5. Faktoren

Kategoriale Variablen verstehen und mit forcats manipulieren

Dr. Paul Schmidt

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

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

library(forcats)
library(janitor)
library(patchwork)
library(tidyverse)
```

Einleitung

Wer in R mit kategorialen Daten arbeitet, stößt früher oder später auf das Konzept der **Faktoren**. Für Einsteiger sind sie oft verwirrend: Warum verhält sich eine Spalte plötzlich anders als erwartet? Warum erscheinen die Balken im Diagramm in einer seltsamen Reihenfolge?

Dieses Kapitel erklärt, was Faktoren sind, wann man sie braucht und wie man sie mit dem {forcats}-Paket elegant manipuliert.

Beispieldaten

Wir verwenden wieder den `starwars`-Datensatz, gefiltert auf Menschen:

```
humans <- starwars %>%
  filter(species == "Human") %>%
  select(name, height, mass, hair_color, eye_color, gender)

humans
```

```
# A tibble: 35 × 6
   name               height  mass hair_color    eye_color gender
   <chr>               <int> <dbl> <chr>         <chr>     <chr>
 1 Luke Skywalker        172    77 blond         blue      masculine
 2 Darth Vader           202   136 none          yellow    masculine
 3 Leia Organa           150    49 brown         brown     feminine
 4 Owen Lars             178   120 brown, grey   blue      masculine
 5 Beru Whitesun Lars    165    75 brown         blue      feminine
 6 Biggs Darklighter     183    84 black         brown     masculine
 7 Obi-Wan Kenobi        182    77 auburn, white blue-gray masculine
 8 Anakin Skywalker      188    84 blond         blue      masculine
 9 Wilhuff Tarkin        180    NA auburn, grey  blue      masculine
10 Han Solo              180    80 brown         brown     masculine
# i 25 more rows
```

Character vs. Factor: Der Unterschied

Character: Einfach Text

Eine Character-Variable ist schlicht Text. R behandelt jeden Wert als eigenständigen String:

```
# eye_color ist ein Character-Vektor
class(humans$eye_color)
```

```
[1] "character"
```

```
# Unique Werte (in der Reihenfolge des ersten Auftretens)
unique(humans$eye_color)
```

```
[1] "blue"      "yellow"    "brown"     "blue-gray" "hazel"     "dark"
[7] "unknown"
```

Wenn wir Character-Werte sortieren, geschieht das **alphabetisch**:

```
sort(unique(humans$eye_color))
```

```
[1] "blue"      "blue-gray" "brown"     "dark"      "hazel"     "unknown"
[7] "yellow"
```

Factor: Text mit Struktur

Ein Factor ist Text **plus zusätzliche Information**:

1. **Levels**: Die möglichen Kategorien
2. **Reihenfolge**: Die Sortierung der Levels

```
# Character zu Factor umwandeln
eye_factor <- factor(humans$eye_color)

class(eye_factor)
```

```
[1] "factor"
```

```
levels(eye_factor)  # Die gespeicherten Levels
```

```
[1] "blue"      "blue-gray" "brown"     "dark"      "hazel"     "unknown"
[7] "yellow"
```

Die Levels sind standardmäßig alphabetisch sortiert. Aber wir können eine **eigene Reihenfolge** definieren:

```
eye_custom <- factor(
  humans$eye_color,
  levels = c("blue", "brown", "hazel", "dark", "blue-gray")
)

