

21.4 (2.1)

Kroppsvekt (kg)

82.9 (11.5)

DXA LST (kg)

64.7 (9)

DXA FM (kg)

14.9 (4.2)

Type II Fiber (%)

55.2 (14.3)

3RM knebøy (kg)

131.3 (19.5)

Totalt treningsvolum (kg) fra uke 1 til 6

107473.5 (16596.6)

# kable\_styling()  
  
  
  
  
  
  
  
  
tabell1 %>% # Bruker objektet hyptable til å lage tabellen  
   
 flextable() %>% #Lag tabell med Flextable  
   
 set\_header\_labels(variable = "Variabel",  
 ms = "") %>%   
   
 add\_header\_row(values = "Tabell 1", colwidths = 2) %>% # Angir tittel på tabellen  
   
 add\_footer\_row(values = "Verdier er oppgitt i gjennomsnitt og (Standardavvik)", colwidths = 2) %>% #Angir en fotnote med beskrivelse av tabellen.  
   
 autofit() %>% #Gjør tabellen penere  
 fontsize(part = "header", size = 12)

| Tabell 1 | |
| --- | --- |
| Variabel |  |
| Alder (år) | 21.4 (2.1) |
| Kroppsvekt (kg) | 82.9 (11.5) |
| DXA LST (kg) | 64.7 (9) |
| DXA FM (kg) | 14.9 (4.2) |
| Type II Fiber (%) | 55.2 (14.3) |
| 3RM knebøy (kg) | 131.3 (19.5) |
| Totalt treningsvolum (kg) fra uke 1 til 6 | 107473.5 (16596.6) |
| Verdier er oppgitt i gjennomsnitt og (Standardavvik) | |

