

Caminhos Evolucionários Possíveis

Por Leandro Zatesko, UFFS  Brazil

Timelimit: 1

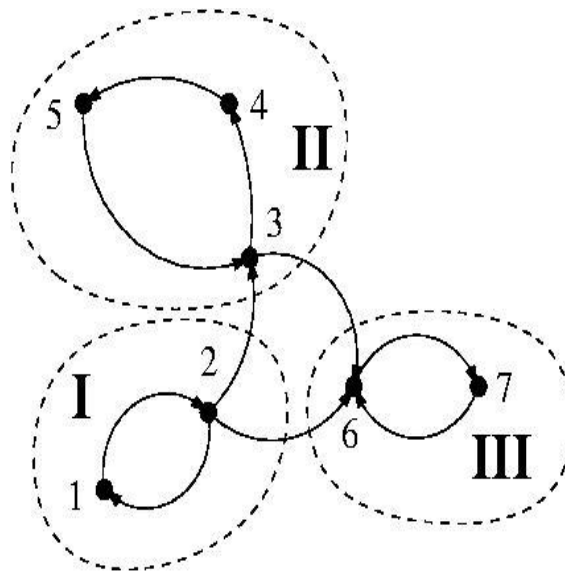


— Já que a senhora é bióloga, poderia nos definir o conceito de ‘espécie’?

— Senhora, senhora, volta aqui!

Laura é uma bióloga muito interessada em Computação. Recentemente ela escreveu um programa que, dados os códigos genéticos de dois indivíduos **A** e **B**, decide se **A** é um *possível pai genético* de **B**, o que significa que não há nada nos códigos genéticos de ambos os indivíduos que nos permita afirmar com certeza que **B** não foi gerado por **A**. Note que, se **A** é um possível pai genético de **B**, isso não significa que **B** seja da mesma *espécie* que **A**, pois pode ter ocorrido uma mutação durante a geração de **B**. Naturalmente, dizemos que um indivíduo **A** é um *possível ancestral genético* de um indivíduo **B** se existe uma sequência de **k** indivíduos I_1, I_1, \dots, I_k tais que $I_1 = \mathbf{A}$, $I_k = \mathbf{B}$ e, para todo $j \in \{1, \dots, k - 1\}$, I_j é um possível pai genético de I_{j+1} .

Laura está estudando os fósseis encontrados mês passado em Chapecó para determinar, através dos códigos genéticos extraídos, as espécies que habitavam a região. Mas o conceito de ‘espécie’ é muito polêmico. Laura, que não quer viver situações como a da senhora da imagem acima, preferiu adotar a seguinte definição: dois indivíduos **A** e **B** pertencem à mesma espécie se e somente se **A** é um possível ancestral genético de **B** e **B** é um possível ancestral genético de **A**. O diagrama abaixo ilustra uma situação com 7 indivíduos fossilizados, em que um arco de um indivíduo **A** para um indivíduo **B** representa que **A** é um possível pai genético de **B**. No exemplo, podemos identificar 3 espécies: I, II e III.



Dados as informações fornecidas pelo programa de Laura, ajude-a a calcular o número de *caminhos evolucionários possíveis* da espécie de um indivíduo **S** para a espécie de um indivíduo **T**. Um *caminho evolucionário possível* de uma espécie **E**₁ para uma espécie **E**_k é uma sequência de **k** espécies **E**₁, **E**₂, ..., **E**_k tal que, para todo **j** ∈ {1, ..., **k** - 1}, existe algum indivíduo **B** da espécie **I**_{j+1} que tem um possível pai genético da espécie **I**_j.

Entrada

A primeira linha da entrada consiste de 4 inteiros, **N**, **M**, **S** e **T** ($1 \leq N \leq 10^5$, $0 \leq M \leq 10^6$, $1 \leq S, T \leq N$), sendo **N** o número de indivíduos fossilizados, designados pelos inteiros de 1 a **N**, cujos códigos genéticos foram obtidos por Laura. Cada uma das próximas **M** linhas consiste de 2 inteiros, **A** e **B** ($1 \leq A, B \leq N$), representando que o programa de Laura considera o indivíduo **A** um possível pai genético de **B**.

Saída

Seu programa deve imprimir uma linha contendo um único número inteiro, o qual representa o número de *caminhos evolucionários possíveis* da espécie à qual pertence o indivíduo **S** para a espécie à qual pertence o indivíduo **T**. Como esse número pode ser muito grande, seu programa deve apenas imprimir o resto que esse número deixa quando dividido por $10^9 + 7$.

Exemplos de Entrada	Exemplos de Saída
7 10 1 7 1 2 2 1 2 3 3 4 4 5 5 3 3 6 2 6 6 7 7 6	2
7 10 7 4 1 2 2 1	0

2 3	
3 4	
4 5	
5 3	
3 6	
2 6	
6 7	
7 6	

7 10 1 7	1
1 2	
2 1	
3 2	
3 4	
4 5	
5 3	
3 6	
2 6	
6 7	
7 6	

5 8 1 5	5
1 2	
1 3	
1 4	
2 3	
2 4	
2 5	
3 5	
4 5	