levels(eye_custom)
```

```
[1] "blue"      "brown"     "hazel"     "dark"      "blue-gray"
```

Warum ist das wichtig?

Die Level-Reihenfolge beeinflusst:

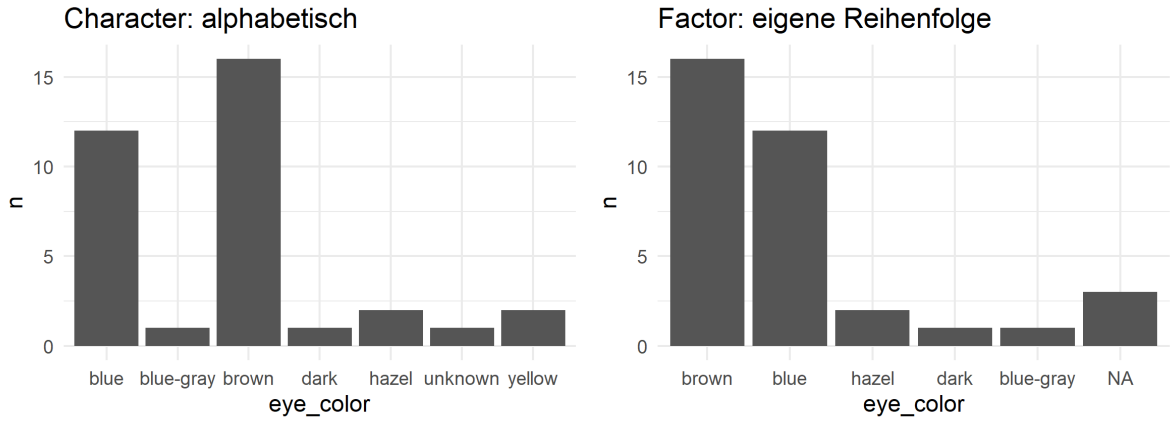
- Die **Sortierung in Tabellen**

- Die **Reihenfolge in Grafiken** (z.B. Balkendiagramme)
- Die **Referenzkategorie** in statistischen Modellen

```r
# Mit Character: alphabetische Reihenfolge
p1 <- humans %>%
  count(eye_color) %>%
  ggplot(aes(x = eye_color, y = n)) +
  geom_col() +
  labs(title = "Character: alphabetisch") +
  theme_minimal()

# Mit Factor: unsere Reihenfolge
p2 <- humans %>%
  mutate(eye_color = factor(eye_color,
                            levels = c("brown", "blue", "hazel", "dark", "blue-
gray"))) %>%
  count(eye_color) %>%
  ggplot(aes(x = eye_color, y = n)) +
  geom_col() +
  labs(title = "Factor: eigene Reihenfolge") +
  theme_minimal()

# Nebeneinander anzeigen
p1 + p2
```



Übung: Character vs. Factor

a) Prüfe mit `class()`, ob `hair_color` im `humans`-Datensatz ein Character oder Factor ist.

b) Wandle `hair_color` in einen Factor um und zeige die Levels an.

c) Erstelle einen Factor für `hair_color` mit der Reihenfolge: “brown”, “black”, “blond”, “auburn”, dann alle anderen.

Lösungsvorschlag

```r
# a) Klasse prüfen
class(humans$hair_color)
```

```
[1] "character"
```

```r
# b) In Factor umwandeln
hair_factor <- factor(humans$hair_color)
levels(hair_factor)
```

```
 [1] "auburn"         "auburn, grey"   "auburn, white" "black"
 [5] "blond"          "brown"          "brown, grey"   "grey"
 [9] "none"           "white"
```

```r
# c) Mit eigener Reihenfolge
hair_custom <- factor(
  humans$hair_color,
  levels = c("brown", "black", "blond", "auburn",
             "auburn, grey", "auburn, white", "grey", "white", "none")
)
levels(hair_custom)
```

```
[1] "brown"          "black"          "blond"          "auburn"
[5] "auburn, grey"   "auburn, white" "grey"           "white"
[9] "none"
```

Faktoren erstellen

factor() vs. as_factor()

Es gibt zwei Hauptfunktionen zum Erstellen von Faktoren:

```
farben <- c("rot", "blau", "rot", "grün", "blau")

# factor(): Levels alphabetisch
factor(farben)
```

```
[1] rot  blau rot  grün blau
Levels: blau grün rot
```

```
# as_factor(): Levels nach Reihenfolge des ersten Auftretens
as_factor(farben)
```

```
[1] rot  blau rot  grün blau
Levels: rot blau grün
```

Funktion	Paket	Level-Reihenfolge
`factor()`	base R	Alphabetisch
`as_factor()`	forcats	Nach Auftreten im Vektor

`as_factor()` ist oft praktischer, weil die Reihenfolge der Daten erhalten bleibt.

Levels explizit angeben

Mit dem `levels`-Argument können wir die Reihenfolge selbst bestimmen:

```
# Eigene Reihenfolge
zufriedenheit <- c("mittel", "hoch", "niedrig", "hoch", "mittel")

