1. Tabellen kombinieren

bind_rows, bind_cols, Joins und Pivoting mit dplyr und tidyr

Dr. Paul Schmidt

Um alle in diesem Kapitel verwendeten Pakete zu installieren und zu laden, führt man folgenden Code aus:

```
for (pkg in c("tidyverse")) {
  if (!require(pkg, character.only = TRUE)) install.packages(pkg)
}

library(tidyverse)
```

Einleitung

In der Praxis liegen Daten selten in einer einzigen, perfekt aufbereiteten Tabelle vor. Stattdessen hat man oft mehrere Datenquellen, die man zusammenführen muss: Messwerte aus verschiedenen Laboren, Stammdaten und Transaktionsdaten, oder einfach Daten, die über mehrere Excel-Sheets verteilt sind. Dieses Kapitel zeigt, wie man in R Tabellen auf verschiedene Arten kombinieren kann.

Wir unterscheiden dabei drei grundlegende Ansätze:

1. **Stapeln**: Tabellen einfach untereinander (`bind_rows()`) oder nebeneinander (`bind_cols()`) zusammenfügen
2. **Joinen**: Tabellen anhand gemeinsamer Schlüsselspalten intelligent verknüpfen
3. **Umstrukturieren**: Daten zwischen “breitem” und “langem” Format transformieren

Tabellen stapeln

Die einfachste Art, Tabellen zu kombinieren, ist das “Stapeln” - also Tabellen entweder untereinander oder nebeneinander zusammenzufügen. Hierfür gibt es `bind_rows()` und `bind_cols()`.

Beispieldaten

Für diesen Abschnitt erstellen wir drei kleine Tibbles mit Obstdaten:

```
obst_1 <- tibble(
  sorte = c("Apfel", "Birne"),
  preis = c(1.20, 1.50)
)

obst_2 <- tibble(
  sorte = c("Orange", "Banane"),
  preis = c(0.80, 1.10)
)

obst_3 <- tibble(
  sorte = c("Kirsche", "Pflaume"),
  preis = c(3.50, 2.20),
  herkunft = c("Deutschland", "Spanien")
)
```

```
obst_1
```

```
# A tibble: 2 × 2
  sorte preis
  <chr> <dbl>
1 Apfel   1.2
2 Birne   1.5
```

```
obst_2
```

```
# A tibble: 2 × 2
  sorte  preis
  <chr>  <dbl>
1 Orange   0.8
2 Banane   1.1
```

```
obst_3
```

```
# A tibble: 2 × 3
  sorte   preis herkunft
  <chr>   <dbl> <chr>
1 Kirsche   3.5 Deutschland
2 Pflaume   2.2 Spanien
```

Man beachte: `obst_1` und `obst_2` haben dieselben Spalten (`sorte` und `preis`), während `obst_3` eine zusätzliche Spalte `herkunft` hat.

bind_rows()

Die Funktion `bind_rows()` stapelt Tabellen **untereinander** - sie fügt also Zeilen hinzu. Das ist nützlich, wenn man z.B. Daten aus verschiedenen Zeiträumen oder verschiedenen Quellen hat, die dieselbe Struktur haben.

```r
bind_rows(obst_1, obst_2)
```

```
# A tibble: 4 × 2
  sorte  preis
  <chr>  <dbl>
1 Apfel    1.2
2 Birne    1.5
3 Orange   0.8
4 Banane   1.1
```

Das funktioniert wie erwartet: Die Zeilen werden einfach untereinander gehängt.

Unterschiedliche Spalten

Der große Vorteil von `bind_rows()` gegenüber der base-R-Funktion `rbind()` zeigt sich, wenn die Tabellen **unterschiedliche Spalten** haben. Während `rbind()` in diesem Fall einen Fehler wirft, fügt `bind_rows()` die Tabellen trotzdem zusammen und füllt fehlende Werte mit `NA`:

```r
bind_rows(obst_1, obst_3)
```

```
# A tibble: 4 × 3
  sorte   preis herkunft
  <chr>   <dbl> <chr>
1 Apfel     1.2 <NA>
2 Birne     1.5 <NA>
3 Kirsche   3.5 Deutschland
4 Pflaume   2.2 Spanien
```

Man sieht: `obst_1` hatte keine `herkunft`-Spalte, also werden diese Werte mit `NA` aufgefüllt. Das ist sehr praktisch, wenn man Daten aus verschiedenen Quellen kombiniert, die nicht exakt dieselben Spalten haben.

Herkunft markieren mit .id

Wenn man mehrere Tabellen zusammenfügt, möchte man oft wissen, aus welcher Ursprungstabelle jede Zeile stammt. Dafür gibt es das `.id`-Argument:

```r
bind_rows(
  "Laden_A" = obst_1,
  "Laden_B" = obst_2,
  .id = "quelle"
)
```

```
# A tibble: 4 × 3
  quelle  sorte  preis
  <chr>   <chr>  <dbl>
1 Laden_A Apfel    1.2
2 Laden_A Birne    1.5
3 Laden_B Orange   0.8
4 Laden_B Banane   1.1
```

Hier haben wir den Tabellen Namen gegeben (“Laden_A”, “Laden_B”) und mit `.id = "quelle"` eine neue Spalte erstellt, die diese Namen enthält.

Alle drei Tabellen kombinieren

Man kann auch mehr als zwei Tabellen auf einmal stapeln:

```
bind_rows(obst_1, obst_2, obst_3)
```

```
# A tibble: 6 × 3
  sorte   preis herkunft
  <chr>   <dbl> <chr>
1 Apfel     1.2 <NA>
2 Birne     1.5 <NA>
3 Orange    0.8 <NA>
4 Banane    1.1 <NA>
5 Kirsche   3.5 Deutschland
6 Pflaume   2.2 Spanien
```

Die Spalte `herkunft` existiert nur für die letzten zwei Zeilen (aus `obst_3`), alle anderen bekommen `NA`.

bind_cols()

Die Funktion `bind_cols()` fügt Tabellen **nebeneinander** zusammen - sie klebt also Spalten aneinander.

> ⚠ Achtung
>
> Bei `bind_cols()` gibt es **keine intelligente Verknüpfung** über Schlüsselspalten! Die Tabellen werden einfach "blind" nebeneinander geklebt. Das bedeutet: Die Zeilen müssen in **exakt derselben Reihenfolge** stehen, und die Tabellen müssen **gleich viele Zeilen** haben.

Ein Beispiel:

```
namen <- tibble(
  vorname = c("Anna", "Ben", "Clara"),
  nachname = c("Mueller", "Schmidt", "Weber")
)

alter <- tibble(
  alter = c(28, 34, 22),
  beruf = c("Aerztin", "Ingenieur", "Studentin")
)

bind_cols(namen, alter)
```

```
# A tibble: 3 × 4
  vorname nachname alter beruf
  <chr>   <chr>    <dbl> <chr>
1 Anna    Mueller     28 Aerztin
2 Ben     Schmidt     34 Ingenieur
3 Clara   Weber       22 Studentin
```

Das funktioniert, weil beide Tibbles drei Zeilen haben und wir wissen, dass Zeile 1 in beiden Tibbles zur selben Person gehört.

Wann ist bind_cols() gefährlich?

`bind_cols()` kann zu falschen Ergebnissen führen, wenn die Reihenfolge der Zeilen nicht übereinstimmt:

```
# FALSCH: Unterschiedliche Reihenfolge!
namen_sortiert <- namen %>% arrange(vorname)
alter_original <- alter

bind_cols(namen_sortiert, alter_original)
```

```
# A tibble: 3 × 4
  vorname nachname alter beruf
  <chr>   <chr>    <dbl> <chr>
1 Anna    Mueller     28 Aerztin
2 Ben     Schmidt     34 Ingenieur
3 Clara   Weber       22 Studentin
```

Hier wurden die Namen alphabetisch sortiert, aber die Alter-Daten nicht - Anna bekommt jetzt das Alter 28 zugewiesen, obwohl das eigentlich zu "Anna Mueller" vor der Sortierung gehörte (und jetzt zufällig stimmt, aber Ben und Clara sind vertauscht!). **Das ist ein häufiger Fehler!**

Wann sollte man bind_cols() verwenden?

`bind_cols()` ist sicher, wenn:

- Die Daten aus derselben Quelle stammen und garantiert dieselbe Reihenfolge haben
- Man gerade selbst mehrere Berechnungen auf denselben Daten durchgeführt hat
- Man nach dem Zusammenfügen die Korrektheit überprüft

In den meisten anderen Fällen ist ein **Join** die bessere Wahl, weil dort über eine Schlüsselspalte verknüpft wird.

