

## 돈육 생산공정에서의 정량적 위해 평가에 fuzzy 연산의 적용

임명남 · 이승주\*

동국대학교 식품공학과

### Application of Fuzzy Math Simulation to Quantitative Risk Assessment in Pork Production

Myungnam Im and Seung Ju Lee\*

Department of Food Science and Technology, Dongguk University

**Abstract** The objective of this study was to evaluate the use of fuzzy math strategy to calculate variability and uncertainty in quantitative risk assessment. We compared the propagation of uncertainty using fuzzy math simulation with Monte Carlo simulation. The risk for *Listeria monocytogenes* contamination was estimated for carcass and processed pork by fuzzy math and Monte Carlo simulations, respectively. The data used in these simulations were taken from a recent report on pork production. In carcass, the mean values for the risk from fuzzy math and Monte Carlo simulations were  $-4.393 \log \text{CFU/cm}^2$  and  $-4.589 \log \text{CFU/cm}^2$ , respectively; in processed pork, they were  $-4.185 \log \text{CFU/cm}^2$  and  $-4.466 \log \text{CFU/cm}^2$ , respectively. The distribution of values obtained using the fuzzy math simulation included all of the results obtained using the Monte Carlo simulation. Consequently, fuzzy math simulation was found to be a good alternative to Monte Carlo simulation in quantitative risk assessment of pork production.

**Key words:** quantitative risk assessment, fuzzy math simulation, Monte Carlo simulation, pork production

## 서 론

식품으로 인한 식중독 발생률이 2002년을 제외하고 급격하게 증가되어 왔다. 우리나라에서는 *S. aureus*, *L. monocytogenes*, *Y. enterocolitica* 등이 돈육제품 및 생산공정 과정에서 검출되었다(1-5). 식중독 관리에는 위해한 물질이나 상황에 노출되어 받는 위험의 정도 또는 가능성을 정량적으로 평가하는 QRA(quantitative risk assessment)가 유용하게 활용되고 있다. QRA의 노출 평가를 수행하기 위해서 Monte Carlo simulation이 돈육 및 계육 등에 다수 적용되어 왔다(6,7). 최근에는 인공지능 분야에서 널리 사용되는 fuzzy 추론이 일부 계육 등의 연구에 적용되어 새로운 방법으로 도입되었다(8).

국내에서는 Kang 등(1)이 시판 중인 식육 및 계육의 식중독균에 대한 오염도 평가를 실시하였으며, Hong과 An(2)에 의해 돈육 가공 작업 환경에서 *L. monocytogenes*가 분리된 바 있다. 그런데 미생물 위해는 다양한 환경적 조건들(온도, pH, 수분활성도 등) 때문에 증식과 사멸 가능성에 대하여 매우 동적인 특성을 가진다(9). 따라서 실험적 데이터 또는 모델 매개변수의 불확실성(uncertainty)과 변이성(variability)을 정의하기 위해서 확률적 접근 방법인 Monte Carlo simulation이 적용되었다(10,11). 이 기법은

Rho 등(6)에 의해 돈육 생산공정에서 *L. monocytogenes*와 *Y. enterocolitica*의 오염 수준을 예측하는데 사용되었다. 그러나 위해 평가(risk assessment)의 초기 단계에서 데이터가 불충분한 경우 모델 매개변수의 확률적 분포가 부정확할 수 있는데, 그에 따라 시뮬레이션(simulation) 결과의 신뢰성에 의문이 생길 수 있다. 따라서 전문가의 판단에 의존하여 불확실성과 변이성을 추정하게 되므로 이를 보완할 수 있는 새로운 도구의 개발이 필요한 실정이다(8).