# FALSCH: alphabetisch
factor(zufriedenheit)
```

```
[1] mittel  hoch    niedrig hoch    mittel
Levels: hoch mittel niedrig
```

```
# RICHTIG: logische Reihenfolge
factor(zufriedenheit, levels = c("niedrig", "mittel", "hoch"))
```

```
[1] mittel  hoch    niedrig hoch    mittel
Levels: niedrig mittel hoch
```

forcats: Faktoren manipulieren

Das {forcats}-Paket (Teil des tidyverse) bietet praktische Funktionen zur Factor-Manipulation. Alle Funktionen beginnen mit `fct_`.

Reihenfolge ändern

fct_relevel() – Manuell umsortieren

```
# Originalreihenfolge
humans %>%
  mutate(eye_color = factor(eye_color)) %>%
  pull(eye_color) %>%
  levels()
```

```
[1] "blue"       "blue-gray" "brown"      "dark"       "hazel"      "unknown"
[7] "yellow"
```

```
# "brown" an den Anfang setzen
humans %>%
  mutate(eye_color = fct_relevel(eye_color, "brown")) %>%
  pull(eye_color) %>%
  levels()
```

```
[1] "brown"      "blue"       "blue-gray" "dark"       "hazel"      "unknown"
[7] "yellow"
```

```
# Mehrere Levels in bestimmter Reihenfolge
humans %>%
  mutate(eye_color = fct_relevel(eye_color, "brown", "blue", "hazel")) %>%
  pull(eye_color) %>%
  levels()
```

```
[1] "brown"      "blue"       "hazel"      "blue-gray" "dark"       "unknown"
[7] "yellow"
```

fct_reorder() – Nach anderer Variable sortieren

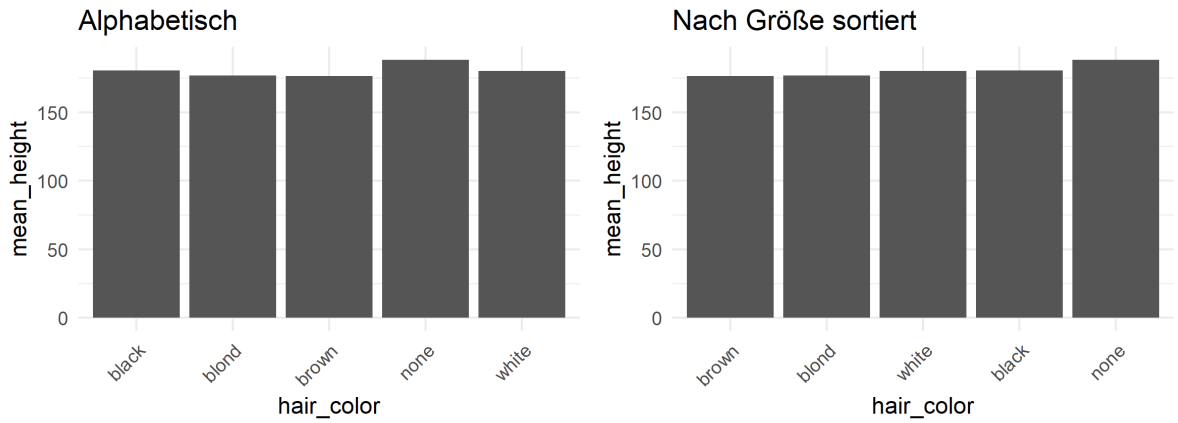
Besonders nützlich für Grafiken – sortiere Kategorien nach einem numerischen Wert:

```
# Durchschnittliche Größe pro Haarfarbe
hair_height <- humans %>%
  filter(!is.na(hair_color), !is.na(height)) %>%
  group_by(hair_color) %>%
  summarise(mean_height = mean(height), n = n()) %>%
  filter(n >= 2)  # Nur Gruppen mit mindestens 2 Personen

# Ohne fct_reorder: alphabetisch
p1 <- hair_height %>%
  ggplot(aes(x = hair_color, y = mean_height)) +
  geom_col() +
  labs(title = "Alphabetisch") +
  theme_minimal() +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1))

# Mit fct_reorder: nach Größe sortiert
p2 <- hair_height %>%
  ggplot(aes(x = fct_reorder(hair_color, mean_height), y = mean_height)) +
  geom_col() +
  labs(title = "Nach Größe sortiert", x = "hair_color") +
  theme_minimal() +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1))
```