Tabellen joinen

Joins sind die mächtigste Methode, um Tabellen zu kombinieren. Sie verknüpfen Tabellen **intelligent** über eine oder mehrere gemeinsame Spalten (die “Schlüssel” oder “Keys”). Dadurch ist es egal, in welcher Reihenfolge die Zeilen stehen - R findet die zusammengehörigen Zeilen automatisch.

Beispieldaten

Für die Joins verwenden wir einen anderen Datensatz: Städtedaten. Wir erstellen drei Tibbles mit unterschiedlichen Informationen über Städte:

```
# Tibble 1: Sechs Grossstaedte in Zentraleuropa mit Einwohnerzahlen
staedte_europa <- tibble(
  stadt = c("Berlin", "Hamburg", "Muenchen", "Kopenhagen", "Amsterdam", "London"),
  einwohner_mio = c(3.9, 1.9, 1.5, 0.7, 0.9, 9.0)
)

# Tibble 2: Zehn deutsche Staedte mit Mietpreisen (Euro pro Quadratmeter)
staedte_miete <- tibble(
  stadt = c("Berlin", "Hamburg", "Muenchen", "Frankfurt", "Koeln",
            "Duesseldorf", "Stuttgart", "Leipzig", "Dresden", "Nuernberg"),
  miete_qm = c(18.29, 17.18, 22.64, 19.62, 15.21,
               16.04, 17.26, 11.38, 7.33, 9.65)
)

# Tibble 3: Dieselben zehn deutschen Staedte mit weiteren Statistiken
staedte_stats <- tibble(
  stadt = c("Berlin", "Hamburg", "Muenchen", "Frankfurt", "Koeln",
            "Duesseldorf", "Stuttgart", "Leipzig", "Dresden", "Nuernberg"),
  flaeche_km2 = c(892, 755, 310, 248, 405, 217, 207, 297, 328, 186),
  gruenflaeche_pct = c(14.4, 16.8, 11.9, 21.5, 17.2, 18.9, 24.0, 14.8, 12.3, 19.1)
)
```

```
staedte_europa
```

```
# A tibble: 6 × 2
  stadt      einwohner_mio
  <chr>              <dbl>
1 Berlin               3.9
2 Hamburg              1.9
3 Muenchen             1.5
4 Kopenhagen           0.7
5 Amsterdam            0.9
6 London               9
```

```
staedte_miete
```

```
# A tibble: 10 × 2
   stadt       miete_qm
   <chr>          <dbl>
 1 Berlin         18.3
 2 Hamburg        17.2
 3 Muenchen       22.6
 4 Frankfurt      19.6
 5 Koeln          15.2
 6 Duesseldorf    16.0
 7 Stuttgart      17.3
 8 Leipzig        11.4
 9 Dresden         7.33
10 Nuernberg       9.65
```

```
staedte_stats
```

```
# A tibble: 10 × 3
   stadt       flaeche_km2 gruenflaeche_pct
   <chr>             <dbl>            <dbl>
 1 Berlin              892             14.4
 2 Hamburg             755             16.8
 3 Muenchen            310             11.9
 4 Frankfurt           248             21.5
 5 Koeln               405             17.2
 6 Duesseldorf         217             18.9
 7 Stuttgart           207             24
 8 Leipzig             297             14.8
 9 Dresden             328             12.3
10 Nuernberg           186             19.1
```

Man beachte: `staedte_europa` enthält drei deutsche Städte (Berlin, Hamburg, Muenchen), die auch in den anderen beiden Tibbles vorkommen, plus drei nicht-deutsche Städte. Die Tibbles `staedte_miete` und `staedte_stats` haben exakt dieselben zehn deutschen Städte, aber unterschiedliche Spalten.

Das Konzept: Schlüsselspalten

Bei einem Join gibt man an, welche Spalte(n) als “Schlüssel” verwendet werden sollen. R sucht dann nach übereinstimmenden Werten in dieser Spalte und fügt die entsprechenden Zeilen zusammen.

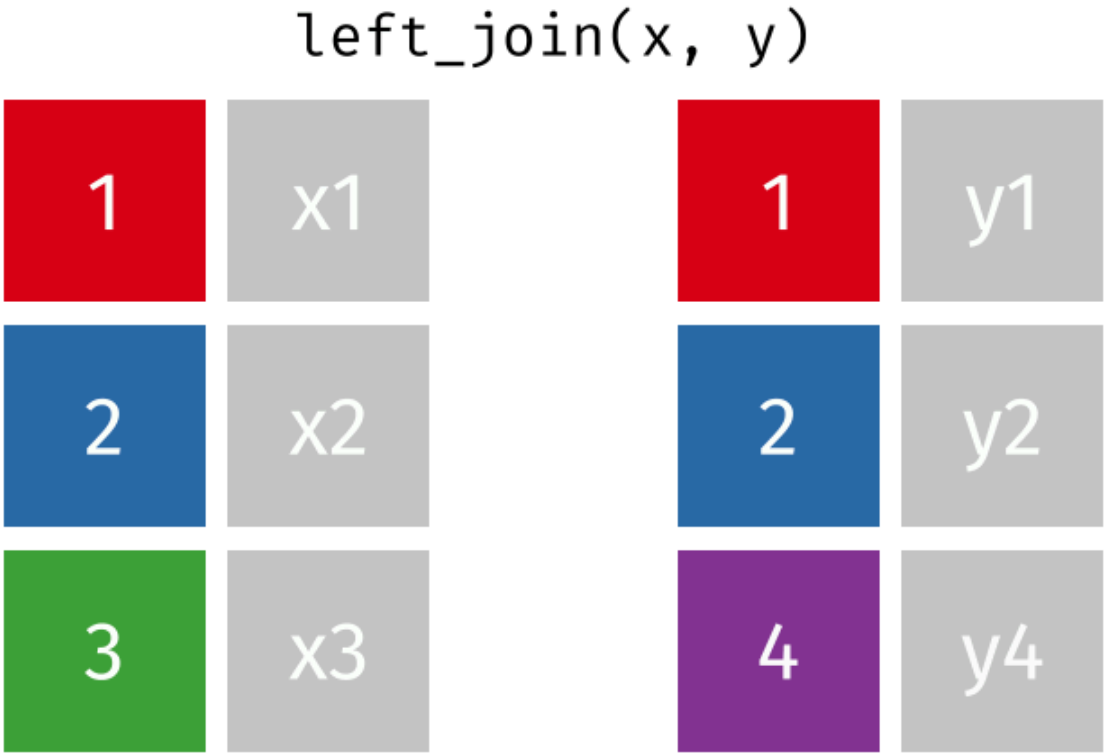
In unseren Beispieldaten ist `stadt` die offensichtliche Schlüsselspalte - sie kommt in allen drei Tibbles vor und identifiziert eindeutig jede Zeile.

Mutating Joins

“Mutating Joins” fügen Spalten aus einer Tabelle zu einer anderen hinzu - sie “mutieren” also die Ausgangstabelle, indem sie sie um neue Spalten erweitern. Es gibt vier Varianten, die sich darin unterscheiden, welche Zeilen im Ergebnis enthalten sind.

left_join()

Der `left_join()` behält **alle Zeilen aus der linken Tabelle** und fügt passende Spalten aus der rechten Tabelle hinzu. Wenn es keinen passenden Partner in der rechten Tabelle gibt, werden die neuen Spalten mit `NA` gefüllt.



> **i** Quelle der Visualisierungen
>
> Die animierten Grafiken in diesem Kapitel stammen von Garrick Aden-Buie. Er hat dort eine fantastische Sammlung von Visualisierungen erstellt, die die verschiedenen Join-Typen und andere tidyverse-Operationen veranschaulichen. Ein Besuch lohnt sich!

```
staedte_europa %>%
  left_join(staedte_miete, by = "stadt")
```

```
# A tibble: 6 × 3
  stadt      einwohner_mio miete_qm
  <chr>              <dbl>    <dbl>
1 Berlin               3.9     18.3
2 Hamburg              1.9     17.2
3 Muenchen             1.5     22.6
4 Kopenhagen           0.7     NA
5 Amsterdam            0.9     NA
6 London               9       NA
```