Quelch와 Cameron(12)은 계육 가공의 QRA에 불확실성을 다루는 수학 기법인 fuzzy 연산법(fuzzy mathematics)을 적용하였다. Fuzzy의 핵심은 어떤 대상을 반드시 하나의 값으로 나타내어 처리하는 기존 방식의 제약성을 탈피하여, 여러 값들로 구성된 일종의 집합형식으로 대략적인 표현이 가능한 점이다(13,14). Fuzzy 연산법은 불확실성과 다양성을 포함하는 데이터를 다루는 인공지능 기법으로 여러 분야에 활발히 적용되어 왔다(14,15). 또한 식품의 관능검사에서도 관능적 기호도의 애매모호함을 fuzzy값으로 나타내고 종합하여 전체 기호도를 추론하는데 fuzzy 연산법이 적용된 바 있다(14). 이처럼 하나의 값으로 표현하기에는 매우 그 성질이 포괄적이고 애매모호한 특성을 갖는 경우에 매우 효과적인 방법으로 보고되어 왔다(16).

본 연구에서는 fuzzy 연산법을 QRA의 돈육 가공에 적용하여 기존의 방법인 Monte Carlo simulation과 비교 분석하였다. 연산을 위하여 Rho 등(6)이 보고한 돈육 생산 공정에서의 *L. monocytogenes*의 오염 데이터를 사용하였으며, 대상 범위는 carcass와 processing의 공정으로 제한하여 최종 가공된 돈육의 오염률을 각각의 방법으로 연산하였다. 연산의 결과를 데이터의 분포도 및 기술통계량의 관점에서 비교하였다.

\*Corresponding author: Seung Ju Lee, Department of Food Science and Technology, Dongguk University, 3-26 Pil-Dong, Choong-Gu, Seoul 100-715, Korea  
Tel: 82-2-2260-3372  
Fax: 82-2-2260-3372  
E-mail: Lseungju@dongguk.edu  
Received January 17, 2006; accepted May 29, 2006

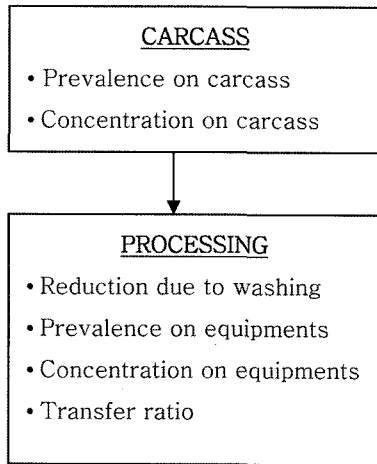


Fig. 1. Flow diagram of the risk assessment for *L. monocytogenes* in pork production.

재료 및 방법

돈육의 생산 공정 단계

본 연구에서는 이분도체로부터 부분 육 생산까지의 단계중 외부 오염에 직접 노출되는 carcass와 processing 단계만을 고려하여 QRA를 적용하였다(Fig. 1). 즉, 저장 단계는 생략하였으며 carcass에서 *L. monocytogenes*의 발현 빈도와 농도, processing에서 세척 시 균 농도의 희석, 기구에서의 균의 발현 빈도와 농도, 타 기구로부터의 교차 오염률을 분석하였다(Table 1).

Fuzzy 연산

Fuzzy 값은 구간을 갖는 집합 요소로 구성된다. 소속도는 구간에서 모든 집합 요소에 대하여 최소값 '0'과 최대값 '1' 사이의 가중치(weightings)로 정의된다(14). 일반적으로 사용되는 삼각형 fuzzy 값은 삼각형 소속도(triangular membership) 함수를 포함하는데, 다음과 같은 구간의 집합 요소로 구성된다.