```
p1 + p2
```



fct_infreq() – Nach Häufigkeit sortieren

```
humans %>%
  mutate(eye_color = fct_infreq(eye_color)) %>%
  pull(eye_color) %>%
  levels()
```

```
[1] "brown"      "blue"       "hazel"      "yellow"     "blue-gray" "dark"
[7] "unknown"
```

Die häufigsten Kategorien kommen zuerst – ideal für Balkendiagramme.

fct_rev() – Reihenfolge umkehren

```
# Häufigste zuerst, dann umkehren (seltenste zuerst)
humans %>%
  mutate(eye_color = fct_rev(fct_infreq(eye_color))) %>%
  pull(eye_color) %>%
  levels()
```

```
[1] "unknown"    "dark"       "blue-gray" "yellow"     "hazel"      "blue"
[7] "brown"
```

Levels zusammenfassen

fct_lump_n() – Seltene in “Other” zusammenfassen

```
# Nur die 3 häufigsten behalten, Rest wird "Other"
humans %>%
  mutate(eye_color = fct_lump_n(eye_color, n = 3)) %>%
  tabyl(eye_color)
```

```
 eye_color  n    percent
      blue 12 0.34285714
     brown 16 0.45714286
     hazel  2 0.05714286
    yellow  2 0.05714286
     Other  3 0.08571429
```

```
# Mit deutschem Label
humans %>%
  mutate(eye_color = fct_lump_n(eye_color, n = 3, other_level = "Sonstige")) %>%
  tabyl(eye_color)
```

```
eye_color  n    percent
     blue 12 0.34285714
    brown 16 0.45714286
    hazel  2 0.05714286
   yellow  2 0.05714286
 Sonstige  3 0.08571429
```

Verwandte Funktionen:

- `fct_lump_min()` – Zusammenfassen wenn weniger als n Vorkommen
- `fct_lump_prop()` – Zusammenfassen wenn Anteil unter x%

fct_collapse() – Mehrere Levels zusammenfassen

```
humans %>%
  mutate(
    eye_group = fct_collapse(
      eye_color,
      "hell" = c("blue", "blue-gray", "hazel"),
      "dunkel" = c("brown", "dark")
    )
  ) %>%
  tabyl(eye_group)
```

```
eye_group  n    percent
     hell 15 0.42857143
   dunkel 17 0.48571429
  unknown  1 0.02857143
   yellow  2 0.05714286
```

Levels umbenennen

fct_recode()

```
humans %>%
  mutate(
    eye_color_de = fct_recode(
      eye_color,
      "Blau" = "blue",
      "Braun" = "brown",
      "Dunkel" = "dark",
      "Haselnuss" = "hazel",
      "Blau-Grau" = "blue-gray"
    )
  ) %>%
  tabyl(eye_color_de)
```