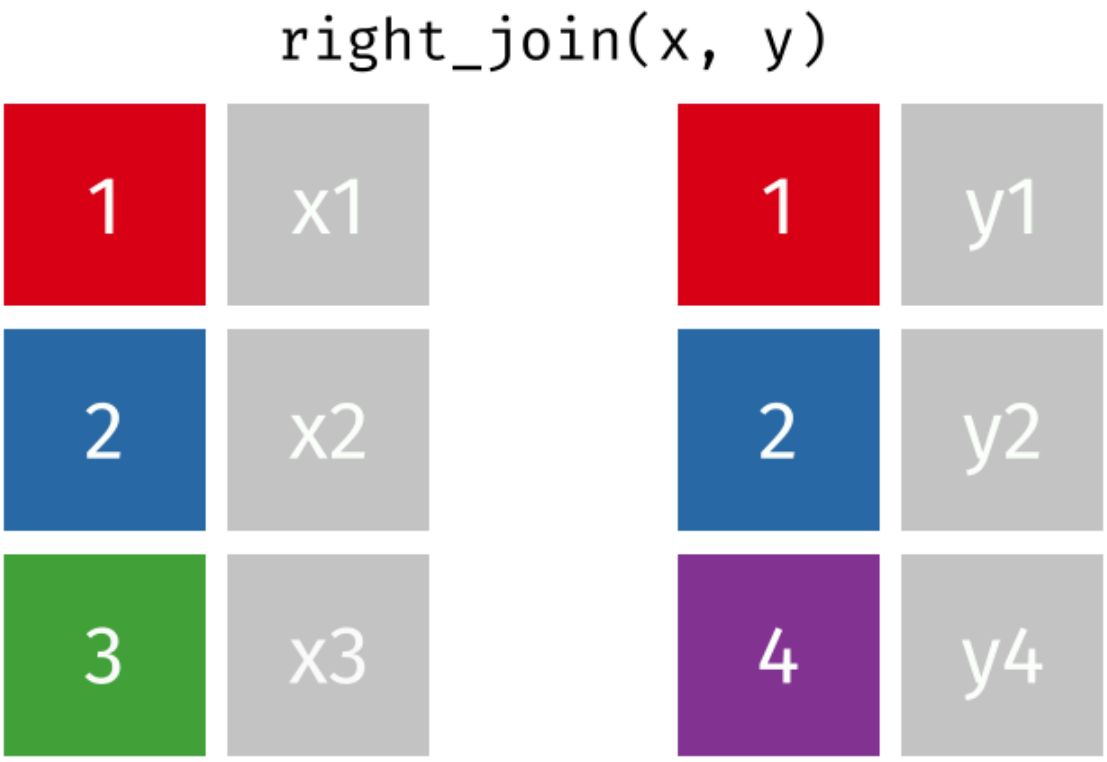
Man sieht:

- Alle 6 Städte aus `staedte_europa` sind im Ergebnis
- Berlin, Hamburg und Muenchen haben Mietpreise bekommen
- Kopenhagen, Amsterdam und London haben `NA` bei `miete_qm`, weil sie nicht in `staedte_miete` vorkommen

Der `left_join()` ist der am häufigsten verwendete Join, weil man oft eine “Haupttabelle” hat, die man um zusätzliche Informationen erweitern möchte, ohne Zeilen zu verlieren.

right_join()

Der `right_join()` ist das Spiegelbild des `left_join()`: Er behält **alle Zeilen aus der rechten Tabelle**.




```
staedte_europa %>%
  right_join(staedte_miete, by = "stadt")
```

```
# A tibble: 10 × 3
   stadt       einwohner_mio miete_qm
   <chr>               <dbl>    <dbl>
 1 Berlin                3.9    18.3
 2 Hamburg               1.9    17.2
 3 Muenchen              1.5    22.6
 4 Frankfurt              NA    19.6
 5 Koeln                  NA    15.2
 6 Duesseldorf            NA    16.0
 7 Stuttgart              NA    17.3
 8 Leipzig                NA    11.4
 9 Dresden                NA     7.33
10 Nuernberg              NA     9.65
```

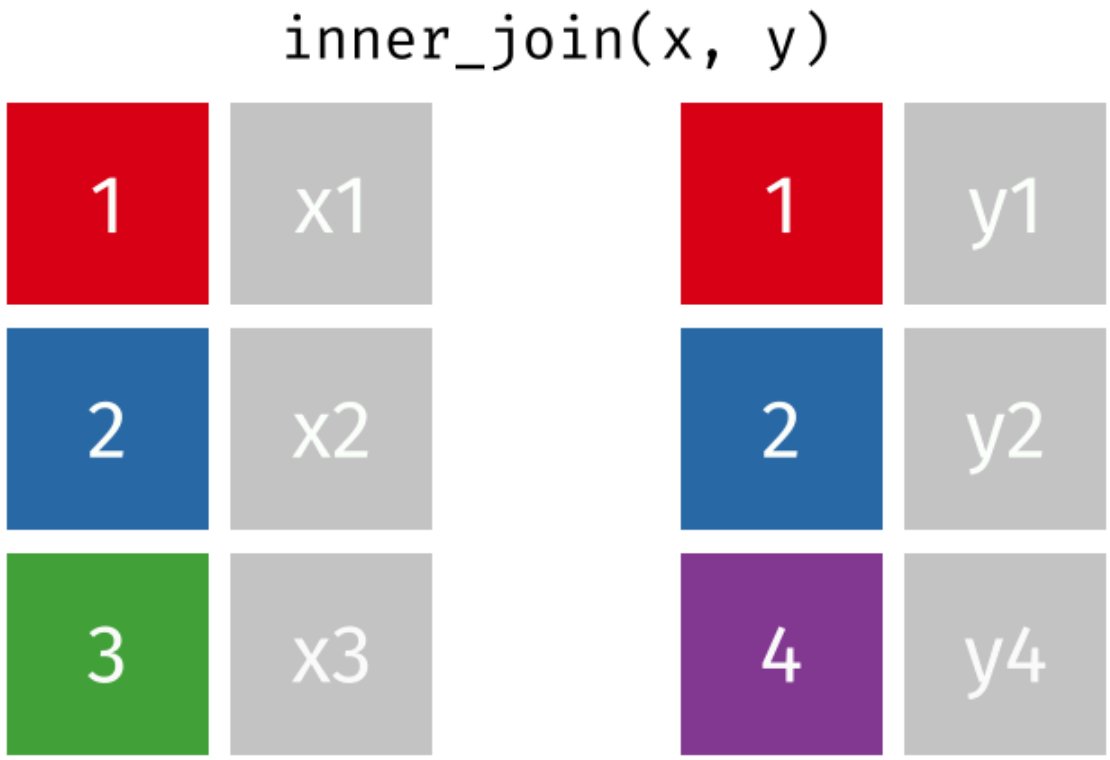
Jetzt haben wir:

- Alle 10 deutschen Städte aus `staedte_miete`
- Berlin, Hamburg und Muenchen haben Einwohnerzahlen
- Die 7 anderen deutschen Städte haben `NA` bei `einwohner_mio`

> **Tipp**
>
> In der Praxis kann man statt `right_join(a, b)` auch einfach `left_join(b, a)` schreiben - das Ergebnis ist dasselbe (nur die Spaltenreihenfolge unterscheidet sich). Viele R-Nutzer verwenden daher fast ausschließlich `left_join()`.

inner_join()

Der `inner_join()` behält **nur Zeilen, die in beiden Tabellen vorkommen**. Zeilen ohne Partner werden komplett ausgeschlossen.



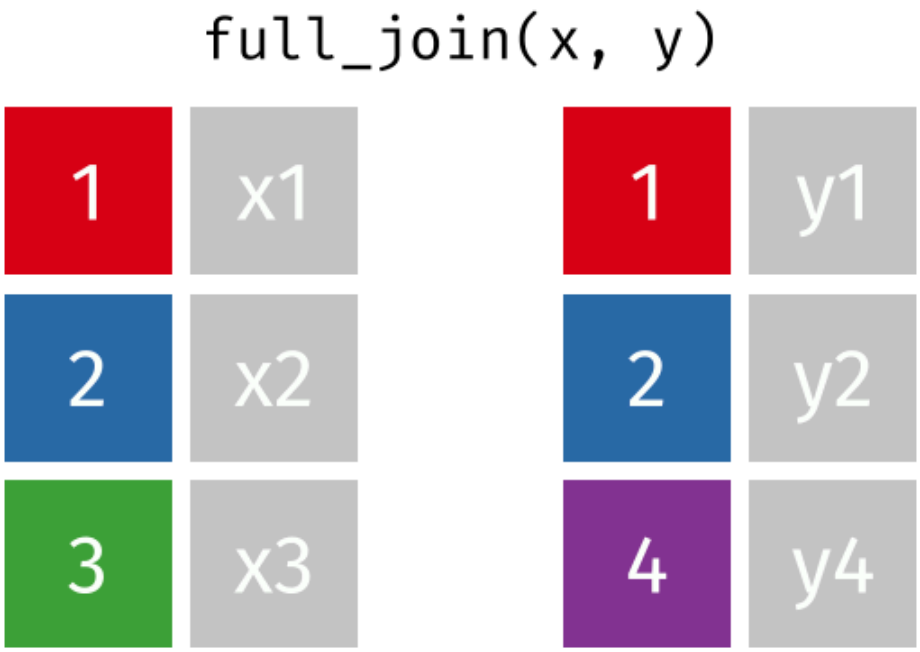

```
staedte_europa %>%
  inner_join(staedte_miete, by = "stadt")
```

```
# A tibble: 3 × 3
  stadt    einwohner_mio miete_qm
  <chr>            <dbl>    <dbl>
1 Berlin             3.9     18.3
2 Hamburg            1.9     17.2
3 Muenchen           1.5     22.6
```