$$X \rightarrow \langle x_1, x_2, x_3 \rangle \tag{1}$$

여기서  $x$ 는 fuzzy 값의 집합 요소,  $x_1$ 은 최소값,  $x_2$ 는 최빈값,  $x_3$ 는 최대값을 의미한다. 이 때 최소값과 최대값의 소속도는 '0'이며, 최빈값은 '1'을 갖는다(Fig. 2). 비록 삼각형 fuzzy 값과 통계에서 삼각형 확률분포 사이에는 유사한 점이 있지만, 그 대상이 각각 소속도와 확률이라는 점에서 차이점이 있다. 삼각형 fuzzy 값의 집합요소와 그에 대한 소속도를 효과적으로 나타내기 위하여 Fig. 2에서의 같이  $\alpha$ -cut를 소속도로 간주하여 그 소속도와 그에 상응하는 한 쌍의 집합요소로 fuzzy 값을 나타낼 수 있다.  $\alpha$ -cut에 대한 한 쌍의 집합 요소는 식(2)의 대괄호의 값으로 표현된다(8).

$$\begin{aligned}
 A &\rightarrow \langle a, b, c \rangle \\
 &\rightarrow \{ (b - a) \alpha + a, - (c - b) \alpha + c \} \forall \alpha \in [0, 1] \\
 B &\rightarrow \langle a_2, b_2, c_2 \rangle \\
 &\rightarrow \{ (b_2 - a_2) \alpha + a_2, - (c_2 - b_2) \alpha + c_2 \} \forall \alpha \in [0, 1]
 \end{aligned} \tag{2}$$

이러한 표현은  $\alpha$ -interval을 사용하여 fuzzy 연산을 편리하게 한다. 두 개 fuzzy 값의 합산은 각 구간 값에 대한 모든 조합을 합산하여 삼각형 소속도(triangular membership) 함수와 각  $\alpha$ -cut에 대한 한 쌍의 집합 요소를 식(3)과 같이 계산할 수 있다.

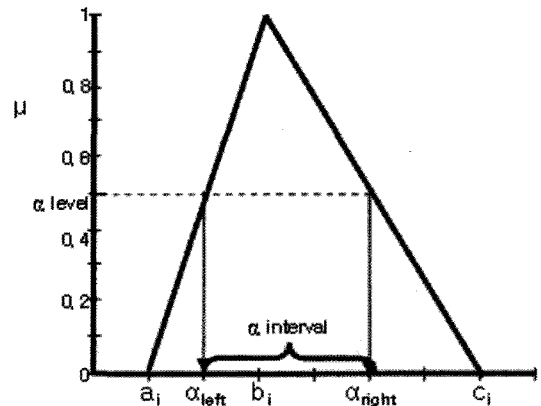


Fig. 2. General form of triangular fuzzy set and an alpha interval.

$$\begin{aligned}
 C &= A + B \\
 &\rightarrow \langle a_1 + a_2, b_1 + b_2, c_1 + c_2 \rangle \\
 &\rightarrow \{ [(b_1 + b_2) - (a_1 + a_2)] \alpha + (a_1 + a_2), [(b_1 + b_2) - (c_1 + c_2)] \alpha + (c_1 + c_2) \}
 \end{aligned} \tag{3}$$

곱셈의 경우에도 합산과 같이 각 구간 값에 대한 모든 조합하여 곱셈 fuzzy 값을 구할 수 있으나 그 계산과정이 매우 복잡하여 Giachetti와 Young(17)이 제시한 표준적 근사법(standard approximation)에 의한 식(4)를 정의하였다.

$$\begin{aligned}
 C &= A \times B \\
 &\rightarrow \langle a_1 a_2, b_1 b_2, c_1 c_2 \rangle \\
 &\rightarrow \{ (b_1 b_2 - a_1 a_2) \alpha + a_1 a_2, (b_1 b_2 - c_1 c_2) \alpha + c_1 c_2 \}
 \end{aligned} \tag{4}$$

Fuzzy 값의 소속도를  $\alpha$ -cut으로 나누어 0, 0.2, 0.4, 0.6, 0.8, 1의 총 6구간에 대한 집합 요소 값을 계산하여 완성하였다.

