

1. 读取 `breast-cancer-wisconsin.csv` 文件
2. 输出前五行查看数据内容
3. 将数据中的缺失值用该列特征的中位数填充（提示：将？替换为 `nan`，将 `nan` 修改为该列特征的中位数）
4. 划分数数据集为训练集和测试集（其中第 1 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. 使用三种朴素贝叶斯算法对训练集进行拟合，分别输出测试集的 `accuracy_score`
6. 分别输出三种朴素贝叶斯算法的十折交叉验证的平均准确度