Nur Berlin, Hamburg und Muenchen sind übrig - die einzigen Städte, die in beiden Tabellen vorkommen. Es gibt keine `NA`-Werte im Ergebnis.

full_join()

Der `full_join()` behält **alle Zeilen aus beiden Tabellen**. Das ist die "großzügigste" Variante.




```
staedte_europa %>%
  full_join(staedte_miete, by = "stadt")
```

```
# A tibble: 13 × 3
   stadt       einwohner_mio miete_qm
   <chr>               <dbl>    <dbl>
 1 Berlin                3.9    18.3
 2 Hamburg               1.9    17.2
 3 Muenchen              1.5    22.6
 4 Kopenhagen            0.7    NA
 5 Amsterdam             0.9    NA
 6 London                9      NA
 7 Frankfurt            NA      19.6
 8 Koeln                NA      15.2
 9 Duesseldorf          NA      16.0
10 Stuttgart            NA      17.3
11 Leipzig              NA      11.4
12 Dresden              NA       7.33
13 Nuernberg            NA       9.65
```

Das Ergebnis hat 13 Zeilen: 3 deutsche Städte mit vollständigen Daten, 3 nicht-deutsche Städte (nur Einwohner), und 7 weitere deutsche Städte (nur Miete).

Übung: Joins mit Pflanzendaten

Bereite zunächst die Daten vor:

```
# PlantGrowth-Datensatz laden und erweitern
data(PlantGrowth)

# Datensatz 1: Gewichtsmessungen mit eindeutiger ID
pflanzen_gewicht <- PlantGrowth %>%
  mutate(plant_id = 1:n()) %>%
  select(plant_id, group, weight)
```

```
# Datensatz 2: Höhenmessungen (nur für einen Teil der Pflanzen verfügbar!)
set.seed(123)
pflanzen_hoehe <- tibble(
  plant_id = c(1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29),
  hoehe_cm = round(rnorm(15, mean = 26, sd = 3), 1)
)

# Die Datensätze anschauen
pflanzen_gewicht
```

```
   plant_id group weight
1         1  ctrl   4.17
2         2  ctrl   5.58
3         3  ctrl   5.18
4         4  ctrl   6.11
5         5  ctrl   4.50
6         6  ctrl   4.61
7         7  ctrl   5.17
8         8  ctrl   4.53
9         9  ctrl   5.33
10       10  ctrl   5.14
11       11  trt1   4.81
12       12  trt1   4.17
13       13  trt1   4.41
14       14  trt1   3.59
15       15  trt1   5.87
16       16  trt1   3.83
17       17  trt1   6.03
18       18  trt1   4.89
19       19  trt1   4.32
20       20  trt1   4.69
21       21  trt2   6.31
22       22  trt2   5.12
23       23  trt2   5.54
24       24  trt2   5.50
25       25  trt2   5.37
26       26  trt2   5.29
27       27  trt2   4.92
28       28  trt2   6.15
29       29  trt2   5.80
30       30  trt2   5.26
```

```
pflanzen_hoehe
```

```
# A tibble: 15 × 2
   plant_id hoehe_cm
      <dbl>    <dbl>
 1        1     24.3
 2        3     25.3
 3        5     30.7
 4        7     26.2
 5        9     26.4
 6       11     31.1
 7       13     27.4
 8       15     22.2
 9       17     23.9
10       19     24.7
11       21     29.7
12       23     27.1
13       25     27.2
14       27     26.3
15       29     24.3
```

Übung

Beantworte die folgenden Fragen mithilfe der passenden Join-Funktionen:

a) Füge die Höhenmessungen zu allen Pflanzen hinzu. Pflanzen ohne Höhenmessung sollen `NA` bekommen. Wie viele Pflanzen haben eine Höhenmessung?

b) Erstelle einen Datensatz mit **nur** den Pflanzen, für die sowohl Gewicht als auch Höhe gemessen wurden.

c) Welche Pflanzen (plant_id) haben **keine** Höhenmessung? Nutze einen Filtering Join.

d) Berechne für die Pflanzen mit beiden Messungen das Verhältnis `weight / hoehe_cm` und speichere es in einer neuen Spalte `ratio`.

Lösungsvorschlag

```
# a) left_join: Alle Pflanzen behalten, Höhe hinzufügen wo vorhanden
pflanzen_komplett <- pflanzen_gewicht %>%
  left_join(pflanzen_hoehe, by = "plant_id")

pflanzen_komplett
```

```
   plant_id group weight hoehe_cm
1         1  ctrl   4.17     24.3
2         2  ctrl   5.58       NA
3         3  ctrl   5.18     25.3
4         4  ctrl   6.11       NA
5         5  ctrl   4.50     30.7
6         6  ctrl   4.61       NA
7         7  ctrl   5.17     26.2
8         8  ctrl   4.53       NA
9         9  ctrl   5.33     26.4
10       10  ctrl   5.14       NA
11       11  trt1   4.81     31.1
12       12  trt1   4.17       NA
13       13  trt1   4.41     27.4
14       14  trt1   3.59       NA
15       15  trt1   5.87     22.2
16       16  trt1   3.83       NA
17       17  trt1   6.03     23.9
18       18  trt1   4.89       NA
19       19  trt1   4.32     24.7
20       20  trt1   4.69       NA
21       21  trt2   6.31     29.7
22       22  trt2   5.12       NA
23       23  trt2   5.54     27.1
24       24  trt2   5.50       NA
25       25  trt2   5.37     27.2
26       26  trt2   5.29       NA
27       27  trt2   4.92     26.3
28       28  trt2   6.15       NA
29       29  trt2   5.80     24.3
30       30  trt2   5.26       NA
```

```
# Anzahl der Pflanzen mit Höhenmessung
pflanzen_komplett %>%
  filter(!is.na(hoehe_cm)) %>%
  nrow()
```

```
[1] 15
```

```
# b) inner_join: Nur Pflanzen mit beiden Messungen
pflanzen_beide <- pflanzen_gewicht %>%
  inner_join(pflanzen_hoehe, by = "plant_id")

pflanzen_beide
```

```
   plant_id group weight hoehe_cm
1         1  ctrl   4.17     24.3
2         3  ctrl   5.18     25.3
3         5  ctrl   4.50     30.7
4         7  ctrl   5.17     26.2
5         9  ctrl   5.33     26.4
6        11  trt1   4.81     31.1
7        13  trt1   4.41     27.4
8        15  trt1   5.87     22.2
9        17  trt1   6.03     23.9
10       19  trt1   4.32     24.7
11       21  trt2   6.31     29.7
12       23  trt2   5.54     27.1
13       25  trt2   5.37     27.2
14       27  trt2   4.92     26.3
15       29  trt2   5.80     24.3
```

```
# d) Verhältnis Gewicht/Höhe berechnen
pflanzen_beide <- pflanzen_beide %>%
  mutate(ratio = weight / hoehe_cm)

pflanzen_beide
```

```
   plant_id group weight hoehe_cm     ratio
1         1  ctrl   4.17     24.3 0.1716049
2         3  ctrl   5.18     25.3 0.2047431
3         5  ctrl   4.50     30.7 0.1465798
4         7  ctrl   5.17     26.2 0.1973282
```

Unterschiedliche Spaltennamen

Manchmal heißt die Schlüsselspalte in den beiden Tabellen unterschiedlich. Dann kann man das im `by`-Argument angeben:

```
# Beispiel: Eine Tabelle hat "stadt", die andere "city"
staedte_englisch <- tibble(
  city = c("Berlin", "Hamburg", "Muenchen"),
  population = c(3.8, 1.9, 1.5)
)

staedte_miete %>%
  left_join(staedte_englisch, by = c("stadt" = "city"))
```

```
# A tibble: 10 × 3
   stadt       miete_qm population
   <chr>          <dbl>      <dbl>
 1 Berlin         18.3         3.8
 2 Hamburg        17.2         1.9
 3 Muenchen       22.6         1.5
 4 Frankfurt      19.6        NA
 5 Koeln          15.2        NA
 6 Duesseldorf    16.0        NA
 7 Stuttgart      17.3        NA
 8 Leipzig        11.4        NA
 9 Dresden         7.33       NA
10 Nuernberg       9.65       NA
```