전체적인 fuzzy 연산은 Rho 등(6)이 보고한 돈육생산공정에서의 *L. monocytogenes* 데이터의 함수를 사용하여 수행하였다. 먼저, carcass에서 발현 빈도의 beta 함수와 농도의 uniform 함수, processing에서 기구에서 균의 발현 빈도의 beta 함수, 타 기구로부터의 교차 오염률의 uniform 함수를 각각 Monte Carlo simulation을 수행하여 삼각형 함수로 변환시켜 fuzzy 값의 삼각형 소속도 함수로 사용하였다. Processing에서 세척 시 균 농도의 희석과 균 농도, 기구에서의 균의 농도의 경우에는 삼각형 함수를 변환 없이 그대로 사용하였다(Table 1). 마지막 단계로서 연산된 fuzzy 값의 각  $\alpha$ -cut에 대한 모든 집합 요소를 취하여 기술통계량인 최소값, 최대값, 표준편차, 왜도(skewness), 첨도(kurtosis), 중앙값을 산출하였다(Table 3). Microsoft Excel을 사용하여 모든 계산을 수행하였다.

Monte Carlo simulation

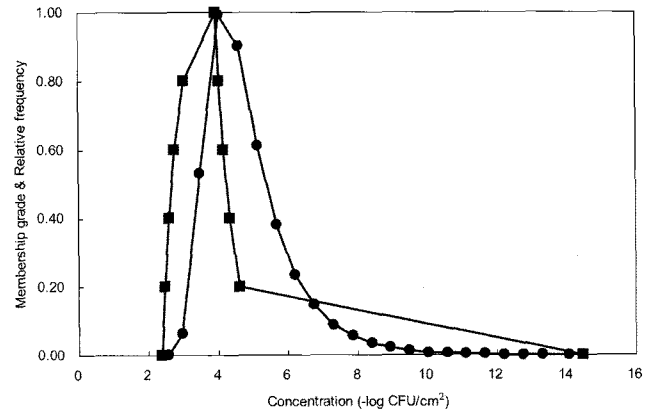
Rho 등(6)이 보고한 돈육생산공정에서의 *L. monocytogenes* 데이터의 함수를 이용하여 Monte Carlo simulation을 실시하였다. Microsoft Excel을 포함한 Palisade's @RISK software Ver. 4 프로그램(Palisade Corp., Newfield, NY, USA)을 사용하였으며 simulation 수행은 Latin-Hypercube sampling을 사용하여 10,000번 반복하였다(18). 실행 결과는 fuzzy 값과 비교를 위하여 확률 밀도(probability density) 대신에 상대적 빈도수(relative frequency)로 표현한 후 각각의 빈도수를 최대 빈도수로 나누어 1과 0사이의 값으로 변환하였다. 또한 최종 확률분포에 대하여 기술통계량을 산출하였다.

**Table 1. Simulation model to estimate the distribution of *L. monocytogenes* in pork production**

A. Carcass			
Variables	Description	Unit	Calculation
$P_c$	Prevalence of <i>L. monocytogenes</i> on carcass	-	RiskTriang (1.17E-12, 0.03, 0.41)
$C_c$	Concentration of <i>L. monocytogenes</i> on contaminated carcass	CFU/cm <sup>2</sup>	RiskTriang (0.0030, 0.0036, 0.0099)
$L_c$	Log contaminated level of <i>L. monocytogenes</i> on carcass	log CFU/cm <sup>2</sup>	$\log(P_c \times C_c)$
B. Processing			
Variables	Description	Unit	Calculation
$R_{wash}$	Log reduction in counts due to washing	log CFU/cm <sup>2</sup>	RiskTriang (0.5, 0.54, 2)
$P_{eq}$	Prevalence of <i>L. monocytogenes</i> on equipments	-	RiskTriang ( $6.62 \times 10^{-12}$ , 0.07, 0.94)
$C_{eq}$	Concentration of <i>L. monocytogenes</i> on contaminated equipments	CFU/cm <sup>2</sup>	RiskTriang (0, 0.01, 0.01)
$R_{eq}$	Transfer ratio of <i>L. monocytogenes</i> by contaminated equipments	-	RiskTriang (0.17, 0.23, 0.87)
$L_{cm}$	Log contaminated level of <i>L. monocytogenes</i> on cut meat	log CFU/cm <sup>2</sup>	Log ( $10^{L_c - R_{wash} + P_{eq} \times C_{eq} \times R_{eq}}$ )