```
eye_color_de  n    percent
        Blau 12 0.34285714
   Blau-Grau  1 0.02857143
       Braun 16 0.45714286
      Dunkel  1 0.02857143
   Haselnuss  2 0.05714286
     unknown  1 0.02857143
      yellow  2 0.05714286
```

Übung: forcats

Arbeite mit dem `humans`-Datensatz:

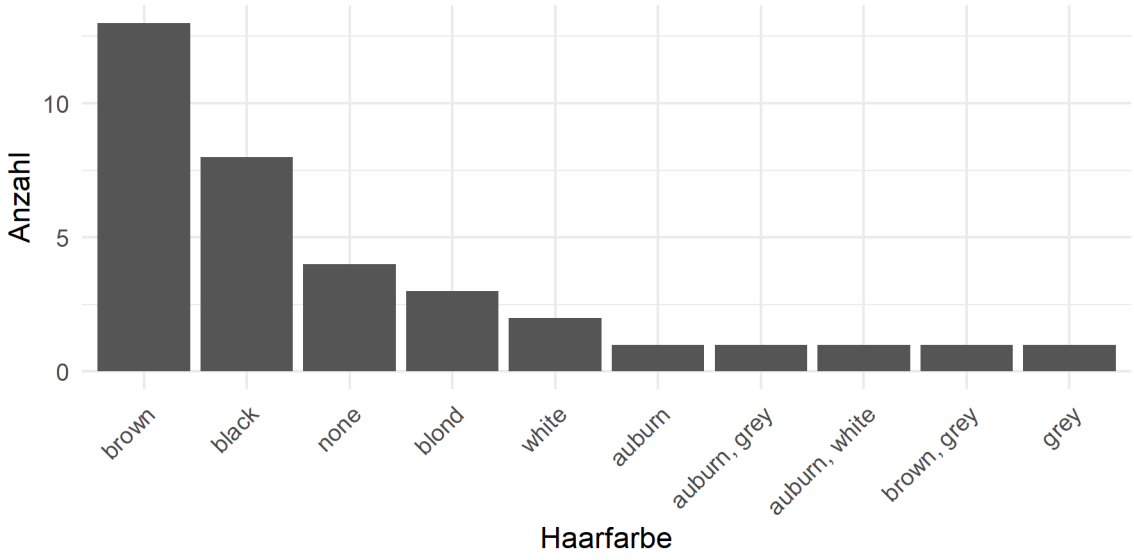
a) Erstelle ein Balkendiagramm von `hair_color`, bei dem die Balken nach Häufigkeit sortiert sind (häufigste links).

b) Fasse alle Haarfarben außer den 3 häufigsten unter “Andere” zusammen und erstelle eine Häufigkeitstabelle mit `tabyl()`.

c) Benenne die Levels von `gender` um: “feminine” → “weiblich”, “masculine” → “männlich”.

Lösungsvorschlag

```r
# a) Balkendiagramm nach Häufigkeit
humans %>%
  filter(!is.na(hair_color)) %>%
  ggplot(aes(x = fct_infreq(hair_color))) +
  geom_bar() +
  labs(x = "Haarfarbe", y = "Anzahl") +
  theme_minimal() +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1))
```




```r
# b) Lumpen und tabyl
humans %>%
  mutate(hair_color = fct_lump_n(hair_color, n = 3, other_level = "Andere")) %>%
  tabyl(hair_color, show_na = FALSE)
```

```
 hair_color  n   percent
      black  8 0.2285714
      brown 13 0.3714286
       none  4 0.1142857
     Andere 10 0.2857143
```

