

User Guide

[\[\[Getting Started\]\]](#)
[\[\[Dependencies\]\]](#)
[\[\[Installation\]\]](#)
[\[\[Configuration\]\]](#)
[\[\[Commands\]\]](#)
[\[\[Example Pipeline\]\]](#)
[\[\[Failure Recovery\]\]](#)
[\[\[Validation\]\]](#)
[\[\[Building Modules\]\]](#)
[API](#)
[\[\[FAQ\]\]](#)

BioModules

Sequence Processing Modules

[AwkFastaConverter](#)
[Gunzipper](#)
[KneadDataSanitizer](#)
[Multiplexer](#)
[PearMergeReads](#)
[RarefySeqs](#)
[SeqFileValidator](#)
[TrimPrimers](#)

Classifier Modules

for whole genome sequences

[Humann2Classifier](#)
[KrakenClassifier](#)
[Kraken2Classifier](#)
[Metaphlan2Classifier](#)

for 16S sequences

[QiimeClosedRefClassifier](#)
[QiimeDeNovoClassifier](#)
[QiimeOpenRefClassifier](#)
[RdpClassifier](#)

Report Modules

general

[Email](#)
[JsonReport](#)