**Table 2. Alpha cuts for fuzzy set of contaminated level of *L. monocytogenes* from fuzzy math simulation for processing step in pork production**

$\alpha$ level	$\alpha$ interval (log CFU/cm <sup>2</sup> )	
	Left	Right
0	-14.46	-2.38
0.2	-4.63	-2.47
0.4	-4.33	-2.60
0.6	-4.15	-2.76
0.8	-4.03	-3.04
1	-3.93	-3.93



**Fig. 3. Simulated distribution for the contaminated level of *L. monocytogenes* on carcass. ■: fuzzy math simulation, ●: Monte Carlo simulation.**

### 결과 및 고찰

#### Fuzzy 연산과 Monte Carlo simulation

Fig. 3은 carcass 단계를 거친 돈육의 *L. monocytogenes* 균 농도를 산출한 결과이며, Fig. 4는 carcass와 processing 단계를 모두 포함한 경우이다. Fuzzy 집합은 Monte Carlo simulation 확률분포보다 더 넓게 퍼져있으며, fuzzy 집합에서 최대 소속도를 갖는 균 농도와 Monte Carlo simulation 확률분포에서 최대 확률의 균 농도는 매우 근접함을 보였다. 이러한 분포의 차이는 fuzzy 연산법과 Monte Carlo simulation의 계산 알고리즘 차이로부터 설명될 수 있다(11). Monte Carlo simulation의 예로서 두 개의 확률분포를 덧셈할 경우, 각 확률분포의 개체 값들끼리 조합하여 더하는 과정에서 확률밀도가 높은 개체 값들의 조합은 선택되지만 확률밀도가 상대적으로 낮은 개체 값들의 조합은 배제되는 확률선별법(probability sampling design)의 방식에 근거한다(8). 따라서 최소 및 최대 영역의 개체 값들은 연산으로부터 생략되는 단점이 있다. 반면에 fuzzy 연산에서는 fuzzy 집합들의 집합요소(확률분포에서 개체 값에 해당)의 모든 조합에 대하여 계산이 이루어지므로 연산 결과로서 얻어지는 fuzzy 집합의 집합요소는 계산에 입력된 fuzzy 집합들의 집합요소가 연산된 범위를 모두 포함하게 된다. 이때 소속도(확률분포 값에서 확률밀도에 해당)는 입력된

fuzzy 집합요소의 모든 조합에 대하여(19,20) 연산되므로 출력된 fuzzy 집합의 소속도는 일반적으로 Fig. 3, 4와 같이 선형 분포를 이루며 Monte Carlo simulation의 확률밀도와 비교할 때 상대적으로 큰 값을 보인다.

공정 단계별 계산된 균농도 데이터 분포를 보면 processing 단계가 carcass 단계보다 더 퍼지는 것으로 나타났다(Fig. 3, 4). 이는 Rho 등(6)의 보고에서 나타난 공정의 수가 많아짐으로써 Monte Carlo simulation 결과의 확률분포가 더 퍼진 현상과, Quelch와 Cameron(12)이 보고한 복잡한 가공과정으로 인하여 공정의 수가 많아짐으로써 fuzzy 집합요소의 분포가 퍼진다는 사실과 일치하였다. 이러한 연산 결과는 carcass에서 processing 단계로 전환되면서 공정의 개수가 4개로 증가하여 계산 단계의 증가에 따른 입력 값들의 조합의 수가 증가하여 결과값들은 자연적으로 fuzzy 집합의 집합요소나 확률분포의 개체수의 범위가 넓어지기 때문이다. 또한 fuzzy 연산법과 Monte Carlo simulation 결과의 차이는 평가 초기 단계인 carcass에서는 작았으나, 공정이 많아진 processing으로 갈수록 증가하였다. Fuzzy 연산의 경우에는 연