##### Regresjonsmodell ######  
hypertrophy %>%  
 ungroup()

## # A tibble: 30 x 275  
## SUB\_ID GROUP CLUSTER ID\_CLUST PERCENT\_TYPE\_II… PERCENT\_TYPE\_I\_… FAST\_CSA\_T1  
## <chr> <chr> <chr> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>  
## 1 MRV001 WP LOW 1 45.2 54.8 4629.  
## 2 MRV002 WP HIGH 2 26.7 73.3 4939.  
## 3 MRV003 GWP HIGH 2 81.1 18.9 3940.  
## 4 MRV004 GWP LOW 1 67 33 4741.  
## 5 MRV005 MALTO HIGH 2 73.9 26.1 3207.  
## 6 MRV006 WP LOW 1 54.6 45.4 5771.  
## 7 MRV007 WP <NA> NA 65 35 3144.  
## 8 MRV009 GWP <NA> NA 70.3 29.7 5829.  
## 9 MRV010 MALTO <NA> NA 58.9 41.1 4875.  
## 10 MRV011 MALTO HIGH 2 66.0 34.0 3461.  
## # … with 20 more rows, and 268 more variables: SLOW\_CSA\_T1 <dbl>,  
## # FAST\_NUCLEI\_T1 <dbl>, FAST\_NUCLEI\_T2 <dbl>, T2T1\_\_FAST\_NUCLEI <dbl>,  
## # T2T1\_PERCENT\_CHANGE\_FAST\_NUCLEI <dbl>, FAST\_NUCLEI\_T3 <dbl>,  
## # T3T2\_\_FAST\_NUCLEI <dbl>, T3T2\_PERCENT\_CHANGE\_FAST\_NUCLEI <dbl>,  
## # T3T1\_\_FAST\_NUCLEI <dbl>, T3T1\_PERCENT\_CHANGE\_FAST\_NUCLEI <dbl>,  
## # SLOW\_NUCLEI\_T1 <dbl>, SLOW\_NUCLEI\_T2 <dbl>, T2T1\_\_SLOW\_NUCLEI <dbl>,  
## # T2T1\_PERCENT\_CHANGE\_SLOW\_NUCLEI <dbl>, SLOW\_NUCLEI\_T3 <dbl>,  
## # T3T2\_\_SLOW\_NUCLEI <dbl>, T3T2\_PERCENT\_CHANGE\_SLOW\_NUCLEI <dbl>,  
## # T3T1\_\_SLOW\_NUCLEI <dbl>, T3T1\_PERCENT\_CHANGE\_SLOW\_NUCLEI <dbl>,  
## # AR\_PROTEIN\_T1 <dbl>, AR\_PROTEIN\_T2 <dbl>, T2T1\_\_AR\_PROTEIN <dbl>,  
## # T2T1\_PERCENT\_CHANGE\_AR\_PROTEIN <dbl>, AR\_PROTEIN\_T3 <dbl>,  
## # T3T2\_\_AR\_PROTEIN <dbl>, T3T2\_PERCENT\_CHANGE\_AR\_PROTEIN <dbl>,  
## # T3T1\_\_AR\_PROTEIN <dbl>, T3T1\_PERCENT\_CHANGE\_AR\_PROTEIN <dbl>,  
## # PROTEASOME\_T1 <dbl>, PROTEASOME\_T2 <dbl>, T2T1\_\_PROTEASOME <dbl>,  
## # T2T1\_PERCENT\_CHANGE\_PROTEASOME <dbl>, PROTEASOME\_T3 <dbl>,  
## # T3T2\_\_PROTEASOME <dbl>, T3T2\_PERCENT\_CHANGE\_PROTEASOME <dbl>,  
## # T3T1\_\_PROTEASOME <dbl>, T3T1\_PERCENT\_CHANGE\_PROTEASOME <dbl>,  
## # T1\_GLYCOGEN\_nnmolmg <dbl>, T2\_GLYCOGEN\_nnmolmg <dbl>,  
## # T2T1\_\_GLYCOGEN\_nnmolmg <dbl>, T2T1\_PERCENT\_CHANGE\_GLYCOGEN\_nnmolmg <dbl>,  
## # T3\_GLYCOGEN\_nnmolmg <dbl>, T3T2\_\_GLYCOGEN\_nnmolmg <dbl>,  
## # T3T2\_PERCENT\_CHANGE\_GLYCOGEN\_nnmolmg <dbl>, T3T1\_\_GLYCOGEN\_nnmolmg <dbl>,  
## # T3T1\_PERCENT\_CHANGE\_GLYCOGEN\_nnmolmg <dbl>, CS\_T1 <dbl>, CS\_T2 <dbl>,  
## # T2T1\_\_CS <dbl>, T2T1\_PERCENT\_CHANGE\_CS <dbl>, CS\_T3 <dbl>, T3T2\_\_CS <dbl>,  
## # T3T2\_PERCENT\_CHANGE\_CS <dbl>, T3T1\_\_CS <dbl>, T3T1\_PERCENT\_CHANGE\_CS <dbl>,  
## # T1\_CK\_ACTIVITY\_IUL <dbl>, T2\_CK\_ACTIVITY\_IUL <dbl>, T2T1\_CK\_ACT <dbl>,  
## # T2T1\_CK\_PERCENT <dbl>, T3\_CK\_ACTIVITY\_IUL <dbl>, T3T2\_CK\_ACT <dbl>,  
## # T3T2\_CK\_PERCENT <dbl>, T3T1\_CK\_ACT <dbl>, T3T1\_CK\_PERCENT <dbl>,  
## # T1\_TESTOSTERONE\_ngdl <dbl>, T2\_TESTOSTERONE\_ngdl <dbl>,  
## # T2T1\_\_TESTOSTERONE\_ngdl <dbl>, T2T1\_PERCENT\_CHANGE\_TESTOSTERONE\_ngdl <dbl>,  
## # T3\_TESTOSTERONE\_ngdl <dbl>, T3T2\_\_TESTOSTERONE\_ngdl <dbl>,  
## # T3T2\_PERCENT\_CHANGE\_TESTOSTERONE\_ngdl <dbl>, T3T1\_\_TESTOSTERONE\_ngdl <dbl>,  
## # T3T1\_PERCENT\_CHANGE\_TESTOSTERONE\_ngdl <dbl>, T1\_CORTISOL\_microgrdl <dbl>,  
## # T2\_CORTISOL\_microgrdl <dbl>, T2T1\_\_CORTISOL\_microgrdl <dbl>,  
## # T2T1\_PERCENT\_CHANGE\_CORTISOL\_microgrdl <dbl>, T3\_CORTISOL\_microgrdl <dbl>,  
## # T3T2\_\_CORTISOL\_microgrdl <dbl>,  
## # T3T2\_PERCENT\_CHANGE\_CORTISOL\_microgrdl <dbl>,  
## # T3T1\_\_CORTISOL\_microgrdl <dbl>,  
## # T3T1\_PERCENT\_CHANGE\_CORTISOL\_microgrdl <dbl>, T1\_PAN\_4EBP1 <dbl>,  
## # T2\_PAN\_4EBP1 <dbl>, T2T1\_\_PAN\_4EBP1 <dbl>,  
## # T2T1\_PERCENT\_CHANGE\_PAN\_4EBP1 <dbl>, T3\_PAN\_4EBP1 <dbl>,  
## # T3T2\_\_PAN\_4EBP1 <dbl>, T3T2\_PERCENT\_CHANGE\_PAN\_4EBP1 <dbl>,  
## # T3T1\_\_PAN\_4EBP1 <dbl>, T3T1\_PERCENT\_CHANGE\_PAN\_4EBP1 <dbl>,  
## # T1\_PHOSPHO\_4EBP1 <dbl>, T2\_PHOSPHO\_4EBP1 <dbl>, T2T1\_\_PHOSPHO\_4EBP1 <dbl>,  
## # T2T1\_PERCENT\_CHANGE\_PHOSPHO\_4EBP1 <dbl>, T3\_PHOSPHO\_4EBP1 <dbl>,  
## # T3T2\_\_PHOSPHO\_4EBP1 <dbl>, T3T2\_PERCENT\_CHANGE\_PHOSPHO\_4EBP1 <dbl>,  
## # T3T1\_\_PHOSPHO\_4EBP1 <dbl>, T3T1\_PERCENT\_CHANGE\_PHOSPHO\_4EBP1 <dbl>, …

