

Метод масс-спектрометрии – метод качественного и количественного анализа лекарственных средств, основанный на прямом измерении отношений массы к числу элементарных положительных или отрицательных зарядов ионов ( $m/z$ ) в газовой фазе, полученных из испытуемого вещества. Заряд может быть обусловлен присоединением или потерей электрона, протона, катиона или аниона в зависимости от условий ионизации и состава образца. Данное отношение выражается в атомных единицах массы (а.е.м.) или в дальтонах (Да). Ионы, образовавшиеся в ионном источнике прибора, ускоряются и перед попаданием в *детектор* разделяются с помощью масс-анализатора. Эти процессы происходят в камере, в которой насосная система поддерживает вакуум от  $10^{-3}$  до  $10^{-6}$  Па. Сигнал, отвечающий иону, представлен несколькими пиками, соответствующими статистическому распределению различных изотопов этого иона. Такой сигнал называется *изотопным профилем* (для небольших молекул), а отдельный пик, представляющий наиболее распространенный изотоп для атома, – *моноизотопным пиком*. Результирующий масс-спектр является графиком зависимости количества различных ионов от отношения  $m/z$ . При анализе сложных молекул возникает необходимость в двух и более последовательных масс-анализаторах для расшифровки молекулярной