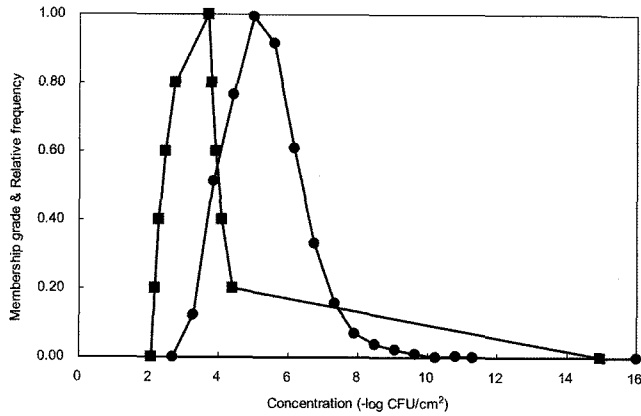


Fig. 4. Simulated distribution for the contaminated level of *L. monocytogenes* on processing. ■: fuzzy math simulation, ●: Monte Carlo simulation.

산의 가능한 조합이 모두 반영되는 반면에 Monte Carlo simulation에서는 확률적으로 의미 있는 조합의 경우만 선별하여 연산하기 때문에 Fig. 4는 carcass 단계만을 거친 결과인 Fig. 3에 비하여 결과 fuzzy 집합의 경우에는 그 퍼짐성이 증가하였으나 확률분포의 퍼짐성은 거의 차이가 없게 나타났다.

통계적 비교분석

Fuzzy 집합과 Monte Carlo simulation의 확률분포의 기술통계량을 분석하였다. 데이터의 대표적 수치인 평균값, 최소값, 최대값, 표준편차, 왜도(skewness), 첨도(kurtosis), 중앙값은 Table 3과 같다. Fuzzy 연산에 의한 이분 도체의 균농도의 평균값은 carcass와 processing 각각 -4.393 log CFU/cm<sup>2</sup>, -4.185 log CFU/cm<sup>2</sup>로 산출되었다. 한편 Monte Carlo simulation에 의한 평균값은 carcass와 processing은 각각 -4.589 log CFU/cm<sup>2</sup>, -4.466 log CFU/cm<sup>2</sup>로 나타났다. 즉, fuzzy 연산의 균농도가 Monte Carlo simulation 보다 더 높았으며 그 차이는 carcass 단계에서 0.196

Table 3. Comparison of descriptive statistics for fuzzy math and Monte Carlo simulation

Statistical descriptors	Fuzzy math simulation		Monte Carlo simulation	
	Carcass	Processing	Carcass	Processing
Minimum	-14.456	-14.956	-13.72	-11.69
Maximum	-2.383	-2.078	-2.55	-2.17
Mean	-4.393	-4.185	-4.59	-4.46
Std Dev	3.267	3.490	1.20	1.09
Variance	10.671	12.178	1.44	1.20
Skewness	-3.101	-3.124	-1.62	-0.75
Kurtosis	10.228	10.334	7.23	4.13
Median	-3.932	-3.685	-4.32	-4.37
Mode	-	-	-5.08	-5.92
Left X	-	-	-6.90	-6.43
Left P	-	-	0.05	0.05
Right X	-	-	-3.22	-2.89
Right P	-	-	0.95	0.95
Diff X	-	-	3.68	3.54
Diff P	-	-	0.90	0.90
#Errors	-	-	0.00	0.00