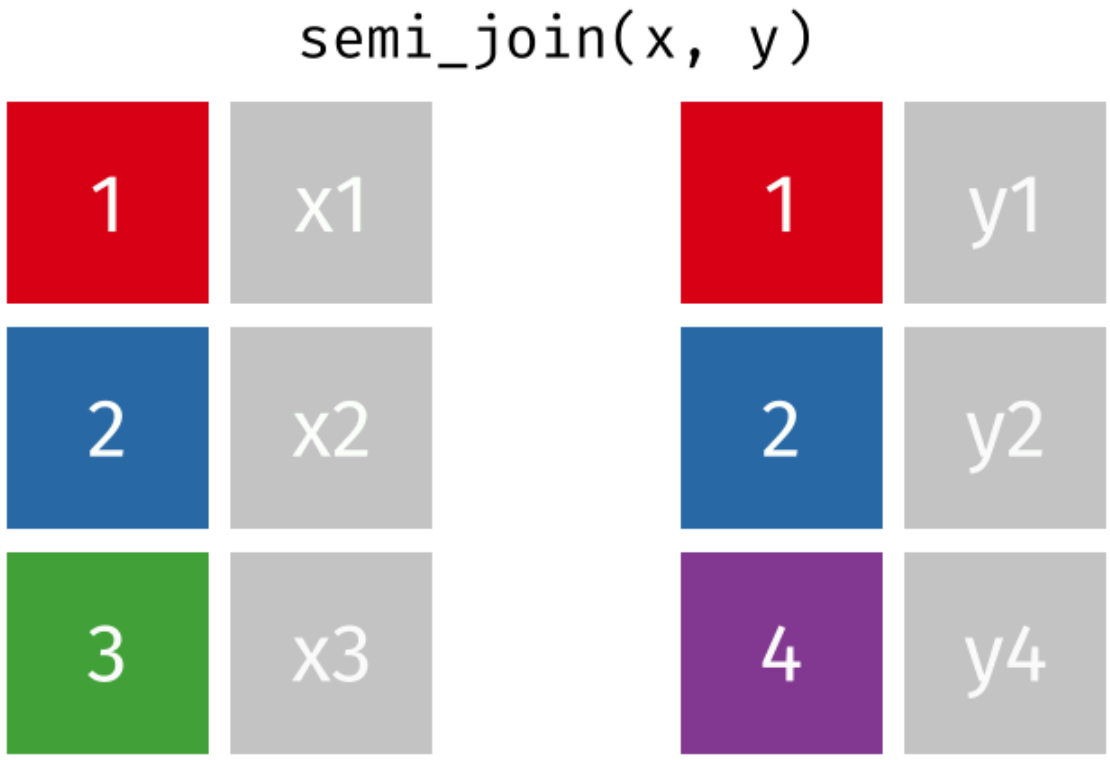
Die Syntax `by = c("stadt" = "city")` bedeutet: “Verknüpfe die Spalte `stadt` aus der linken Tabelle mit der Spalte `city` aus der rechten Tabelle.”

Filtering Joins

Im Gegensatz zu den Mutating Joins fügen Filtering Joins **keine neuen Spalten** hinzu. Sie filtern nur die Zeilen der linken Tabelle basierend darauf, ob es einen Partner in der rechten Tabelle gibt.

semi_join()

Der `semi_join()` behält alle Zeilen aus der linken Tabelle, **die einen Partner in der rechten Tabelle haben**.




```
staedte_europa %>%
  semi_join(staedte_miete, by = "stadt")
```

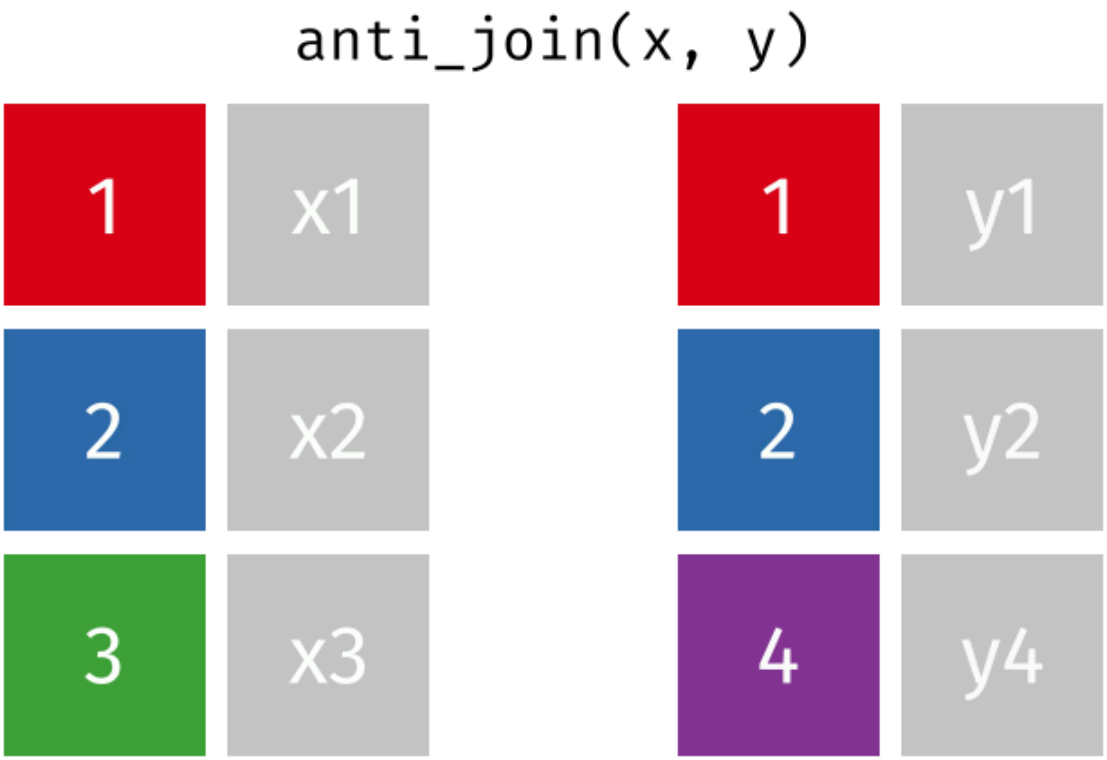
```
# A tibble: 3 × 2
  stadt    einwohner_mio
  <chr>            <dbl>
1 Berlin             3.9
2 Hamburg            1.9
3 Muenchen           1.5
```

Das Ergebnis enthält nur Berlin, Hamburg und Muenchen - die europäischen Städte, für die wir Mietdaten haben. Aber: Es wurden **keine Spalten aus `staedte_miete` hinzugefügt**! Das Ergebnis hat nur die Spalten von `staedte_europa`.

Der `semi_join()` beantwortet die Frage: “Welche Zeilen aus Tabelle A haben einen Partner in Tabelle B?”

anti_join()

Der `anti_join()` ist das Gegenteil: Er behält alle Zeilen aus der linken Tabelle, die **keinen Partner** in der rechten Tabelle haben.




```
staedte_europa %>%
  anti_join(staedte_miete, by = "stadt")
```

```
# A tibble: 3 × 2
  stadt      einwohner_mio
  <chr>              <dbl>
1 Kopenhagen           0.7
2 Amsterdam            0.9
3 London               9
```

Kopenhagen, Amsterdam und London - die europäischen Städte, für die wir keine Mietdaten haben.

Der `anti_join()` ist sehr nützlich zur Datenqualitätsprüfung: “Welche Datensätze fehlen?” oder “Welche IDs aus System A gibt es nicht in System B?”

Set Operations

Set Operations behandeln Tabellen wie mathematische Mengen. Sie funktionieren nur, wenn beide Tabellen **exakt dieselben Spalten** haben. Sie vergleichen dann ganze Zeilen (nicht einzelne Schlüsselspalten).