# Fjerner grupperingen av datasettet.  
  
# Lager modellen  
model1 <- lm(Squat\_3RM\_kg ~ AVG\_CSA\_T1 + DXA\_LBM\_1, data = hypertrophy) # Lager en regresjonsmodell hvor vi tester sammenhengen i Squat\_3RM\_kg med både kroppsvekt og tverrsnittsareal.  
summary(model1)

##   
## Call:  
## lm(formula = Squat\_3RM\_kg ~ AVG\_CSA\_T1 + DXA\_LBM\_1, data = hypertrophy)  
##   
## Residuals:  
## Min 1Q Median 3Q Max   
## -24.054 -9.243 -2.078 6.671 37.351   
##   
## Coefficients:  
## Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)   
## (Intercept) 27.523601 25.022365 1.100 0.281   
## AVG\_CSA\_T1 0.002040 0.003242 0.629 0.535   
## DXA\_LBM\_1 1.477133 0.306709 4.816 4.99e-05 \*\*\*  
## ---  
## Signif. codes: 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1  
##   
## Residual standard error: 14.82 on 27 degrees of freedom  
## Multiple R-squared: 0.4623, Adjusted R-squared: 0.4225   
## F-statistic: 11.61 on 2 and 27 DF, p-value: 0.0002302

tidymodel1 <- tidy(model1) # Gjør tallene fra modellen penere og lagrer det i et nytt objekt.  
  