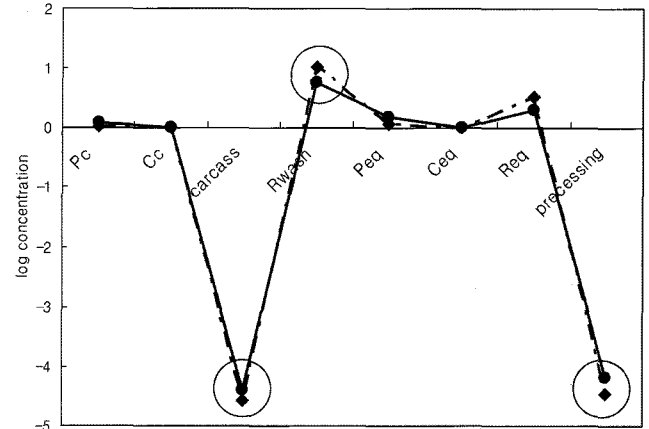


Fig. 5. Comparison of mean values changes for fuzzy math simulation and Monte Carlo simulation. ●: fuzzy math simulation, ◆: Monte Carlo simulation.

log CFU/cm<sup>2</sup>, processing 단계에서 0.281 log CFU/cm<sup>2</sup>로 공정의 수가 많아질수록 증가하였다. 이는 앞서 설명된 연산결과와 퍼짐성과 관련하여 해석될 수 있다. 즉, fuzzy 집합의 왜도가 더 큰 음의 값을 보여 퍼짐성이 오른쪽으로 크게 치우친 반면, Monte Carlo simulation 확률분포는 더 작게 치우쳐서 결과적으로 fuzzy 집합의 평균값이 Monte Carlo simulation 보다 더 크게 된다. 또한 공정의 수가 증가함에 따라 각 연산 방법 간 평균값의 차이가 증가하는 이유는 fuzzy 연산에서는 최대값과 최소값의 차이 및 표준편차가 더 크게 나타나서 퍼짐성이 증가하였지만 Monte Carlo simulation에서는 퍼짐성이 거의 변화하지 않은 사실로부터 유추될 수 있다. 한편 Davidson과 Ryks(8)에 의하면 Monte Carlo simulation 확률분포는 공정의 수가 증가할지라도 반복계산(iteration) 수가 증가하면 확률밀도가 중앙값 주변에 포진하는 경향이 있다고 보고한 바 있다. Monte Carlo simulation 확률분포의 첨도는 더 작게 나타나서 Fig. 3, 4에서 분포의 최대 지점이 더 곡선에 가까운 모양을 잘 반영하였다. 즉 결론적으로 Fig. 5에서 보듯이, 각 공정과 연산값을 함께 도식한 결과 매우 유사한 경향을 확인할 수 있다.

요 약

돈육 가공 공정에 대한 QRA에 Monte Carlo simulation이 적용된 바 있는데, 새로운 방법으로 fuzzy 연산을 적용하여 Monte Carlo simulation과 비교 분석하였다. Carcass 단계에 대한 오염 예측치인 fuzzy 값과 Monte Carlo simulation 확률분포 값의 기술통계량인 평균값은 각각 -4.393 log CFU/cm<sup>2</sup>, -4.589 log CFU/cm<sup>2</sup>로 나타났으며, processing 단계에서는 -4.185 log CFU/cm<sup>2</sup>, -4.466 log CFU/cm<sup>2</sup>으로 두 가지 접근 방법들이 비슷한 경향을 보였다. Fuzzy 값은 Monte Carlo simulation 확률분포 값을 포함하는 것으로 나타났다. 한편 최근 국내에서는 위해 평가에 대한 연구가 많이 이루어지고 있는데 대부분 데이터 분석은 Monte Carlo simulation에만 의존하고 있고, 다른 접근 방법에 대한 연구는 미진한 실정이다. 따라서 본 연구는 위해 평가를 위한 방법적 도구들을 개발하는데 새로운 접근 방향을 제시하였다. 또한 향후 fuzzy 연산법은 데이터가 불충분한 위해 평가의 초기 단계에서 유용하게 사용될 수 있는 방법이 될 것이다.

