

1. 读取 `breast-cancer-wisconsin.csv` 文件
2. 输出前五行查看数据内容
3. 将数据中的缺失值删除（提示：将 `?` 替换为 `nan`，去掉 `nan` 所在的行）
4. 划分数据集为训练集和测试集（其中第 1 个列为 `id` 号，第 2-10 列为特征，11 列为标签（2 为良性、4 为恶性））
5. 对数据进行标准化处理
6. 使用逻辑回归进行预测
7. 输出训练集和测试集的错误率