```r
# c) Gender umbenennen
humans %>%
  mutate(
    gender_de = fct_recode(
      gender,
      "weiblich" = "feminine",
      "männlich" = "masculine"
    )
  ) %>%
  tabyl(gender_de)
```

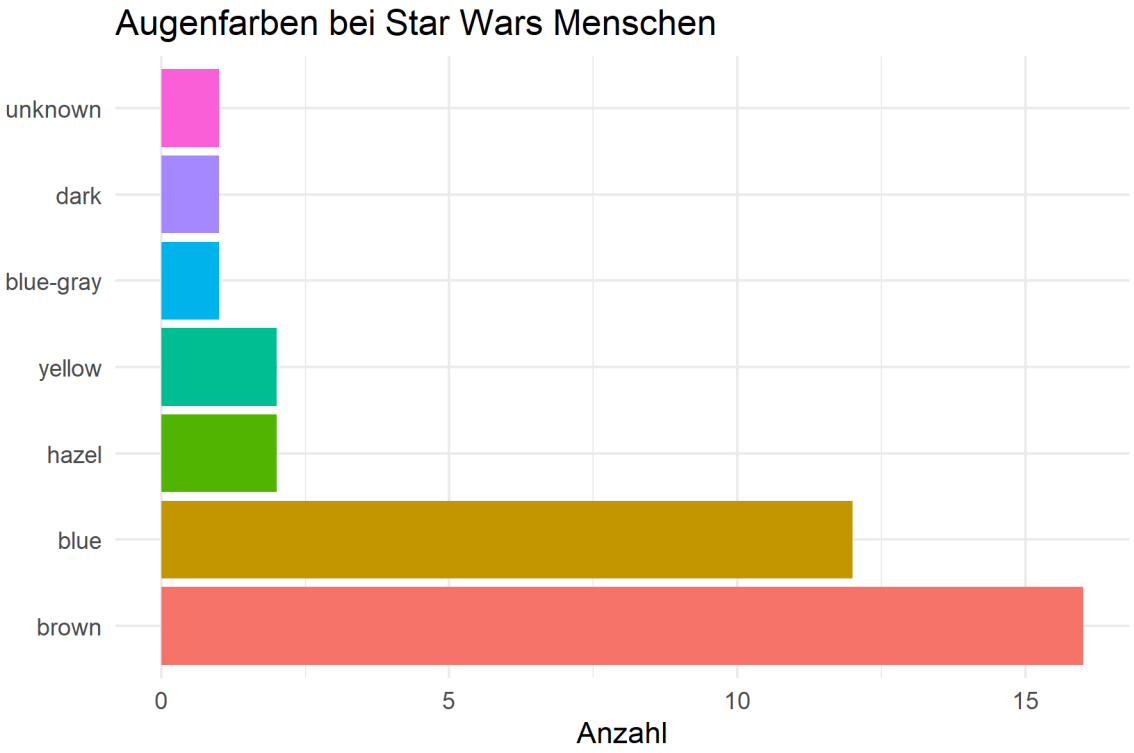
```
 gender_de  n   percent
  weiblich  9 0.2571429
  männlich 26 0.7428571
```

Praktische Anwendungen

Faktoren in ggplot2

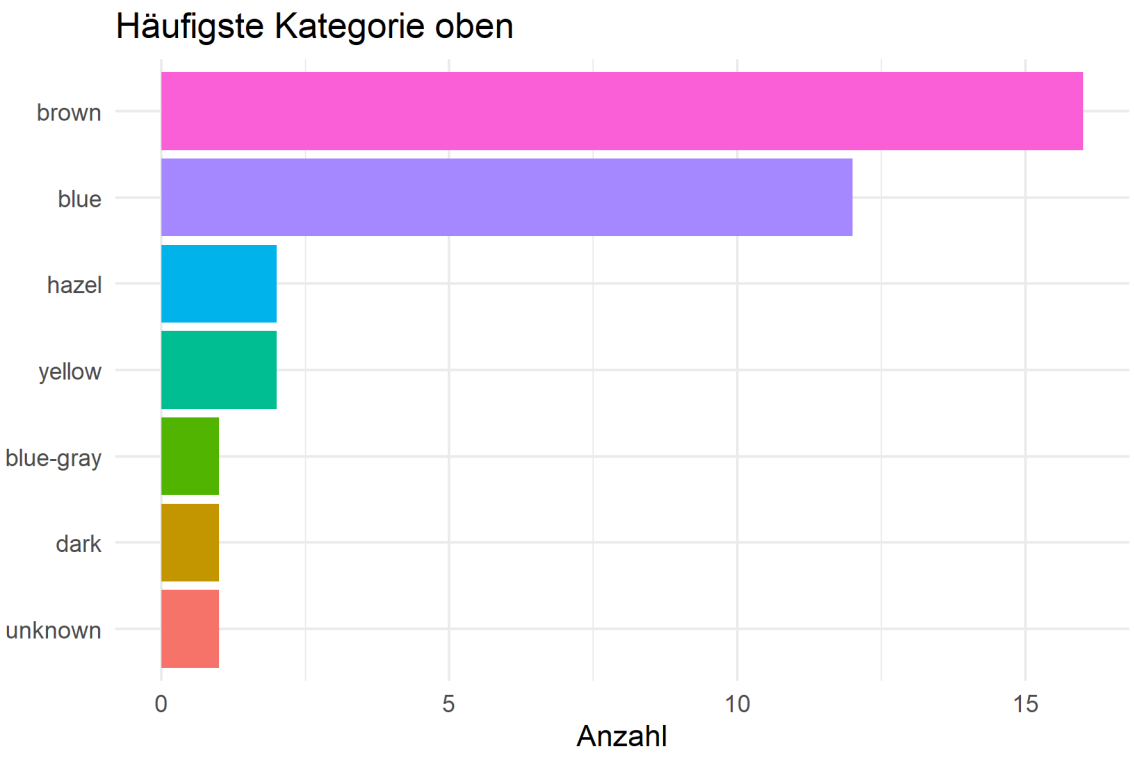
Die Level-Reihenfolge bestimmt die Anordnung in Grafiken:

```
# Sinnvolle Reihenfolge für Balkendiagramm
humans %>%
  filter(!is.na(eye_color)) %>%
  mutate(eye_color = fct_infreq(eye_color)) %>%  # Nach Häufigkeit
  ggplot(aes(x = eye_color, fill = eye_color)) +
  geom_bar() +
  coord_flip() +  # Horizontale Balken
  labs(
    title = "Augenfarben bei Star Wars Menschen",
    x = NULL,
    y = "Anzahl"
  ) +
  theme_minimal() +
  theme(legend.position = "none")
```



Bei horizontalen Balkendiagrammen will man oft die häufigste Kategorie oben haben. Dafür kombiniert man `fct_infreq()` mit `fct_rev()`:

```
humans %>%
  filter(!is.na(eye_color)) %>%
  mutate(eye_color = fct_rev(fct_infreq(eye_color))) %>%  # Umgekehrt
  ggplot(aes(x = eye_color, fill = eye_color)) +
  geom_bar() +
  coord_flip() +
  labs(
    title = "Häufigste Kategorie oben",
    x = NULL,
    y = "Anzahl"
  ) +
  theme_minimal() +
  theme(legend.position = "none")
```



Faktoren in tabyl()

Auch `tabyl()` respektiert die Level-Reihenfolge:

```
# Ohne Factor: alphabetisch
humans %>%
  tabyl(eye_color)
```

```
 eye_color  n    percent
      blue 12 0.34285714
 blue-gray  1 0.02857143
     brown 16 0.45714286
      dark  1 0.02857143
     hazel  2 0.05714286
   unknown  1 0.02857143
    yellow  2 0.05714286
```

```
# Mit Factor: nach unserer Reihenfolge
humans %>%
  mutate(eye_color = fct_relevel(eye_color, "brown", "blue")) %>%
  tabyl(eye_color)
```

```
 eye_color  n    percent
     brown 16 0.45714286
      blue 12 0.34285714
 blue-gray  1 0.02857143
      dark  1 0.02857143
     hazel  2 0.05714286
   unknown  1 0.02857143
    yellow  2 0.05714286
```

```
# Nach Häufigkeit
humans %>%
  mutate(eye_color = fct_infreq(eye_color)) %>%
  tabyl(eye_color)
```

```
eye_color  n    percent
    brown 16 0.45714286
     blue 12 0.34285714
    hazel  2 0.05714286
   yellow  2 0.05714286
blue-gray  1 0.02857143
     dark  1 0.02857143
  unknown  1 0.02857143
```

Dies ist besonders nützlich für Berichte, wo die Reihenfolge der Kategorien eine inhaltliche Bedeutung haben soll (z.B. “sehr gut”, “gut”, “befriedigend”, “schlecht”).

Zusammenfassung

Faktoren sind mächtiger als einfache Character-Variablen, weil sie eine definierte Menge an Kategorien mit einer bestimmten Reihenfolge speichern.

ℹ Wichtige Erkenntnisse

Character vs. Factor:

Aspekt	Character	Factor
Speichert	Nur Text	Text + Levels + Reihenfolge
Sortierung	Alphabetisch	Nach Level-Reihenfolge
Unbekannte Werte	Erlaubt	Werden NA (wenn nicht in Levels)
Anwendung	Freitext	Kategorien mit fester Ausprägung

Wann Character, wann Factor?

- **Character**: Freitext, Namen, IDs, Kommentare
- **Factor**: Kategorien mit definierter Ausprägung (Geschlecht, Likert-Skalen, Regionen)

Die wichtigsten forcats-Funktionen:

Funktion	Zweck
`fct_relevel()`	Levels manuell umsortieren
`fct_reorder()`	Nach numerischer Variable sortieren
`fct_infreq()`	Nach Häufigkeit sortieren
`fct_rev()`	Reihenfolge umkehren
`fct_lump_n()`	Seltene zu “Other” zusammenfassen
`fct_collapse()`	Mehrere Levels zusammenfassen
`fct_recode()`	Levels umbenennen

Typischer Workflow für Grafiken:

```
daten %>%
  mutate(kategorie = fct_infreq(kategorie)) %>%  # Nach Häufigkeit
  ggplot(aes(x = kategorie)) +
  geom_bar()
```

Weiterführende Ressourcen:

- forcats Dokumentation
- R for Data Science: Factors

Bibliography