문 헌

1. Kang HJ, Kim YH, Son GW. Contamination level of retail meat and chickens by quantitative test of food poisoning bacteria. *J. Food Hyg. Safety* 15: 204-208 (2000)
2. Hong CH, An SC. Isolation and stereotyping of *Listeria monocytogenes* in pork fabrication processing environment. *J. Food Hyg. Safety* 13: 425-429 (1998)
3. Rho MJ, Chung MS, Lee JH, Park J. Monitoring of microbial hazards at farms, slaughterhouses, and processing lines of swine in Korea. *J. Food Protect.* 64: 1388-1391 (2001)
4. Gill CO, Greer GG, Dilts BD. The aerobic growth of *Aeromonas hydrophila* and *Listeria monocytogenes* in broths and on pork. *Int. J. Food Microbiol.* 35: 67-74 (1997)
5. Chung MS, Lee SW, Park GY, Lee HH, Lee CS, Lee JH. Analysis of microbiological hazards at pork processing plants in Korea. *Korean J. Food Sci. Anim. Resour.* 19: 36-40 (1999)
6. Rho MJ, Chung MS, Park JY. Predicting the contamination of *Listeria monocytogenes* and *Yersinia enterocolitica* in pork production using Monte Carlo simulation. *Korean J. Food Sci. Technol.* 35: 928-936 (2003)
7. Hoornstra E, Notermans S. Quantitative microbiological risk assessment. *Int. J. Food Microbiol.* 66: 21-29 (2001)
8. Davidson VJ, Ryks J. Comparison of Monte Carlo and Fuzzy math simulation methods for quantitative microbial risk assessment. *J. Food Protect.* 10: 1900-1910 (2003)
9. George SM, Richardson LCC, Peck MW. Predictive models of the effect of temperature, pH and acetic and lactic acids on the growth of *Listeria monocytogenes*. *Int. J. Food Microbiol.* 32: 73-90 (1996)
10. Nauta MJ. Separation of uncertainty and variability in quantitative microbial risk assessment. *Int. J. Food Microbiol.* 57: 9-18 (2000)
11. Poschet F, Geeraerd AH, Scheerlinck N, Nicolai BM, Van Impe JF. Monte Carlo analysis as a tool to incorporate variation on experimental data in predictive microbiology. *Int. J. Food Microbiol.* 20: 285-295 (2003)
12. Quelch J, Cameron IT. Uncertainty representation and propagation in quantified risk assessment using fuzzy sets. *J. Loss Prev. Process Ind.* 7: 463-473 (1994)
13. Zhang Q, Lichfield JB. Applying fuzzy mathematics to product development and comparison. *Food Technol.* 45: 108-112 (1991)
14. Lee SJ. Introduction about fuzzy theory. *Food Sci. Ind.* 33: 20-26 (2000)
15. Zimmermann HJ. *Fuzzy Set Theory and its Applications.* Kluwer Academic Publishers, MA, USA (1991)
16. Chen SJ, Hwang CL. *Fuzzy Multiple Attribute Decision Making- Methods and Application.* Springer, Berlin, Germany (1992)
17. Giachetti RE, Young RE. Analysis of the error in the standard approximation of triangular and trapezoidal fuzzy numbers and the development of a new algorithm. *Fuzzy Sets Sys.* 91: 1-13 (1997)
18. Palisade. Guide to using @RISK: risk analysis and simulation add-in for Microsoft Excel, Vers. 4. Palisade Corp., Newfield, NY, USA (2000)
19. Klir GJ, Folger TA. *Fuzzy Set, Uncertainty and Information.* Prentice-Hall International, Inc., London, UK (1988)
20. Zadeh LA. Outline of a new approach to the analysis of complex systems and decision processes. *IEEE Trans. SMC.* 3: 28-44 (1973)