**Reviewer 1:**   
Wang et al. provided a comprehensive and systematic review of RNA velocity methods applied to single-cell transcriptomic data. The manuscript presented a well-organized structure, offering a detailed summary, classification, and comparison of existing computational approaches, as well as valuable insights into their biological applications and future prospects. Overall, this review is of high academic value and practical relevance. However, there are several concerns that need to be addressed:  
  
1. Please thoroughly check the manuscript for consistency in the use of spaces and punctuation marks to ensure formatting uniformity throughout the text.  
  
2. In the 'Trajectory Methods' section, the introduction of veloVI should be moved to the beginning of the corresponding paragraph to maintain structural consistency. Additionally, the sentence 'This model encodes the unspliced and spliced abundances into a latent cell representation' contains an ambiguous use of the term 'model'. Please clarify whether it refers to veloVI or VEA.  
  
3. The suggestions for the future application of RNA velocity in the discussion should be more explicit and feasible.  
  
4. Some sentences are overly long and densely populated with technical terms. They should be appropriately revised to enhance readability.  
  
**Reviewer 2:**   
Comments to the Author  
1. The methods for RNA velocity are thoroughly explained in great detail.  
     
2. In the preprocessing stage of Figure 1, I mention that data can either be log2 normalized and library normalized or used as raw data. Could you clarify whether there is any difference in RNA velocity results when using processed data versus raw data?  
     
3. I noticed that in Table 3, almost all the applications are based on the scVelo algorithm. However, the abstract of the paper aims to provide model selection and practical recommendations. This appears inconsistent with the content, as it predominantly focuses on a single method.  
     
4. A significant portion of the manuscript is dedicated to discussing the principles and limitations of these algorithms. However, the section on model selection and practical recommendations is rather sparse. It would be helpful if this topic were given its own dedicated section, rather than simply recommending the use of scVelo without further elaboration. I suggest that more detailed guidance be provided for selecting the most suitable model for different scenarios.

**Gemini总结：  
审稿人 1 的意见**

1. **意见内容：** 请仔细检查稿件，确保全文中空格和标点符号的使用一致，以保证格式的统一性。
   * **处理难度：** 低。这是一项细致的校对工作。
   * **优先级：** 高。格式问题容易修正，且对文稿的专业性至关重要。
2. **意见内容：** 在“Trajectory Methods”部分，veloVI 的介绍应移至相应段落的开头，以保持结构一致性。此外，“This model encodes the unspliced and spliced abundances into a latent cell representation”一句中“model”一词的使用含糊不清，请澄清其指的是 veloVI 还是 VEA。
   * **处理难度：** 低至中。需要在指定章节中调整句子顺序并澄清术语。稿件中提到 veloVI 实现了一个 VAE 框架用于RNA速度估计，并将未剪接和已剪接的丰度编码到潜细胞表征中 。
   * **优先级：** 高。清晰度和结构一致性非常重要。
3. **意见内容：** 讨论部分关于 RNA velocity 未来应用的建议应更加明确和可行。
   * **处理难度：** 中。需要在讨论部分进行深思熟虑的补充，可能借鉴现有内容或增加新的、有充分依据的观点。稿件的讨论部分总结了近期的进展，并提出了增强RNA速度效用的实用指南 。
   * **优先级：** 中至高。这将增强论文的影响力和未来展望。
4. **意见内容：** 一些句子过长且充斥着技术术语，应适当修改以提高可读性。
   * **处理难度：** 中。需要在整个手稿中仔细编辑，简化复杂句子，同时不失其原意。
   * **优先级：** 高。可读性对于读者的参与和理解至关重要。

**审稿人 2 的意见**

1. **意见内容：** RNA velocity 的方法得到了详尽的解释。
   * **处理难度：** 无需处理。这是正面反馈。
   * **优先级：** 无。
2. **意见内容：** 在图1的预处理阶段，提到数据既可以进行log2归一化和文库归一化，也可以使用原始数据。您能否澄清一下使用处理过的数据与原始数据在RNA velocity结果上是否存在差异？
   * **处理难度：** 中。需要查阅稿件中讨论图1和数据预处理的相关部分，并可能需要添加清晰的解释或引用现有文献（如果稿件已涵盖此内容）。稿件中提到，一些分析框架采用复杂的平滑技术，而其他估计框架则直接使用原始计数矩阵 。此外，讨论部分也指出了传统数据预处理流程可能会显著干扰模型推断和下游动态可视化，并提到一些方法（如 Pyro-Velocity, cell2fate, TopicVelo）直接利用未经处理的离散原始计数进行动态推断 。
   * **优先级：** 高。这涉及到一个审稿人提出的具体技术问题。
3. **意见内容：** 注意到表3中几乎所有的应用都基于scVelo算法。然而，论文摘要旨在提供模型选择和实用建议。这似乎与内容不一致，因为它主要关注单一方法。
   * **处理难度：** 中至高。这可能需要重新评估表3以包含其他方法的应用，或者修改摘要以更准确地反映论文内容。稿件中确实提到“生物学家主要青睐成熟的、保守的方法，主要依赖scVelo” ，这可以作为解释的一部分。
   * **优先级：** 高。这关系到论文既定目标与其内容之间可能存在的不匹配。
4. **意见内容：** 稿件的很大一部分致力于讨论这些算法的原理和局限性。然而，关于模型选择和实用建议的部分却相当稀疏。如果能将这个主题作为一个专门的部分进行阐述，而不仅仅是推荐使用scVelo而不做进一步说明，那将会很有帮助。建议为不同场景选择最合适的模型提供更详细的指导。
   * **处理难度：** 高。这是一项重大的修改。需要创建一个更专门、更详细的部分，可能借鉴论文中已有的关于各种模型优缺点的讨论 。稿件的“讨论”部分中的“当前挑战与迈向更好的实践”以及“关键点”部分已经提供了一些关于模型选择和应用的指导 。可以考虑扩展这部分内容或整合创建一个新的专门章节。
   * **优先级：** 非常高。这是一个改进综述关键方面的重大建议。