```
y_dot_bar <- c(28,8,-3,7,-1,1,18,12)
sigma_j <- c(15,10,16,11,9,11,10,18)
J <- 8
mu <- 10
tau <- 2
iteration <- 5000
M < - diag(1,8)
epsilon <- 0.01
L <- 100
accept <- 0
alpha <- array(NA,dim=c(J,iteration))</pre>
phi <- array(NA,dim=c(J,iteration)) # alpha와 phi는 dimension이 동일
library(mvtnorm) # for mvnorm
gradient <- function(alpha){</pre>
  -(alpha - y_dot_bar)/sigma_j - (alpha - mu)/(tau^2)
}
alpha\_hat <- ((y\_dot\_bar/sigma\_j) + (mu/tau^2))/((1/sigma\_j) + (1+tau^2))
variance_j <- 1/((1/sigma_j)+(1+tau^2))
posterior <- function(alpha){</pre>
  dmvnorm(alpha,alpha_hat,diag(variance_j))
}
alpha[,1] <- 1
phi[,1] <- 1
```

```
# leapfrog_step
# 처음은 1번째에서 무조건시작
# 중간은 2번째와 3번째 에서 랜덤하게 L-2번 반복
# 마지막은 무조건 3번째
# 대각행렬이므로 역행렬과 기존행렬이 동일
for(i in 2:iteration){
  alpha[,i] <- alpha[,i-1]
  phi[,i] <- rmvnorm(1,rep(0,J),M)
  phi[,i] <- phi[,i] + 0.5*epsilon*gradient(alpha[,i-1])
  for(j in 1:L-2){
    if(runif(1) > 0.5){
      alpha[,i] <- alpha[,i] + epsilon*(M%*%phi[,i])
    }
    else{
      phi[,i] <- phi[,i] + 0.5*epsilon*gradient(alpha[,i])
   }
 }
  phi[,i] <- phi[,i] + 0.5*epsilon*gradient(alpha[,i])
  num <- posterior(alpha[,i])/posterior(phi[,i])</pre>
  den <- posterior(alpha[,i-1])/posterior(phi[,i-1])
  a <- min(num/den,1)
  if(runif(1,0,1) > a){
    alpha[,i] <- alpha[,i]
 }
  else{
    alpha[,i] <- alpha[,i-1]
    accept <- accept+1
 }
}
```

마지막 acceptance ratio 부분에서 에러가 자꾸 나서 확인해보니 50번째 이후부터 발산을 하게됩니다. 해결방법을 찾으려고 했으나, 찾지못하였습니다. 죄송합니다ㅠㅠ