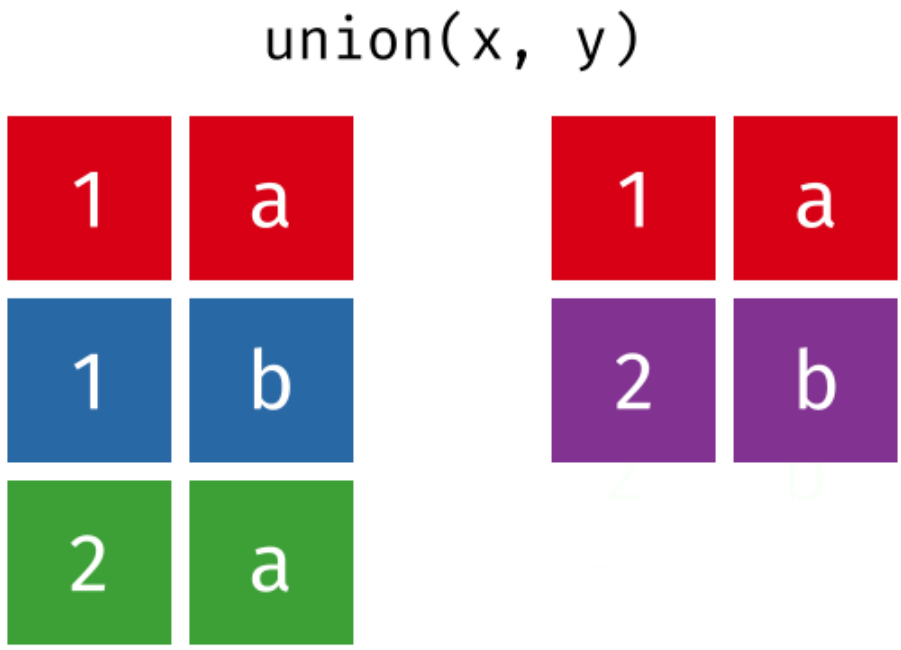
Für die Beispiele erstellen wir zwei kleine Tabellen mit identischen Spalten:

```
menge_a <- tibble(
  stadt = c("Berlin", "Hamburg", "Muenchen"),
  land = c("Deutschland", "Deutschland", "Deutschland")
)

menge_b <- tibble(
  stadt = c("Hamburg", "Muenchen", "Frankfurt"),
  land = c("Deutschland", "Deutschland", "Deutschland")
)
```

union()

`union()` gibt alle **einzigartigen Zeilen** aus beiden Tabellen zurück - also die Vereinigungsmenge.



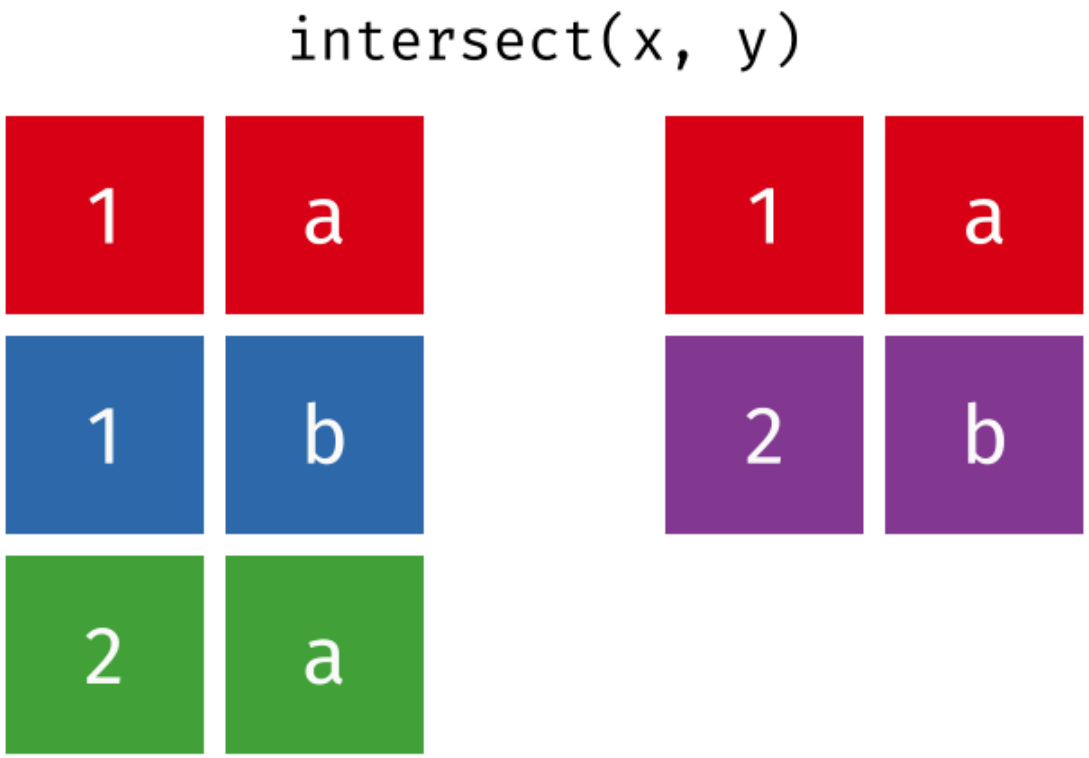

```
union(menge_a, menge_b)
```

```
# A tibble: 4 × 2
  stadt     land
  <chr>     <chr>
1 Berlin    Deutschland
2 Hamburg   Deutschland
3 Muenchen  Deutschland
4 Frankfurt Deutschland
```

Hamburg und Muenchen kommen in beiden Tabellen vor, erscheinen im Ergebnis aber nur einmal.

intersect()

`intersect()` gibt nur die Zeilen zurück, die **in beiden Tabellen vorkommen** - also die Schnittmenge.



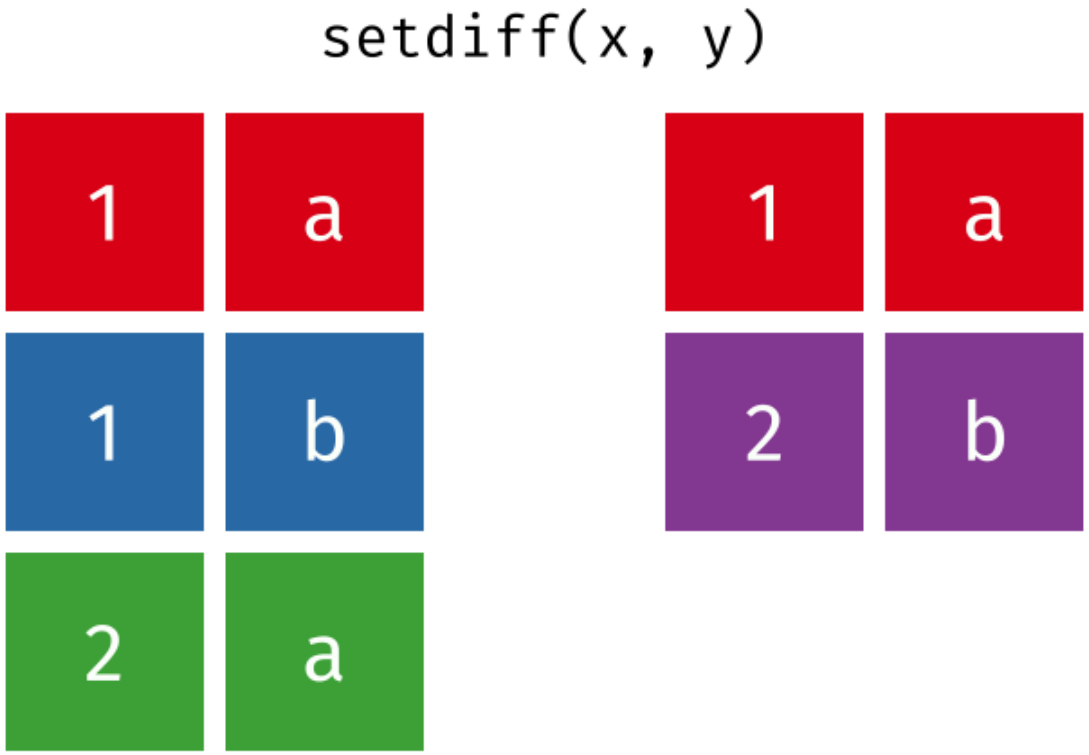

```
intersect(menge_a, menge_b)
```

```
# A tibble: 2 × 2
  stadt    land
  <chr>    <chr>
1 Hamburg  Deutschland
2 Muenchen Deutschland
```

Nur Hamburg und Muenchen sind in beiden Tabellen.

setdiff()

`setdiff()` gibt die Zeilen zurück, die **in der ersten, aber nicht in der zweiten Tabelle** vorkommen - also die Differenzmenge.




```
setdiff(menge_a, menge_b)
```

```
# A tibble: 1 × 2
  stadt  land
  <chr>  <chr>
1 Berlin Deutschland
```

Berlin ist nur in `menge_a`.

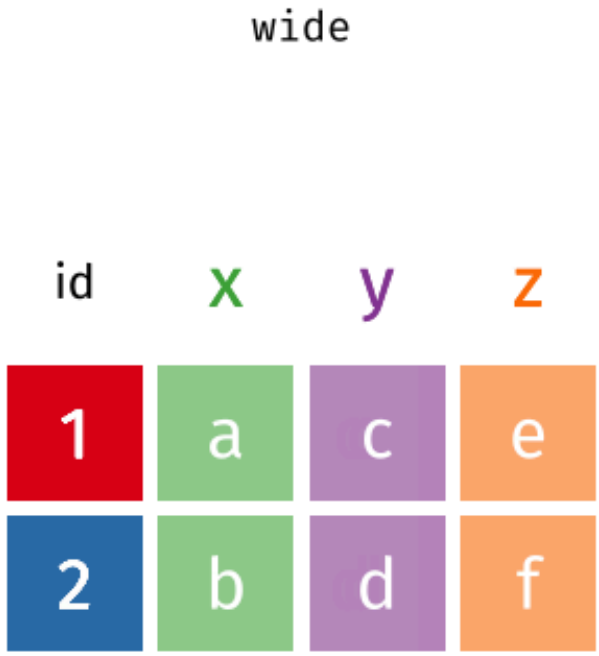
> **Hinweis**
>
> Bei `setdiff()` ist die Reihenfolge wichtig! `setdiff(a, b)` und `setdiff(b, a)` liefern unterschiedliche Ergebnisse:
>
> ```
> setdiff(menge_b, menge_a)
> ```
>
> ```
> # A tibble: 1 × 2
>   stadt     land
>   <chr>     <chr>
> 1 Frankfurt Deutschland
> ```
>
> Frankfurt ist nur in `menge_b`.