# Korrelasjonstest  
cor <- cor.test(hypertrophy$Squat\_3RM\_kg, hypertrophy$DXA\_LBM\_1)  
  
# Konfidensintervallene til modellen  
cfmodel1 <- confint(model1)  
  
tabell2 <- cbind(tidymodel1, cfmodel1) %>% # Setter sammen tidymodel2 og cfmodel2  
 mutate(term = factor(term, levels = c("(Intercept)",  
 "AVG\_CSA\_T1",  
 "DXA\_LBM\_1"),  
 labels = c("Intercept",   
 "Tverrsnittsareal",   
 "Kroppsmasse"))) %>%   
 kable(col.names = c("Variabel", "Estimat", "Std. Error", "Statistic", "P-verdi",  
 "CI 2.5%", "CI 97.5%"),  
 digits = c(NA, 3, 3, 2, 5, 3, 3),  
 caption = "Tabell 2: Oppsummering av regresjonsmodellen med konfidensintervaller ") %>%  
 kable\_styling()  
  
tabell2

Tabell 2: Oppsummering av regresjonsmodellen med konfidensintervaller

Variabel

Estimat

Std. Error

Statistic

P-verdi

CI 2.5%

CI 97.5%

Intercept

27.524

25.022

1.10

0.28106

-23.818

78.865

Tverrsnittsareal

0.002

0.003

0.63

0.53459

-0.005

0.009

Kroppsmasse

1.477

0.307

4.82

0.00005

0.848

2.106

# Lager tabell med regresjonsmodellen og konfidensintervallene  
tabell2 <- cbind(tidymodel1, cfmodel1) %>% # Setter sammen tidymodel2 og cfmodel2  
 mutate(term = factor(term, levels = c("(Intercept)",  
 "AVG\_CSA\_T1",  
 "DXA\_LBM\_1"),  
 labels = c("Intercept",   
 "Tverrsnittsareal",   
 "Kroppsmasse"))) %>% # Endrer navn på kolonnene under "term"  
 flextable() %>% # Binder sammen konfidensintervallene og regresjonsmodellen til en tabell  
 colformat\_num(col\_keys = c("estimate",   
 "std.error",  
 "2.5 %",  
 "97.5 %"),   
 digits = 3) %>% # Endrer antall desimaler på bestemte kolonner.  
 colformat\_num(col\_keys = c("p.value"),   
 digits = 5) %>%  
 colformat\_num(col\_keys = c("statistic"),   
 digits = 1) %>%  
 set\_header\_labels(estimate = "Estimat (r)", # Endrer navn   
 std.error = "Standard Error",   
 statistic = "Statistic (t)",  
 p.value = "P-verdi",  
 term = "Term",  
 "2.5 %" = "CI 2.5 %",  
 "97.5 %" = "CI 97.5 %") %>%  
 autofit() %>% # Gjør tabellen penere.  
 add\_header\_row(values = "Tabell 2: Resultater regresjonsmodell med konfidensintervaller", colwidths = 7) %>% # Legger til en overskrift.  
 fontsize(part = "header", size = 12) # Endrer størrelsen på overskriftene.  
  
tabell2

| Tabell 2: Resultater regresjonsmodell med konfidensintervaller | | | | | | |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Term | Estimat (r) | Standard Error | Statistic (t) | P-verdi | CI 2.5 % | CI 97.5 % |
| Intercept | 27.524 | 25.022 | 1.1 | 0.28106 | -23.818 | 78.865 |
| Tverrsnittsareal | 0.002 | 0.003 | 0.6 | 0.53459 | -0.005 | 0.009 |
| Kroppsmasse | 1.477 | 0.307 | 4.8 | 0.00005 | 0.848 | 2.106 |

# Lager figurer som sammenligner de to variablene  
figur1 <- ggplot(hypertrophy, aes(AVG\_CSA\_T1, Squat\_3RM\_kg)) +   
 geom\_point() +  
 geom\_smooth(method = lm, se=FALSE) +  
 labs(title="Figur 1: Muskelstyrke og muskelstørrelse",  
 x = expression(paste("Tverrsnittsareal (", mu, "m)")) , y = "Muskelstyrke (kg)")  
  
figur2 <- ggplot(hypertrophy, aes(DXA\_LBM\_1, Squat\_3RM\_kg)) +   
 geom\_point() +  
 geom\_smooth(method = lm, se=FALSE) +  
 labs(title="Figur 2: Muskelstyrke og kroppsmasse",  
 x="Kroppsmasse (kg)", y = "Muskelstyrke (kg)")  
  
grid.arrange(figur1, figur2, nrow=1)

