Die Parameter vom Annotator können beim Einfügen zum Pipeline mitgegeben werden. Es hängt davon ab, um welches Pipeline es hier geht. Der name vom DataWriter haben normalerweise solches Format: **<Bibliotheksname><OutputTyp>OutcomeDataWriter**

\*\* Für Training-Pipeline

Beispiel:

aggregate.add(AnalysisEngineFactory.createPrimitiveDescription(  
        NamedEntityChunker.class,  
        CleartkSequenceAnnotator.PARAM\_IS\_TRAINING,  
        true,  
        DirectoryDataWriterFactory.PARAM\_OUTPUT\_DIRECTORY,  
        options.modelDirectory,  
        DefaultSequenceDataWriterFactory.PARAM\_DATA\_WRITER\_CLASS\_NAME,  
        MalletCRFStringOutcomeDataWriter.class));

\*\* Für Classify-Pipeline

Beispiel:

    aggregate.add(AnalysisEngineFactory.createPrimitiveDescription(  
        NamedEntityChunker.class,  
        CleartkSequenceAnnotator.PARAM\_IS\_TRAINING,  
        false,  
        GenericJarClassifierFactory.PARAM\_CLASSIFIER\_JAR\_PATH,  
        new File(options.modelDirectory, "model.jar")));