Daten umstrukturieren (Wide ↔ Long)

Oft muss man Daten zwischen zwei Formaten transformieren:

- **Wide Format** (breit): Jede Variable hat eine eigene Spalte
- **Long Format** (lang): Variablennamen werden zu Werten in einer Spalte

Welches Format “richtig” ist, hängt vom Anwendungsfall ab. Für viele tidyverse-Funktionen und ggplot2 ist das Long Format besser geeignet, während das Wide Format oft übersichtlicher für Menschen ist.



pivot_longer()

`pivot_longer()` transformiert Daten vom Wide ins Long Format - es macht die Tabelle "länger" (mehr Zeilen, weniger Spalten).

Betrachten wir `staedte_stats`:

```
staedte_stats
```

```
# A tibble: 10 × 3
   stadt       flaeche_km2 gruenflaeche_pct
   <chr>             <dbl>            <dbl>
 1 Berlin              892             14.4
 2 Hamburg             755             16.8
 3 Muenchen            310             11.9
 4 Frankfurt           248             21.5
 5 Koeln               405             17.2
 6 Duesseldorf         217             18.9
 7 Stuttgart           207             24
 8 Leipzig             297             14.8
 9 Dresden             328             12.3
10 Nuernberg           186             19.1
```

Das ist ein typisches Wide Format: Jede Kennzahl (Fläche, Grünfläche) hat eine eigene Spalte. Für manche Analysen oder Visualisierungen möchten wir das in ein Long Format bringen:

```
staedte_stats %>%
  pivot_longer(
    cols = c(flaeche_km2, gruenflaeche_pct),
    names_to = "kennzahl",
    values_to = "wert"
  )
```

```
# A tibble: 20 × 3
   stadt       kennzahl          wert
   <chr>       <chr>            <dbl>
 1 Berlin      flaeche_km2      892
 2 Berlin      gruenflaeche_pct  14.4
 3 Hamburg     flaeche_km2      755
 4 Hamburg     gruenflaeche_pct  16.8
 5 Muenchen    flaeche_km2      310
 6 Muenchen    gruenflaeche_pct  11.9
 7 Frankfurt   flaeche_km2      248
 8 Frankfurt   gruenflaeche_pct  21.5
 9 Koeln       flaeche_km2      405
10 Koeln       gruenflaeche_pct  17.2
11 Duesseldorf flaeche_km2      217
12 Duesseldorf gruenflaeche_pct  18.9
13 Stuttgart   flaeche_km2      207
14 Stuttgart   gruenflaeche_pct  24
15 Leipzig     flaeche_km2      297
16 Leipzig     gruenflaeche_pct  14.8
17 Dresden     flaeche_km2      328
18 Dresden     gruenflaeche_pct  12.3
19 Nuernberg   flaeche_km2      186
20 Nuernberg   gruenflaeche_pct  19.1
```

Die wichtigsten Argumente:

- `cols`: Welche Spalten sollen "zusammengeklappt" werden?
- `names_to`: Wie soll die neue Spalte heißen, die die alten Spaltennamen enthält?

- `values_to`: Wie soll die neue Spalte heißen, die die Werte enthält?

Jetzt hat jede Stadt zwei Zeilen - eine pro Kennzahl. Das ist ideal für ggplot2, wenn man z.B. beide Kennzahlen in einem Facetten-Plot darstellen möchte.

Spaltenauswahl mit Hilfsfunktionen

Statt die Spalten einzeln aufzulisten, kann man auch Hilfsfunktionen verwenden:

```
# Alle Spalten außer "stadt"
staedte_stats %>%
  pivot_longer(
    cols = -stadt,
    names_to = "kennzahl",
    values_to = "wert"
  )
```

```
# A tibble: 20 × 3
   stadt       kennzahl          wert
   <chr>       <chr>            <dbl>
 1 Berlin      flaeche_km2      892
 2 Berlin      gruenflaeche_pct  14.4
 3 Hamburg     flaeche_km2      755
 4 Hamburg     gruenflaeche_pct  16.8
 5 Muenchen    flaeche_km2      310
 6 Muenchen    gruenflaeche_pct  11.9
 7 Frankfurt   flaeche_km2      248
 8 Frankfurt   gruenflaeche_pct  21.5
 9 Koeln       flaeche_km2      405
10 Koeln       gruenflaeche_pct  17.2
11 Duesseldorf flaeche_km2      217
12 Duesseldorf gruenflaeche_pct  18.9
13 Stuttgart   flaeche_km2      207
14 Stuttgart   gruenflaeche_pct  24
15 Leipzig     flaeche_km2      297
16 Leipzig     gruenflaeche_pct  14.8
17 Dresden     flaeche_km2      328
18 Dresden     gruenflaeche_pct  12.3
19 Nuernberg   flaeche_km2      186
20 Nuernberg   gruenflaeche_pct  19.1
```

```
# Alle numerischen Spalten
staedte_stats %>%
  pivot_longer(
    cols = where(is.numeric),
    names_to = "kennzahl",
    values_to = "wert"
  )
```

```
# A tibble: 20 × 3
   stadt       kennzahl          wert
   <chr>       <chr>            <dbl>
 1 Berlin      flaeche_km2      892
 2 Berlin      gruenflaeche_pct  14.4
 3 Hamburg     flaeche_km2      755
 4 Hamburg     gruenflaeche_pct  16.8
 5 Muenchen    flaeche_km2      310
 6 Muenchen    gruenflaeche_pct  11.9
 7 Frankfurt   flaeche_km2      248
 8 Frankfurt   gruenflaeche_pct  21.5
 9 Koeln       flaeche_km2      405
10 Koeln       gruenflaeche_pct  17.2
11 Duesseldorf flaeche_km2      217
12 Duesseldorf gruenflaeche_pct  18.9
13 Stuttgart   flaeche_km2      207
14 Stuttgart   gruenflaeche_pct  24
```

```
15 Leipzig     flaeche_km2      297
16 Leipzig     gruenflaeche_pct  14.8
17 Dresden     flaeche_km2      328
18 Dresden     gruenflaeche_pct  12.3
19 Nuernberg   flaeche_km2      186
20 Nuernberg   gruenflaeche_pct  19.1
```

pivot_wider()

`pivot_wider()` ist die Umkehrfunktion: Sie transformiert vom Long ins Wide Format - die Tabelle wird “breiter” (weniger Zeilen, mehr Spalten).

Zuerst erstellen wir eine Long-Format-Tabelle:

```
staedte_long <- staedte_stats %>%
  pivot_longer(
    cols = -stadt,
    names_to = "kennzahl",
    values_to = "wert"
  )

staedte_long
```

```
# A tibble: 20 × 3
   stadt       kennzahl          wert
   <chr>       <chr>            <dbl>
 1 Berlin      flaeche_km2      892
 2 Berlin      gruenflaeche_pct  14.4
 3 Hamburg     flaeche_km2      755
 4 Hamburg     gruenflaeche_pct  16.8
 5 Muenchen    flaeche_km2      310
 6 Muenchen    gruenflaeche_pct  11.9
 7 Frankfurt   flaeche_km2      248
 8 Frankfurt   gruenflaeche_pct  21.5
 9 Koeln       flaeche_km2      405
10 Koeln       gruenflaeche_pct  17.2
11 Duesseldorf flaeche_km2      217
12 Duesseldorf gruenflaeche_pct  18.9
13 Stuttgart   flaeche_km2      207
14 Stuttgart   gruenflaeche_pct  24
15 Leipzig     flaeche_km2      297
16 Leipzig     gruenflaeche_pct  14.8
17 Dresden     flaeche_km2      328
18 Dresden     gruenflaeche_pct  12.3
19 Nuernberg   flaeche_km2      186
20 Nuernberg   gruenflaeche_pct  19.1
```

Jetzt transformieren wir zurück ins Wide Format:

```
staedte_long %>%
  pivot_wider(
    names_from = kennzahl,
    values_from = wert
  )
```

```
# A tibble: 10 × 3
   stadt       flaeche_km2 gruenflaeche_pct
   <chr>             <dbl>            <dbl>
 1 Berlin              892             14.4
 2 Hamburg             755             16.8
 3 Muenchen            310             11.9
 4 Frankfurt           248             21.5
 5 Koeln               405             17.2
 6 Duesseldorf         217             18.9
 7 Stuttgart           207             24
 8 Leipzig             297             14.8
 9 Dresden             328             12.3
10 Nuernberg           186             19.1
```

Die wichtigsten Argumente:

- `names_from`: Welche Spalte enthält die zukünftigen Spaltennamen?

- `values_from`: Welche Spalte enthält die Werte?

> **i** Alternative Funktionsnamen in anderen Paketen
>
> Möglicherweise hast du in diesem Kontext bereits andere Funktionen verwendet. Hier sind einige Alternativen, die mittlerweile teilweise veraltet sind:
>
> - `melt()` & `dcast()` aus {data.table}
> - `fold()` & `unfold()` aus {databases}
> - `melt()` & `cast()` aus {reshape}
> - `melt()` & `dcast()` aus {reshape2}
> - `unpivot()` & `pivot()` aus {spreadsheets}
> - `gather()` & `spread()` aus {tidyr} < v1.0.0

Typischer Anwendungsfall: Kreuztabellen

`pivot_wider()` ist auch nützlich, um Kreuztabellen zu erstellen. Angenommen, wir haben Verkaufsdaten:

```
verkaeufe <- tibble(
  produkt = c("Apfel", "Apfel", "Birne", "Birne"),
  quartal = c("Q1", "Q2", "Q1", "Q2"),
  umsatz = c(100, 120, 80, 90)
)

verkaeufe
```

```
# A tibble: 4 × 3
  produkt quartal umsatz
  <chr>   <chr>    <dbl>
1 Apfel   Q1         100
2 Apfel   Q2         120
3 Birne   Q1          80
4 Birne   Q2          90
```

```
verkaeufe %>%
  pivot_wider(
    names_from = quartal,
    values_from = umsatz
  )
```

```
# A tibble: 2 × 3
  produkt    Q1    Q2
  <chr>   <dbl> <dbl>
1 Apfel     100   120
2 Birne      80    90
```

Jetzt haben wir eine übersichtliche Kreuztabelle mit Produkten in den Zeilen und Quartalen in den Spalten.

Übung: Pivoting-Workflow

Bereite zunächst einen Datensatz im Long-Format vor:

```
# PlantGrowth mit mehreren Messungen simulieren
set.seed(42)
pflanzen_long <- PlantGrowth %>%
```

```
  mutate(
    plant_id = 1:n(),
    hoehe_cm = weight * 5 + rnorm(n(), mean = 0, sd = 2)
  ) %>%
  pivot_longer(
    cols = c(weight, hoehe_cm),
    names_to = "messung",
    values_to = "wert"
  ) %>%
  select(plant_id, group, messung, wert)

pflanzen_long
```

```
# A tibble: 60 × 4
   plant_id group messung   wert
      <int> <fct> <chr>    <dbl>
 1        1 ctrl  weight    4.17
 2        1 ctrl  hoehe_cm 23.6
 3        2 ctrl  weight    5.58
 4        2 ctrl  hoehe_cm 26.8
 5        3 ctrl  weight    5.18
 6        3 ctrl  hoehe_cm 26.6
 7        4 ctrl  weight    6.11
 8        4 ctrl  hoehe_cm 31.8
 9        5 ctrl  weight    4.5
10        5 ctrl  hoehe_cm 23.3
# i 50 more rows
```

Übung

Führe die folgenden Transformationen durch:

a) Transformiere `pflanzen_long` ins **Wide-Format**, sodass `weight` und `hoehe_cm` jeweils eigene Spalten sind.

b) Füge eine **neue Spalte** `bmi` (Body Mass Index für Pflanzen) hinzu, die das Verhältnis `weight / hoehe_cm` berechnet.

c) Transformiere den Datensatz zurück ins **Long-Format**, sodass nun alle drei Variablen (`weight`, `hoehe_cm` und `bmi`) in der Spalte `messung` erscheinen.

Lösungsvorschlag

```r
# a) Wide-Format erstellen
pflanzen_wide <- pflanzen_long %>%
  pivot_wider(
    names_from = messung,
    values_from = wert
  )

pflanzen_wide
```

```
# A tibble: 30 × 4
   plant_id group weight hoehe_cm
      <int> <fct>  <dbl>    <dbl>
 1        1 ctrl    4.17     23.6
 2        2 ctrl    5.58     26.8
 3        3 ctrl    5.18     26.6
 4        4 ctrl    6.11     31.8
 5        5 ctrl    4.5      23.3
 6        6 ctrl    4.61     22.8
 7        7 ctrl    5.17     28.9
 8        8 ctrl    4.53     22.5
 9        9 ctrl    5.33     30.7
10       10 ctrl    5.14     25.6
# i 20 more rows
```

```r
# b) Neue Spalte hinzufügen
pflanzen_wide <- pflanzen_wide %>%
  mutate(bmi = weight / hoehe_cm)

pflanzen_wide
```

```
# A tibble: 30 × 5
   plant_id group weight hoehe_cm   bmi
      <int> <fct>  <dbl>    <dbl> <dbl>
 1        1 ctrl    4.17     23.6 0.177
 2        2 ctrl    5.58     26.8 0.208
 3        3 ctrl    5.18     26.6 0.195
 4        4 ctrl    6.11     31.8 0.192
 5        5 ctrl    4.5      23.3 0.193
 6        6 ctrl    4.61     22.8 0.202
 7        7 ctrl    5.17     28.9 0.179
 8        8 ctrl    4.53     22.5 0.202
 9        9 ctrl    5.33     30.7 0.174
10       10 ctrl    5.14     25.6 0.201
# i 20 more rows
```

```r
# c) Zurück ins Long-Format (alle drei Variablen)
pflanzen_final_long <- pflanzen_wide %>%
  pivot_longer(
    cols = c(weight, hoehe_cm, bmi),
    names_to = "messung",
    values_to = "wert"
  )

pflanzen_final_long
```

```
# A tibble: 90 × 4
   plant_id group messung    wert
      <int> <fct> <chr>     <dbl>
 1        1 ctrl  weight    4.17
 2        1 ctrl  hoehe_cm 23.6
 3        1 ctrl  bmi       0.177
 4        2 ctrl  weight    5.58
 5        2 ctrl  hoehe_cm 26.8
 6        2 ctrl  bmi       0.208
 7        3 ctrl  weight    5.18
 8        3 ctrl  hoehe_cm 26.6
 9        3 ctrl  bmi       0.195
10        4 ctrl  weight    6.11
# i 80 more rows
```

Zusammenfassung

Gut gemacht! Man beherrscht jetzt die wichtigsten Techniken, um Tabellen in R zu kombinieren und umzustrukturieren.

ℹ Wichtige Erkenntnisse

1. **Tabellen stapeln:**
   - `bind_rows()`: Zeilen untereinander stapeln - funktioniert auch bei unterschiedlichen Spalten (fehlende werden mit NA gefüllt)
   - `bind_cols()`: Spalten nebeneinander kleben - Vorsicht: keine intelligente Verknüpfung, Reihenfolge muss stimmen!
2. **Mutating Joins** (fügen Spalten hinzu):
   - `left_join()`: Alle Zeilen aus der linken Tabelle behalten - der Standardfall
   - `right_join()`: Alle Zeilen aus der rechten Tabelle behalten
   - `inner_join()`: Nur Zeilen mit Partner in beiden Tabellen
   - `full_join()`: Alle Zeilen aus beiden Tabellen
3. **Filtering Joins** (nur filtern, keine neuen Spalten):
   - `semi_join()`: Zeilen aus x, die einen Partner in y haben
   - `anti_join()`: Zeilen aus x, die keinen Partner in y haben - ideal für “Was fehlt?”-Fragen
4. **Set Operations** (Tabellen als Mengen, brauchen identische Spalten):
   - `union()`: Alle einzigartigen Zeilen aus beiden
   - `intersect()`: Nur Zeilen, die in beiden vorkommen
   - `setdiff()`: Zeilen aus x, die nicht in y sind
5. **Pivoting** (Datenformat ändern):
   - `pivot_longer()`: Wide → Long (mehr Zeilen, weniger Spalten)
   - `pivot_wider()`: Long → Wide (weniger Zeilen, mehr Spalten)
6. **Best Practices:**
   - Bei unterschiedlichen Spaltennamen: `by = c("name_links" = "name_rechts")`
   - Im Zweifel `left_join()` statt `bind_cols()`
   - `anti_join()` zur Datenqualitätsprüfung nutzen

Bibliography